



INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL

UNIDAD PROFESIONAL INTERDISCIPLINARIA
EN INGENIERÍA Y TECNOLOGÍAS AVANZADAS

ANÁLISIS TOPOLOGICO DE DATOS APLICADO AL
ESTUDIO DE SINCRONIZACIÓN EN SISTEMAS COMPLEJOS

T E S I S

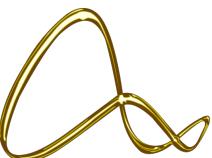
QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE
DOCTOR EN TECNOLOGÍA AVANZADA

PRESENTA

ÁLVARO JOSÉ ZABAleta ORTEGA

ASESORADO POR

DR. LEV GUZMÁN VARGAS
DRA. CRISTINA MASOLLER


upiita-ipn

Ciudad de México, México
Mayo 20 de 2025

Contenido

Resumen	V
1 INTRODUCCIÓN, MOTIVACIÓN Y OBJETIVOS	6
1.1 Introducción	6
1.2 Motivación	12
1.3 Objetivos	13
2 ANÁLISIS TOPOLOGICO DE DATOS	14
2.1 Topología	14
2.1.1 Homeomorfismo, Isotopía, Homotopía y Homología	16
2.1.2 Espacio Métrico	17
2.2 Homología Persistente	18
2.2.1 Complejo Simplicial	18
2.2.2 Grupos de Homología	21
2.2.3 Persistencia	22
2.2.4 Diagrama de Persistencia	24
2.2.5 Entropía de Persistencia	25
2.3 Antecedentes: Aplicaciones del Análisis Topológico de Datos	26
3 SINCRONIZACIÓN	28
3.1 Contexto Histórico	28
3.2 Sincronización en Redes Complejas	29
3.3 El Modelo de Kuramoto	31
3.4 Cuantificación de Sincronización	32
3.4.1 Parámetro de Orden	32
3.4.2 Phase Locking Value	34
3.4.3 Entropía de Persistencia Normalizada	35
4 METODOLOGÍA	36
4.1 Estrategia de Análisis	36
4.1.1 De Series de Tiempo a Nube de Puntos	36
4.1.2 Análisis a Pares (Bidimensional)	39
4.1.2.1 Nube de Puntos Bidimensional	40
4.1.3 Análisis a Triadas (Tridimensional)	41
4.1.3.1 Nube de Puntos Tridimensional	41
4.1.3.2 Resolución de Filtración	42

CONTENIDO	III
4.2 Datos	43
4.2.1 Datos Generados con el Modelo de Kuramoto	43
4.2.2 Datos Experimentales de Circuitos Electrónicos Caóticos	46
5 RESULTADOS	50
5.1 Análisis a Pares (Bidimensional)	50
5.1.1 Según la Cantidad de Interacciones	50
5.1.2 Según la Distancia de Interacción	53
5.1.3 Comparativa entre la <i>NPE</i> y el “ <i>Phase Locking Value</i> ”	54
5.1.4 Comparativa entre la <i>NPE</i> y <i>R</i>	55
5.2 Análisis a Triadas (Tridimensional)	56
5.2.1 Transición entre Estados de Sincronización	57
5.2.1.1 <i>NPE</i> vs Parámetro de Acoplamiento	58
5.2.1.2 <i>NPE</i> vs Parámetro de Filtración	60
5.2.2 Efecto de la Conectividad de la Red	61
5.2.3 Distinguiendo Triángulos de Tripletas	62
6 CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS	65
7 REFERENCIAS	67
8 PUBLICACIONES Y PRESENTACIONES EVENTOS ACADÉMICOS	77

Lista de Figuras

1.1	Ilustración de red compleja.	8
2.1	Ilustración de simplejos o invariantes topológicos.	19
2.2	Ilustración de complejo simplicial abstracto.	20
2.3	Filtración de una nube de puntos.	23
2.4	Diagrama de persistencia.	24
3.1	Ilustración de una red de osciladores tipo Kuramoto.	32
3.2	Ilustración de sincronización en osciladores de Kuramoto.	33
4.1	Ilustración de análisis a pares.	40
4.2	Ilustración de análisis a triadas.	41
4.3	Representación gráfica de las redes simuladas.	45
4.4	Evolución temporal de las redes simuladas.	45
4.5	Nube de puntos de las series de tiempo simuladas.	46
4.6	Representación gráfica de la red experimental.	47
4.7	Evolución temporal de la red experimental.	48
4.8	Nube de puntos de las series de tiempo experimentales.	48
5.1	<i>NPE</i> vs acoplamiento respecto de la cantidad de interacciones.	51
5.2	<i>NPE</i> vs cociente del grado de los osciladores.	53
5.3	<i>NPE</i> vs acoplamiento respecto de la distancia de interacción (experimental).	54
5.4	<i>PLV</i> vs acoplamiento respecto de la distancia de interacción.	55
5.5	<i>NPE</i> y R , vs acoplamiento respecto de la distancia de interacción (Modelo).	56
5.6	<i>NPE</i> y parámetro de orden R vs acoplamiento.	58
5.7	<i>NPE</i> de triángulos vs acoplamiento respecto del parámetro de filtración.	59
5.8	<i>NPE</i> de triángulos vs parámetro de filtración respecto del acoplamiento.	60
5.9	<i>NPE</i> de triángulos vs parámetro de filtración.	62
5.10	<i>NPE</i> de triángulos y tripletas vs parámetro de filtración.	63
5.11	<i>NPE</i> de enlaces, bipletas, triángulos y tripletas vs acoplamiento.	64

Resumen

La sincronización es un fenómeno que emerge en sistemas que interactúan, por lo tanto, caracterizarla es determinante para entender la dinámica colectiva. No obstante, la necesidad de identificar y cuantificar las propiedades responsables de este fenómeno hacen de esto una tarea ardua. En las últimas décadas se ha concentrado esfuerzos para caracterizar este fenómeno representando tales sistemas como redes complejas y estudiando su evolución temporal desde aproximaciones numéricas. Motivados por la capacidad del análisis topológico de datos para extraer información de datos complejos de alta dimensionalidad, proponemos su uso para estudiar el fenómeno de sincronización. En particular, la homología persistente, al estudiar la aparición y extinción de características topológicas permite caracterizar estados de la dinámica de un sistema en términos de su estructura geométrica. En este trabajo formulamos la entropía de persistencia normalizada, NPE , para caracterizar sincronización al cuantificar la irregularidad promedio de los tiempos de vida de grupos de homología. Para ello generamos conjuntos de datos emulando la evolución temporal de osciladores de Kuramoto acoplados arreglados en red con conectividad tipo Erdős-Renyi, Scale-Free y Aleatoria, y adicionalmente analizamos un conjunto de datos experimentales, también en arreglo de red, con dinámica tipo Rössler. En ambos tipos de dinámica, cuantificamos la sincronización en función de la intensidad de interacción de la red, controlada por un parámetro de acoplamiento. Los resultados demostraron que la NPE permite cuantificar sincronización e identificar la transición de estado asíncrono a sincronizado del sistema en todos los tipos de red estudiados. Esta métrica es sensible a la cantidad de interacciones de los nodos, la distancia entre los nodos, intensidad de acoplamiento, la escala de análisis de los datos y la dimensionalidad de la nube de puntos, proporcionando información complementaria al parámetro de orden y “phase locking value”. Por tanto, los resultados presentados en esta tesis demuestran que la NPE es una herramienta útil para caracterizar sincronización en sistemas de osciladores dinámicos complejos.

Capítulo 1

INTRODUCCIÓN, MOTIVACIÓN Y OBJETIVOS

1.1. Introducción

Para entender el funcionamiento de muchos de los fenómenos que ocurren en la naturaleza es importante caracterizar asertivamente los procesos que en ella tienen lugar: de esto se encarga del análisis de datos. Desde las diferentes disciplinas de la ciencia se ha propuesto e implementado estrategias usando múltiples herramientas encaminadas a este propósito. Quizá la estrategia más extendida ha sido separarla en *sistemas* como unidad macro de análisis. Una vez definida dicha unidad macro, se identifican los elementos que lo conforman (también denominados *subsistemas*), caracterizados por -a priori- participar en el proceso bajo análisis, de tal forma que, a través de observaciones sistemáticas de alguna característica, usando los métodos y técnicas pertinentes, sea posible caracterizarlo y describirlo adecuadamente.

Pese a la carencia de consenso en adoptar una definición concreta debido a la variedad de proposiciones dependiendo del contexto ([1] ofrecen una breve discusión al respecto), en este trabajo se entenderá por *sistema complejo* al conjunto de elementos que interactúan de manera autorganizada, retroalimentándose adaptativamente y estableciendo memoria de sus eventos. Esto como consecuencia de intrincadas interacciones entre los subsistemas que lo conforman, que combinado con sus procesos característicos individuales, propician el intercambio de información, auto-modulando su dinámica [1, 2, 3, 4].

Desde el punto de vista práctico, caracterizar un sistema complejo consiste en estudiar su comportamiento con base en observaciones del (los) proceso(s) de interés durante un periodo de tiempo determinado. Al registro cronológico sistemático de estas observaciones se denomina *serie de tiempo*, a partir de la cual, usando herramientas matemáticas y estadísticas, es posible describirlo de forma cuantitativa. Un sistema será tan grande como la perspectiva lo requiera, consecuentemente, cuanto más grande la perspectiva, más complejo será caracterizarlo. Piénsese por ejemplo en el cerebro humano como un sistema (complejo, por su puesto). Tal sistema está conformado por regiones cerebrales, las cuales están integradas por grupos de áreas específicas, que a su vez corresponden a grupos de neuronas y así sucesivamente. Ahora bien, el cerebro hace parte de la cabeza, un subsis-

tema del cuerpo (un sistema más grande), que junto con las extremidades y el tronco, conectados por un entramado de músculos, huesos, venas, arterias, tendones, nervios, etc., percibe, genera, transmite, procesa y retroalimenta información para su funcionamiento. El cuerpo a su vez está inmerso en el ambiente físico (un sistema aún más grande) con el que intercambia información. En tal sentido, la perspectiva (que depende de las necesidades y/o alcance del proceso que se desea caracterizar) configura el tamaño del sistema.

Un sistema complejo integrado por varios subsistemas trae consigo retos de abstraerlo en un modelo teórico que de forma realista se ajuste a su evolución temporal. Dependiendo de sus características, representar un sistema como una *red compleja* [5, 6, 7], como se exemplifica en la Figura 1.1, resulta ser la manera natural de estudiarlo. Las redes complejas son una estrategia de estudio de sistemas complejos basada en *grafos*, donde los vértices son denominados *nodos*, representando los subsistemas; y los *enlaces* simbolizan las interacciones que estos comparten. Dos subsistemas (nodos) de un sistema (red compleja) se dicen adyacentes (están enlazados) cuando comparten una característica, de tal forma pueden emplearse elementos matemáticos, computacionales y estadísticos de *teoría de grafos*, así como los razonamientos físicos, biológicos, químicos, entre otros, inherentes al proceso de interés, para emular de manera teórica el funcionamiento del sistema.

Dependiendo de las características de sus enlaces, una red compleja puede categorizarse como *no dirigida* (Fig. 1.1[a]) o *dirigida* (Fig. 1.1[c]), la dirección y color de la flecha indican el sentido en que se establece el enlace). En las *redes no dirigidas* es irrelevante la dirección en la que ocurre la interacción al suponer que la característica que los une ocurre bidireccionalmente y con la misma magnitud, mientras que en las *redes dirigidas* es posible la existencia de enlaces paralelos entre dos nodos, distinguiendo la magnitud y dirección de la interacción o flujo de información (como se presenta ilustrativamente la Figura 1.1[c]). Bajo la categorización de redes complejas basada en el tipo de enlace, estas además pueden ser *no dirigidas pesadas* (Fig. 1.1[b]) y *dirigidas pesadas* (Fig. 1.1[d]), en las cuales se asigna un “peso” como medida de la “fuerza” con la que se da la interacción entre los nodos, simbolizada con el grosor de las líneas en las Figuras 1.1[b] y 1.1[d].

Otra forma de categorizar redes complejas es de acuerdo con la distribución de grado de los nodos. El grado de un nodo (simbolizado como el tamaño de los nodos en la Figura 1.1) indica el número de enlaces (interacciones) que tiene, de tal manera que la distribución de grado da razón de la conectividad de la red. Así por ejemplo, cuando los enlaces son asignados aleatoriamente, se espera que el grado de los nodos sea similar. En el contexto de redes aleatorias, Paul Erdős y Alfréd Rényi en 1959 introdujeron uno de los modelos más representativos al establecer enlaces con una determinada probabilidad, la cual, para un tamaño de red lo suficientemente grande, adopta una distribución de grado tipo Poisson, con grado promedio bien definido [8]. Este modelo (Erdős-Rényi) ha mostrado ser de utilidad práctica y ha proporcionado avances significativos para caracterizar y describir algunos sistemas representados como red compleja [9, 10]. Otro modelo relevante en esta categoría fue propuesto por Réka Albert, Hawoong Jeong y Albert-László Barabási en 1999 [11], cuya distribución de grado no presenta una escala característica, sino que sigue una distribución tipo ley de potencia. A este tipo de redes se ha denominado Scale-Free, caracterizadas por tener pocos nodos altamente conectados y muchos nodos con poca conectividad, lo cual también ha posibilitado describir apropiadamente tanto sistemas naturales como algunos hechos por el hombre [12, 13, 14, 15, 16, 17, 18].

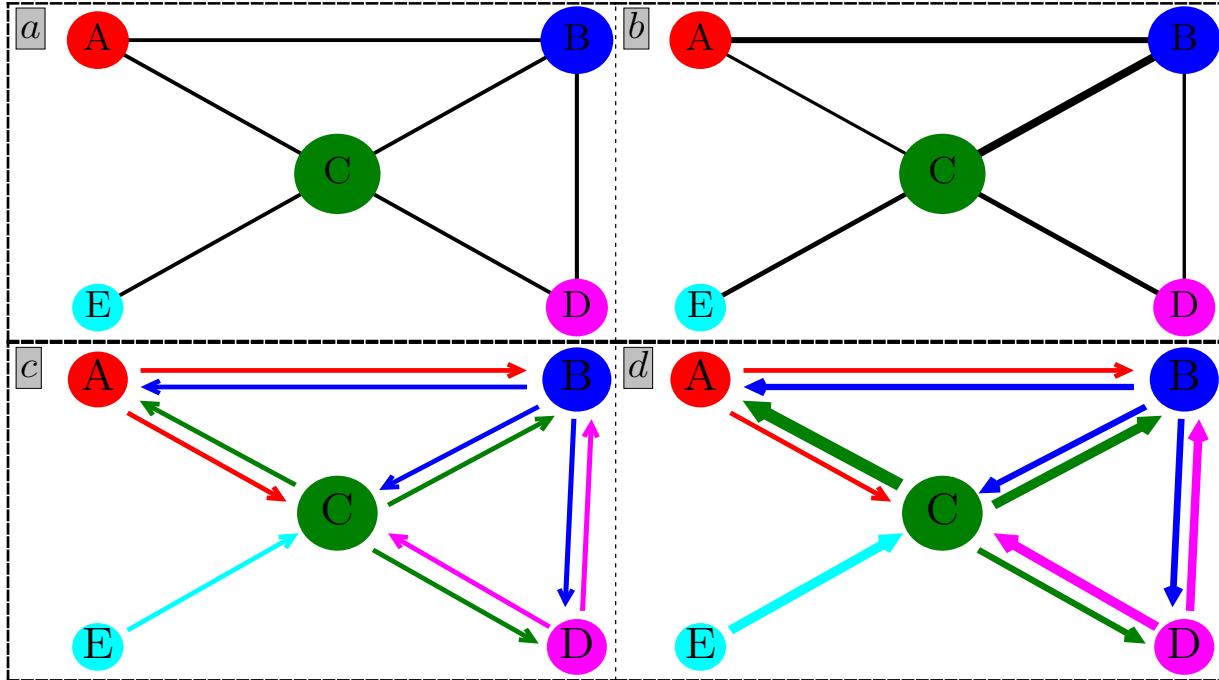


Figura 1.1: Ilustración de red compleja no dirigida y no pesada [a], no dirigida pesada [b], dirigida no pesada [c], y dirigida pesada [d].

Además de las categorías de redes complejas mencionadas, existen otros tipos especiales tales como las redes bipartitas ([19]) en la que el conjunto de nodos puede separarse en dos grupos y no existe adyacencia (enlace) entre dos nodos cualesquiera del mismo grupo. Las redes temporales [20], donde los enlaces se establecen de acuerdo con la interacción de los nodos a través del tiempo, es decir, su conectividad no es estática. Las redes multicapa o multiplex [21, 22]), una colección de redes o capas, cada una representando alguna propiedad del sistema, por mencionar algunos.

Ahora bien, los sistemas naturales cambian su dinámica conforme evolucionan en el tiempo puesto que las variables involucradas en sus procesos no son estáticas. Además, en general, sus elementos no presentan proporcionalidad lineal en el sentido en que cambios en alguno de sus componentes no necesariamente genera cambios (aumento/disminución) de magnitud proporcional (lineales) en otros componentes, a lo que se denomina sistemas complejos de dinámica no lineal. Esta condición genera retos importantes al momento de encontrar un modelo que describa de forma fidedigna el sistema, pues, cuando se quiere analizarlo, es necesario restringir el alcance, como isolarlo para reducir el número de subsistemas o elementos que lo componen, y particularizar en condiciones puntuales.

A este punto, es inferible que la evolución temporal de un sistema complejo implica una dinámica colectiva entre los elementos que lo conforman. El equilibrio de tal colectividad permite el funcionamiento del sistema y crea condiciones para la emergencia fenómenos que codifican información clave para caracterizarlo. Uno de estos es la *sincronización*, un fenómeno que emerge de forma espontánea cuando dos o más (sub)sistemas naturales (complejos) evolucionan de manera coordinada [23, 24]. Este fascinante fenómeno ha atraído la atención de investigadores en diferentes áreas no sólo por la belleza que genera en eventos

naturales como el oleaje de destellos de luciérnagas en el campo en una noche oscura, el vuelo coreográfico de cientos de aves o el de aleteo coordinado de miles de abejas en un panal que de vez en cuando se viralizan en medios digitales, sino además porque codifica información clave para describir diversos procesos, abarcando desde el funcionamiento de las células en los organismos vivos hasta el movimiento de cuerpos celestes.

Es razonable pensar que para el funcionamiento adecuado de un sistema debe haber algún grado de sincronización entre sus elementos. Al tiempo, una sincronía total y continua, que en algunos casos no es ni necesaria ni conveniente, toda vez que puede ser ineficiente y demandante en términos energéticos. En campos como el control de sistemas roboticos dentro de un proceso de manufactura, donde las diferentes estaciones (robots) deben funcionar de manera coordinada siempre, la sincronización es imperativa. En tal contexto, es inducida, e inducirla, aunque comúnmente laborioso, es relativamente sencillo puesto que es un sistema programable. Sin embargo, en otros contextos, una completa sincronización por periodos de tiempo prolongados puede causar efectos no deseables. En el cerebro humano por ejemplo, se ha observado que durante una falla epiléptica, varias regiones cerebrales o la totalidad de ellas funcionan de manera sincrónica, de tal manera que cuanto más tiempo dure esta actividad sincrónica, mayor será la duración de la falla, llevando a aumentar el riesgo de daño y mayores tiempos de “renormalización” [25]. En este último caso, el desafío para entender el padecimiento se centra en cuantificar el estado de sincronización, enfrentando retos como la identificación de las variables fisiológicas que la describen (qué medir), la regiones o áreas cerebrales involucradas (dónde medir), la resolución de muestro de la actividad o variable descriptora (cada cuánto medir), la precisión de medición (cuántas cifras son significativas), entre otros aspectos.

En general, las limitaciones para cuantificar la sincronización de un sistema radican en la necesidad de identificar las propiedades responsables del comportamiento coordinado y registrar a la resolución correcta las variables que codifican la información con la que eventualmente se pueda adaptar medidas cuantitativas para caracterizar y describir el fenómeno, y en consecuencia, el sistema. En este contexto, los modelos teóricos son una herramienta valiosa a través de la cual se puede dar aproximaciones realistas del comportamiento del sistema. Al ser un fenómeno colectivo en el que participan varios (sub)sistemas, las redes complejas representan una forma natural de estudiar la sincronización en sistemas complejos [26]. Para implementar esta estrategia, los (sub)sistemas son concebidos como los nodos, los enlaces (líneas uniendo los nodos) como la interacción entre los nodos, y la sincronización es modulada a través de un parámetro de acoplamiento.

Uno de los trabajos pioneros en el estudio del comportamiento colectivo en sistemas complejos a través de modelos teóricos y cuantificación del grado de sincronización usando la noción de redes complejas fue iniciado por Winfree en 1967 [27], quien propuso un sistema no lineal compuesto por un conjunto de osciladores acoplados a través de sus fases, en el que cada oscilador (nodo) se encuentra conectado al resto de los osciladores de la red (a este tipo de redes se denomina redes completas o “all-to-all connected”), controlando el grado de sincronización a través de un parámetro de acoplamiento. Esta idea fue refinada por Kuramoto en 1975 [28], quien consiguió formular un sistema matemáticamente resoluble, donde no necesariamente la red es completa (como se esperaría en redes de sistemas naturales), lo que significó avances importantes en entender el fenómeno de sincronización en sistemas naturales usando redes complejas.

La idea general desarrollada Kuramoto puede describirse así: supóngase un sistema representado como una red compleja compuesta por un número finito de nodos (subsistemas). Este sistema puede modelarse como un conjunto de osciladores, cuyas interacciones (enlaces) son simbolizadas por líneas y por precticidad, asúmase una red no dirigida, no pesada y sin auto-enlaces. Entonces la propiedad responsable de generar sincronización puede simularse como un parámetro de acoplamiento λ que controla la intensidad con la que se retroalimentan los nodos de la red, de tal manera que para cierto valor de λ , a través de iteraciones es posible generar un conjunto de valores (digamos $x_i(t)$, para $t = 1, 2, 3, \dots, T$, donde T es el número de iteraciones, representando la evolución temporal del sistema). Para valores de acoplamiento λ por debajo de cierto umbral crítico (digamos λ_c), es decir valores de $\lambda < \lambda_c$, la red no alcanzará la sincronización debido a que la fase de cada oscilador evolucionará independiente del resto y a su propia frecuencia natural. Sin embargo, rebasado el umbral λ_c , es decir, para valores de $\lambda > \lambda_c$, la intensidad de retroalimentación entre los nodos permitirá que la fase de cada oscilador tienda a una fase promedio (digamos ψ), denominada la fase basal del sistema, dando paso a la emergencia de sincronización de la red en términos de las fases de los osciladores. En este modelo (Kuramoto), es posible determinar la sincronización de la red a través del *parámetro de orden*. El modelo de Kuramoto, aunque simple (lo cual también ha sido de ventaja práctica), ha facilitado y motivado el uso del modelo para estudiar diversos sistemas complejos.

Hasta aquí hemos introducido las nociones de sistemas complejos, redes complejas, sincronización y hemos descrito un modelo de dinámica no lineal (el modelo de Kuramoto) para estudiar la sincronización en sistemas complejos ampliamente explorado ([29, 30, 31, 32]), cuya manera de medir el grado de sincronización se basa en estudiar el comportamiento de las fases (una componente de las señales medidas del sistema de interés y almacenadas como series de tiempo) a través del parámetro de orden, es decir, un modelo teórico funcional para emular el comportamiento de un sistema. Sin embargo, dado que los datos provenientes de sistemas naturales son ricos en información codificada en todas las componentes del conjunto de registros, es imperativo adoptar estrategias óptimas y robustas de análisis de datos que permitan estudiarlos de forma cada vez más completa.

Una de estas estrategias, que por su robustez teórica y adaptabilidad ha venido ganando relevancia es el *análisis topológico de datos*, *TDA*, un conjunto de métodos que hacen uso de elementos matemáticos como la topología algebraica y la topología computacional para estudiar las propiedades geométricas de un objeto [33, 34, 35]. Una de las herramientas más versátiles del *TDA* es *homología persistente* [36, 37, 38, 39, 40], que permite extraer información de la estructura geométrica de un conjunto de datos. La homología persistente consiste en estudiar *diagramas de persistencia* que contienen la información de nacimiento y muerte (formación - extinción) de las *clases* de un *grupo de homología* formadas en un *complejo simplicial*, una colección de invariantes topológicos denominados *simplejos* (también llamados *simplices*), al efectuar una *filtración* a escala multiresolución a un conjunto de datos configurados como una nube de puntos a través de alguna estrategia de embebido que reconstruya el espacio en que “vive” el sistema del que provienen los datos. En el espacio métrico, un complejo simplicial es una colección de poliedros, de tal forma que un $0 - \text{simplejo}$ puede considerarse como un punto, un $1 - \text{simplejo}$ puede ser visto como una línea, un $2 - \text{simplejo}$ puede interpretarse como un triángulo, y así sucesivamente con los poliedros de dimensión superior, de tal forma que, grupos de homología de dimensión cero

(H_0) pueden ser interpretados como *componentes conectados*, los grupos de homología de dimensión uno (H_1) como *hoyos unidimensionales*, extendiéndose a sus análogos de orden superior, también conocidos como características topológicas del complejo simplicial. Los grupos de homología dan información de la estructura geométrica, lo cual representa ventajas en cuanto a ganar información no trivial de diferente naturaleza del conjunto de datos objeto de análisis.

Para analizar datos usando homología persistente se procede como sigue: suponga un conjunto de datos (serie de tiempo) registrados mediante observaciones de un proceso de interés en un sistema complejo. El primer paso es configurar dicho conjunto de datos como una nube de puntos, siendo la estrategia de reconstrucción del espacio de estados de Takens [41] comúnmente usada para esta tarea, de tal manera que la nube de puntos representa el espacio fase en el “vive” el conjunto de datos. A partir de esta nube de puntos se calcula la distancia entre cualesquiera dos puntos, obteniendo la matriz de distancias, cuyos lados son de igual dimensión que la longitud de la serie de tiempo. La filtración consiste en variar la distancia (digamos ϵ) a la que pueden formarse los simplejos en la nube de puntos. La colección de todos los simplejos generados a cada valor de distancia conforman un (sub)complejo simplicial, donde se generan y extinguen las clases de los grupos de homología l (a cantidad de clases en un grupo de homología corresponde a su número de Betti). La distancia a la que se genera cada clase en un grupo de homología se denomina *nacimiento* y la distancia a la que se extingue se conoce como *muerte*, de tal forma que la colección pares $\{(nacimiento, muerte)\}$ corresponde al diagrama de persistencia de dicho grupo de homología. La diferencia entre la muerte y el nacimiento de las clases de un determinado grupo de homología es la persistencia de dicha clase en el complejo simplicial, de tal manera que la colección de estas persistencias es el código de barras asociado al diagrama de persistencia correspondiente. El código de barras contiene la información que caracteriza la estructura geométrica de la nube de puntos que resulta de utilidad para entender el conjunto de datos o serie de tiempo y por tanto el sistema del que provienen, el lector puede ampliar aspectos detallados de esta descripción en [39, 42, 43].

Cuando se tiene conjuntos de datos de un sistema complejo en diferentes estados, es razonable pensar que la “forma” de la nube de puntos será diferente y en consecuencia la colección de tiempos de vida de sus grupos de homología también será distinta. El reto siguiente es encontrar una forma de cuantificarlo y que tal métrica sea capaz de distinguir entre los diagramas de persistencia generados en cada estado. En el contexto de sistemas complejos, una manera de cuantificar la taza de generación de información en series de tiempo es a través de la entropía de Shannon [44], que da razón del “grado de irregularidad” de la función de distribución de probabilidad que siguen los datos. Rucco y colaboradores en el 2014 extendieron esta idea para cuantificar el grado de irregularidad en la colección de tiempos de vida de las clases en un diagrama de persistencia, a lo que se denominó *entropía de persistencia* [45]. Esta métrica da una medida cuantitativa de la información que en promedio genera el código de barras de un grupos de homología.

Debido a sus características, se ha usado homología persistente para estudiar series de tiempo provenientes de sistemas complejos en diversos campos y disciplinas, incluyendo su aplicación en sistemas computacionales ([46, 47]), biológicos ([48, 49, 50, 51, 52]), físicos ([53, 54, 55]), y el clima ([56, 57]), por mencionar algunos. A pesar de su amplio uso en diferentes áreas, las aproximaciones al estudio de sincronización usando homología per-

sistente se ha enfocado a la identificación de periodicidades ([58]) y grupos (clusters) en redes ([59, 60]). Sin embargo, hasta donde es nuestro conocer, no existen investigaciones en la literatura orientadas a identificar y distinguir entre estados asíncrono, de transición y sincronizado de este fenómeno en sistemas cuyos elementos se retroalimentan, siendo esta el área en el que incursiona este trabajo desde una aproximación numérica en el que analizamos este fenómeno para redes de osciladores de Kuramoto acoplados, extendiéndolo a un conjunto de datos experimentales.

1.2. Motivación

El estudio de sistemas complejos mediante aproximaciones basadas en datos, como lo son las redes complejas y el análisis de series de tiempo, requiere de herramientas cada vez más completas que permitan progresivamente extraer información con mayor confiabilidad. En particular, cuantificar el grado de sincronización de un sistema representado como red es fundamental para entender el comportamiento colectivo en sistemas que se retroalimentan. Gracias a su robustez teórica y adaptabilidad a sistemas de alta dimensionalidad (complejidad), la homología persistente resulta ser una herramienta potente para esta tarea. Entender por ejemplo la dinámica del cerebro (o las regiones involucradas) en una crisis epiléptica en el sentido de cuantificar de manera robusta y precisa la sincronización de su actividad, puede ser clave en ayudar a identificar precursores de la crisis, de tal forma que, identificada con anticipación, permita implementar acciones para manejar el padecimiento. En redes eléctricas por ejemplo, pensando la demanda de una ciudad (o país) como un nodo y un grupo de ciudades (escalable a países) como una red, puede pensarse que, por las razones a las que haya lugar, habrá actividad sincrónica en la demanda, de tal manera que estudiar este fenómeno puede ayudar a planear y proyectar mejor la generación eléctrica (adaptable digamos) y de esta forma optimizar la producción como medida de mitigación al cambio climático. Lo común en estos dos ejemplos es que tales sistemas pueden ser modelados como redes complejas. Ahora bien, la limitación más importante de las estrategias existentes en la literatura para estudiar el fenómeno de sincronización radica en que estas se restringen a interacciones a pares. Sin embargo, la dinámica de un sistema puede involucrar la interacción simultánea entre una mayor cantidad de sus elementos. Respecto de esta limitación, la característica de multidimensionalidad de la homología persistente toma una relevancia fundamental para estudiar y entender tales sistemas. Por otra parte, en la mayoría de contextos es común la carencia de datos para estudiar tales sistemas, por lo que el modelo de Kuramoto se convierte en una forma realista de estudiar la dinámica colectiva en términos de sincronización. Motivados por en el futuro responder algunas de las necesidades planteadas en los ejemplos anteriores, en este trabajo dedicamos esfuerzos a sentar bases para estudiar el fenómeno de sincronización en sistemas complejos de dinámica no lineal usando homología persistente.

1.3. Objetivos

Objetivo General

Demostrar la utilidad del análisis topológico de datos, usando homología persistente, para caracterizar estados de sincronización en redes complejas formadas por osciladores acoplados, mediante el análisis de las series de tiempo que describen su dinámica.

Objetivos Específicos

Generar series de tiempo mediante el modelo de osciladores acoplados de Kuramoto, organizados como red compleja, considerando distintas estructuras de conectividad e intensidades de acoplamiento que generen diferentes estados de sincronización.

Formular una métrica que cuantifique cambios en la geometría de nubes de puntos, formadas por series de tiempo de pares o triadas de osciladores acoplados, organizados como red compleja, ante variaciones en su estado de sincronización.

Caracterizar los estados de sincronización de las redes simuladas a partir del análisis de las series de tiempo generadas con el modelo de Kuramoto, usando de la métrica formulada, probando este cuantificador en datos experimentales, y comparándolo con métricas convencionales.

El resto de esta Tesis está organizada como sigue: en el Capítulo 2 se asientan las bases teóricas involucradas en el análisis topológico de datos. El Capítulo 4 describe la metodología adaptada. El Capítulo 5 se presenta y disertan los resultados obtenidos, en el Capítulo 6 se presentan las conclusiones y perspectivas, el Capítulo 7 contiene la bibliografía consultada y finalmente el Capítulo 8 consta de una lista con los eventos académicos relevantes en los que el autor participó durante el proyecto doctoral.

Capítulo 2

ANÁLISIS TOPOLÓGICO DE DATOS

El análisis topológico de datos, *TDA*, se refiere a una serie de métodos para estudiar las propiedades topológicas de conjuntos de datos. Este es un campo relativamente reciente cuyo auge inició en 2002 con los trabajos de Edelsbrunner y colaboradores en homología persistente aplicada a ciencia de datos [36]. El *TDA* se fundamenta en elementos matemáticos como la topología algebraica y la computación, para extraer información geométrica de la estructura de un conjunto de datos de alta dimensionalidad, revelando información no trivial que no es posible obtener mediante análisis convencionales [33, 35].

Este capítulo contiene el marco teórico de referencia con los fundamentos matemáticos del análisis topológico de datos en la senda de homología persistente. La Sección 2.1 formaliza el concepto de topología y algunos términos asociados tales como homeomorfismo, isotopía, homotopía y homología (Sección 2.1.1) y espacio métrico (Sección 2.1.2) como espacio de particular interés de espacio topológico tratado en este trabajo. La Sección 2.2 introduce el concepto de homología persistente, definiendo los complejos simpliciales (Sección 2.2.1), grupos de homología (Sección 2.2.2), persistencia 2.2.3, resúmenes de homología persistente (Sección 2.2.4) y entropía de persistencia (Sección 2.2.5), que son los fundamentos teóricos de este trabajo. Finalmente, la Sección 2.3 es dedicada a la revisión de algunos trabajos que son antecedentes en la aplicación de *TDA* en sistemas dinámicos y sincronización, usando homología persistente. La mayor parte conceptos definidos en este capítulo, particularmente las Secciones 2.1, 2.1.1, 2.1.2, 2.2, 2.2.1, 2.2.2, 2.2.3 y 2.2.4, están basados en los trabajos [61], [62], [63], [39], [42], [64] y [65]. El lector puede consultar los autores referidos para mayores detalles de las generalidades aquí mencionadas. Cuando haya aportes de otros trabajos en específico, se indicará incluyendo la cita particular.

2.1. Topología

La topología estudia las propiedades invariantes de espacios cuando se someten a deformaciones continuas. En particular, la topología algebraica hace uso de objetos matemáticos tales como grupos y formaliza los conceptos de “proximidad” y “conectividad” a través de mapeos continuos para identificar homeomorfismos entre espacios topológicos equivalentes, por lo que en principio es necesario definir algunos de los conceptos fundamentales en los que se basa el análisis topológico de datos, iniciando por definir un mapeo.

Definición 2.1.1 (Mapeo) *Sea P un conjunto de puntos. Un mapeo es una regla f que asigna una imagen I a cada punto $x \in P$, esto es: $f : P \rightarrow I$.*

Las características de un mapa son establecidas con base en el concepto de continuidad conforme las necesidades impuestas por el tipo de mapeo. Por su parte, los aspectos de “proximidad” y “conectividad” son formalizados en términos de la teoría de conjuntos, específicamente referidos a conjuntos abiertos y cerrados definidos a continuación.

Definición 2.1.2 (Conjunto abierto) *Sean X y O un espacio y subespacio, respectivamente, tal que $O \in X$. O es un conjunto abierto si cada punto $x \in O$ está enteramente contenido en O .*

Nótese de la definición 2.1.2 que, es posible seleccionar cualquier punto $x \in O$, tomar pasos infinitesimales en cualquier dirección dentro X y encontrar otro punto, digamos $y \in O$, dentro de O . Esta definición conduce intuitivamente a los conceptos de “proximidad” y “conectividad”, toda vez que, si dos puntos $x, y \in O$ son infinitesimalmente próximos (bajo alguna noción de proximidad, ya sea sobre conjuntos abiertos/cerrados o alguna métrica), entonces x e y están conectados en O .

Los conjuntos abiertos en el espacio X (por convención, el conjunto vacío $\emptyset \in X$) cumplen con las siguientes propiedades:

- i. \emptyset es un conjunto abierto.
- ii. X es un conjunto abierto.
- iii. La unión de una colección finita de conjuntos abiertos es un conjunto abierto.
- iv. La intersección de una colección finita de conjuntos abiertos, es un conjunto abierto.

Es posible ahora definir un conjunto cerrado con base en la definición de conjunto abierto, de manera que:

Definición 2.1.3 (Conjunto cerrado) *Sean X y C un espacio y un conjunto, respectivamente. C es un conjunto cerrado si el complemento $X - C$ es abierto.*

Es importante mencionar que, de acuerdo con las definiciones 2.1.2 y 2.1.3 no necesariamente un conjunto que no es abierto es cerrado, ni un conjunto no cerrado es necesariamente abierto, pues, existen conjuntos que son ni abiertos ni cerrados y existen conjuntos que son abiertos y cerrados. A partir de los conceptos de conjuntos abiertos y cerrados es posible establecer una definición general de espacio topológico y topología.

Definición 2.1.4 (Espacio topológico) *Un espacio topológico es el par (X, \mathcal{T}) , donde X es un conjunto y \mathcal{T} es la topología de X .*

Definición 2.1.5 (Topología) *Una topología \mathcal{T} de un conjunto X es una colección de subconjuntos de X que satisfacen las siguientes propiedades:*

- i. El conjunto vacío \emptyset y el espacio X son conjuntos de la topología \mathcal{T} ($\emptyset, X \in \mathcal{T}$).

- ii. La unión de cualquier colección de conjuntos en \mathcal{T} está contenida en \mathcal{T} .
- iii. La intersección de cualquier colección finita de conjuntos en \mathcal{T} está contenida en \mathcal{T} .

Es posible conocer las propiedades geométricas de un conjunto de puntos mediante el estudio de las características invariantes de la topología asociada a dicho conjunto a través de la comprobación de la existencia de homeomorfismos, cuyos conceptos asociados se definen en la Sección 2.1.1.

2.1.1. Homeomorfismo, Isotopía, Homotopía y Homología

Dado que la topología trata con las propiedades geométricas de objetos o funciones (representados como conjuntos de puntos) mediante el estudio de sus elementos invariantes, es decir, elementos o características que no cambian bajo deformaciones, tales como la “conectividad” entre una colección de n elementos (n – vertices) cercanos entre sí de un conjunto de puntos, cuando estos son mapeados, de lo cual, si dos objetos pueden ser topológicamente mapeados entre se sí, se dicen *homeomórficos*.

Dos espacios topológicos son homeomórficos si existe un homeomorfismo entre ellos, de tal forma que, un homeomorfismo induce a una relación de equivalencia entre dichos espacios topológicos y en consecuencia, estos se dicen *topológicamente equivalentes*.

Definición 2.1.6 (Homeomorfismo) *Sean X e Y espacios topológicos. Un homeomorfismo es una biyección continua $f : X \rightarrow Y$, cuya inversa $f^{-1} : Y \rightarrow X$ existe y es continua.*

En general, es más fácil probar que dos espacios topológicos son homeomórficos, es decir, que son equivalentes, a probar que no lo son, para lo cual se recurre a deformaciones tales como isotópicas, homotópicas y homológicas.

Definición 2.1.7 (Isotopía) *Sean X e Y dos espacios topológicos. Una isotopía es una deformación $\xi : X \times [0, 1] \rightarrow \mathbb{R}^b$ que conecta a X e Y a través de un mapeo continuo, donde $\xi(X, 0) = X$, $\xi(X, 1) = Y$ y para cada $e \in [0, 1]$, $\xi(\cdot, e)$ es un homeomorfismo entre X y su imagen $\{\xi(x, e) : x \in X\}$.*

En otras palabras, supóngase que $g = \xi(X, 0) = X$ y $h = \xi(X, 1) = Y$ son deformaciones que mapean X a Y , si g permanece libre de puntos duplicados para todas las posiciones durante el mapeo en el intervalo $[0, 1]$, entonces X e Y se dicen isotópicamente equivalentes.

Definición 2.1.8 (Homotopía) *Sean $g : X \rightarrow Y$ y $h : X \rightarrow Y$ mapas. Una homotopía es un mapeo $H : X \times [0, 1] \rightarrow Y$ tal que $H(\cdot, 0) = g$ y $H(\cdot, 1) = h$.*

Nótese que la *equivalencia homotópica* de los espacios topológicos presenta una relajación respecto a la definición de equivalencia a través de la isotopía, toda vez que la homotopía relaciona los espacios que pueden ser continuamente deformados sin que necesariamente la deformación preserve el homeomorfismo, es decir, a diferencia de la isotopía, la deformación

homotópica no requiere que no haya puntos duplicados en todas las posiciones intermedias del mapeo (no requiere biyectividad), sin embargo, esta preserva algunas formas de conectividad.

Dado que algunos mapeos a través de deformaciones continuas no requieren biyectividad, toda vez que los mapeos de un espacio topológico a otro espacio topológico equivalente conservan propiedades de conectividad, surge la noción generalizada de homeomorfismo, es decir de equivalencia topológica: homología.

Definición 2.1.9 (Homología) *Una homología es una equivalencia de dos (o más) espacios topológicos cuya relación de equivalencia se establece mapeándolos a través de deformaciones continuas sin que necesariamente estas sean viyectivas, siempre que conserve la conectividad de los espacios topológicos equivalentes.*

2.1.2. Espacio Métrico

Un espacio métrico es un tipo de espacio topológico que facilita construir una idea geométrica de la topología de un espacio, toda vez que este incluye la noción de *distancia* o *métrica* que posibilita esquematizar de manera intuitiva la abstracción de un espacio topológico que no necesariamente incluye un noción de distancia adjunta al espacio métrico como se define a continuación:

Definición 2.1.10 (Espacio métrico) *Un espacio métrico es un par (X, d) , donde X es un conjunto y $d : X \times X \rightarrow \mathbb{R}$ es una función de distancia que para cualesquiera puntos $p, q, r \in X$ satisface las siguientes propiedades:*

- i. $d(p, q) = 0$ si y sólo si $p = q$;
- ii. $d(p, q) = d(q, p)$, y
- iii. $d(p, q) \leq d(p, r) + d(r, q)$.

De acuerdo con las propiedades de la función de distancia d de un espacio métrico, puede notarse que $d \geq 0$ para cada par $p, q \in X$, de tal forma que es posible construir bolas métricas abiertas en X .

Definición 2.1.11 (Bola métrica) *Sea X un espacio métrico. Una bola métrica abierta $B(c, r)$ centrada en c y de radio r es el conjunto de puntos tales que $B(p, r) = \{p \in X : d(p, c) < r\}$, a partir de la cual es posible definir el espacio topológico métrico.*

Definición 2.1.12 (Espacio topológico métrico) *Dado un espacio métrico X , la colección de todas las bolas métricas $\{B(p, r) | p \in X \text{ and } 0 < r < \infty\}$ y sus uniones conforman los conjuntos abiertos que definen una topología en X , es decir, un espacio topológico métrico.*

En este trabajo nos dedicamos a estudiar conjuntos de puntos en términos de análisis topológico de datos embebidos en un espacio métrico a través de homología persistente. En ese sentido, la sección siguiente es dedicada a detallar la forma en cómo funciona.

2.2. Homología Persistente

Por su adaptabilidad para estudiar conjuntos de datos de alta dimensionalidad, la *homología persistente* [36, 38, 39, 40, 42, 37], se ha convertido en la herramienta más versátil del *TDA*. A grandes rasgos, dado un conjunto de datos unidimensional, es decir una serie de registros tabulados en una única columna y N filas representando las observaciones del fenómeno de interés, la homología persistente consiste en configurar dicho conjunto de datos como una *nube de puntos* de d columnas y T filas, de tal forma que las columnas representen la dimensión en la que el conjunto de datos está embebido, interpretada como su configuración geométrica en el espacio topológico al que pertenece, en tanto que las filas representan la evolución temporal del estado en que se encuentra el fenómeno observado. Una vez configurado el conjunto de datos como una nube de puntos se construye un *complejo simplicial* compuesto por la colección de *simplejos* que surgen al realizar *filtraciones* a escala multiresolución de la nube de puntos, dando lugar a la formación (nacimiento) y extinción (muerte) de las clases de un *grupo de homología*, mismo que se generan durante la filtración. Para cada grupo de homología a la colección de (nacimiento, muerte) de las clases de un grupo de homología se denominada *diagrama de persistencia*, en tanto que la colección de diferencias (muerte-nacimiento) corresponde a los tiempos de vida, también conocidos como *código de barras* (“barcodes” en inglés). Tanto el diagrama de persistencia como el código de barras almacenan la información geométrica de la nube de puntos analizada, de tal manera que, desde el punto de vista de ciencia de datos, la tarea del análisis topológico de datos a través de homología persistente consiste en encontrar las propiedades geométricas características del conjunto de datos de origen y en consecuencia, del fenómeno subyacente.

De acuerdo con lo anterior, la forma en como la homología extrae información geométrica de una nube de puntos se basa en estudiar los grupos de homología formados por los invariantes topológicos que conforman el complejo simplicial resultante de la filtración de la nube de puntos, por lo que iniciaremos definiendo el complejo simplicial y de qué está constituido.

2.2.1. Complejo Simplicial

Un complejo simplicial está conformado de *simplejos* (o *simplices*), siendo estos elementos los invariantes topológicos, por tanto, definiremos primero el concepto de simplejo y posteriormente extenderemos la definición de complejo simplicial.

Definición 2.2.1 (Simplejo) *Sea X un conjunto de puntos del espacio métrico. Un k –simplejo o *simplice* $\sigma = \{x_0, x_1, \dots, x_k\}$ de dimensión k es la cubierta convexa de $k+1$ ($\forall x_j \in X, 0 \leq j \leq k+1$) puntos *afinamente independientes*, es decir, el conjunto de todas las combinaciones convexas $\{\alpha_0 x_0, \alpha_1 x_1, \dots, \alpha_k x_k\}$ donde $\alpha_0 + \alpha_1 + \dots + \alpha_k = 1$, que se “conectan” entre sí a través de la noción de proximidad.*

En el espacio métrico, esta noción de proximidad es la función de distancia Euclídea. Si la distancia entre dos puntos x_i y x_j ($i \neq j$) es menor o igual a cierto umbral de “máxima distancia de enlazamiento”, digamos ϵ , ($\|x_i, x_j\|_2 \leq \epsilon$) se establece un “enlace” entre tales

dos puntos, de tal forma que cualesquiera puntos x_i, x_j bajo esta condición forman un simplejo. Así, en el espacio métrico, los simplejos son generalizaciones de triángulos. Particularmente, como se ilustra en la Figura 2.1, un $0 - \text{simplejo}$ es un vértice (un punto), un $1 - \text{simplejo}$ es un enlace (una línea uniendo dos puntos), un $2 - \text{simplejo}$ es un triángulo, un $3 - \text{simplejo}$ es un tetraedro, generalizándose así a sus análogos de mayor orden. La dimensión de un simplejo σ es $\dim(\sigma) = k$ y σ' es una cara de σ si es un conjunto no vacío de $\sigma \in X$. Por definición, $0 \leq k \leq \sigma'$ y σ es una cara de mismo.

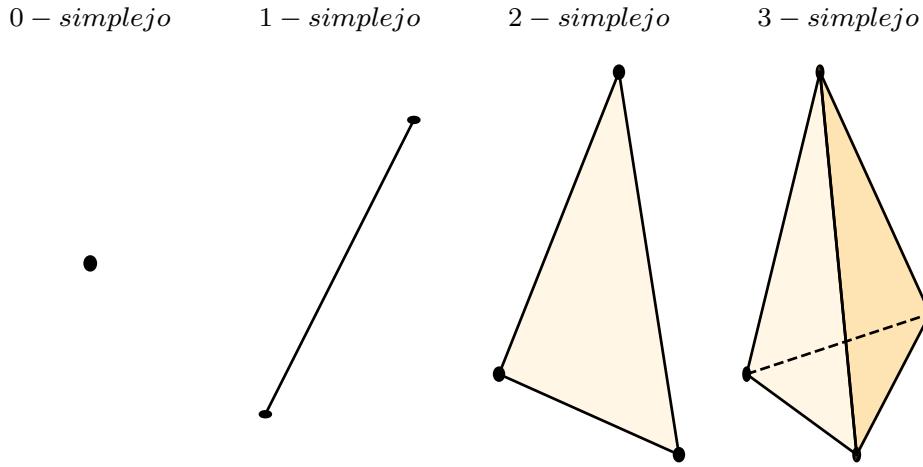


Figura 2.1: Ilustración de simplejos o invariantes topológicos. En el espacio métrico un 0 -simplejo es un punto, un 1 -simplejo es una línea uniendo dos puntos, un 2 -simplejo es un triángulo canónico, un 3 -simplejo es un tetraedro, extendiéndose sucesivamente a sus análogos de mayor dimensión.

Definición 2.2.2 (Complejo simplicial) *un complejo simplicial $K = \{\sigma_k\}$ es una colección finita de simplejos tales que: si σ' es una cara de $\sigma \in K$, entonces $\sigma' \in K$; y, la intersección de una colección de cualesquiera simplejos de K es una cara común de cada uno de ellos o un conjunto vacío.*

La dimensión de un complejo simplicial K es la mayor dimensión de simplejos en el, de manera que el espacio de un complejo simplicial es el espacio de todos los poliedros sobre el cual se puede construir una abstracción de estos.

Definición 2.2.3 (Complejo simplicial abstracto) *Es una colección finita de simplejos A tales que si $\alpha \in A$ y $\beta \in \alpha$ entonces $\beta \in A$.*

La definición de complejo simplicial abstracto ha sido adaptada a una versión geométrica en el espacio topológico métrico. En este trabajo, la filtración se realiza a complejos simpliciales de *Vietoris – Rips*, mismos que están basados en el complejo simplicial abstracto de *Čech* como se define a continuación.

Definición 2.2.4 (Complejo simplicial de Čech) *Sea $X = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ una colección finita de puntos en \mathbb{R}^d y sea $B(x, r) = x + r$ una bola de centro x y radio r .*

El complejo de Čech de X es la colección de (sub)complejos simpliciales formada por la intersección de todas las $B(x, r)$, esto es: $\check{\text{Cech}} = \{\sigma \subseteq X \mid \cap_{x \in \sigma} d(x, r) \neq 0\}$.

Definición 2.2.5 (Complejo simplicial de Vietoris-Rips) El Complejo simplicial de Vietoris – Rips es una relajación del complejo de Čech en el cual, el complejo simplicial es formado por la intersección de las bolas $B(x, r)$ con una distancia a lo más de dos veces r , esto es: $\text{Vietoris} – \text{Rips} = \{\sigma \subseteq X \mid \text{diam}(\sigma) \leq 2r\}$.

La Figura 2.2 bosqueja un complejo simplicial de Vietoris-Rips en \mathbb{R}^2 . En términos simples, dada una nube de puntos conformada por la colección de valores $\{y_i\} = \{(x_i, x_{i+\tau})\}$, donde τ es el *retardo o delay de embebido* (en este ejemplo la *dimensión de embebido es* $d = 2$), e $i = 1, 2, 3, \dots$, se “dibuja” una bola de radio r centrada en cada punto como se ilustra con la circunferencia dibujada. Todas las bolas que se intercepten entre sí conforman un simplejo. En nuestro ejemplo existen once (11) 0 – simplejos, $\{\sigma_0\} = \{y_1\}, \{y_2\}, \dots, \{y_{11}\}$, cinco (5) 1 – simplejos, $\{\sigma_1\} = \{y_1, y_2\}, \{y_3, y_4\}, \{y_3, y_5\}, \{y_4, y_6\}, \{y_7, y_8\}$, un (1) 2 – simplejo, $\{\sigma_2\} = \{y_5, y_6, y_7\}$, y un (1) 3 – simplejo, $\{\sigma_3\} = \{y_8, y_9, y_{10}, y_{11}\}$. Así, el complejo simplicial $K_3 = \{\{\sigma_0\}, \{\sigma_1\}, \{\sigma_2\}, \{\sigma_3\}\}$ de dimensión 3 (esta es la máxima dimensión de simplejos en el complejo simplicial), corresponde a la colección de todos los simplejos formados bajo la condición $\|y_i, y_j\|_2 \leq r$.

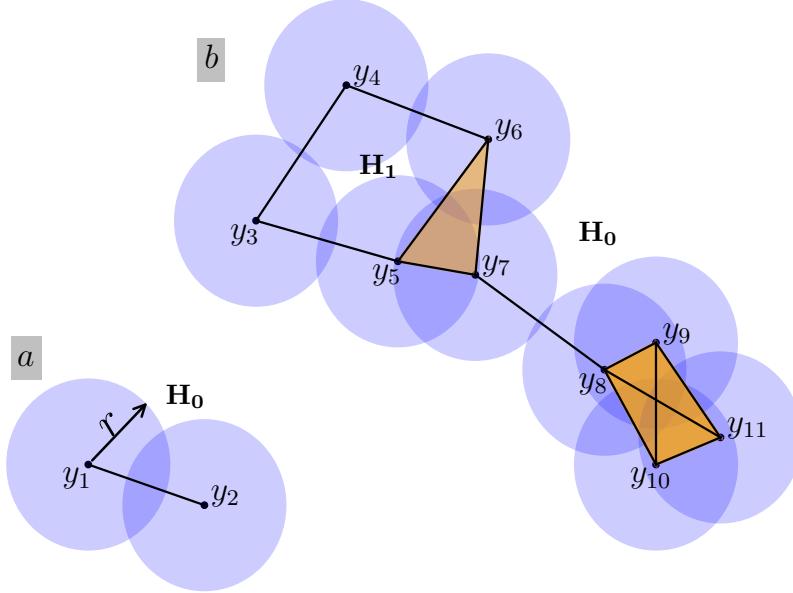


Figura 2.2: Ilustración de complejo simplicial abstracto. Corresponde a la colección de simplejos que se forman al interceptarse los círculos de radio r de cualesquiera dos puntos. En este ejemplo, para tal valor de r , el complejo simplicial contiene dos componentes conectados [a] y [b], y este último contiene un hoyo unidimensional.

Ahora bien, el estudio de las propiedades geométricas de un conjunto de datos desde la perspectiva de homología persistente se basa en el análisis de los grupos de homología, mismos que describiremos a continuación.

2.2.2. Grupos de Homología

Los grupos de homología, a menudo también llamados hoyos m -dimensionales en el contexto de topología, son estructuras geométricas un poco más complejas (comparados con los simplejos) que se forman en el complejo simplicial. Para tener un panorama más claro al respecto, es necesario introducir primero conceptos tales como cadenas, fronteras, ciclos y grupos de fronteras. Empezaremos por la primera.

Definición 2.2.6 (Cadena de complejos simpliciales) *Una p – cadena c de un k – complejo simplicial K con m_p p – simplejos ($\sigma_p \in K; 0 \leq p \leq k$), es la suma formal $c = \sum_{m_p} a_i \sigma_i$, donde a_i son los coeficientes modulo 2 (Z_{+2}) para un simplice dado.*

En la topología computacional los coeficientes modulo 2 toman valor 0 o 1 de acuerdo con las siguientes *reglas binarias de la operación de adición módulo 2*, $Z_{+2} : 0 + 0 = 0$; $0 + 1 = 1$; $1 + 1 = 0$. La adición de una colección de p -cadenas forman una nueva cadena. En particular, si dos p -cadenas $c = \sum_{m_p} a_i \sigma_i$ y $c' = \sum_{m_p} a'_i \sigma_i$ son adicionadas, $c + c' = \sum_{m_p} (a_i + a'_i) \sigma_i$, formarán una nueva p – cadena. Las p – cadenas con operación Z_{+2} forman un grupo $\mathbf{C}_p(K)$ donde la cadena identidad es $c = \sum_{m_p} 0 \sigma_i$.

Los p – grupos de cadenas están relacionados por un operador de frontera ∂_p , tal que, para un p – simplejo σ formado por p puntos $\sigma = \{x_0, \dots, x_p\}$, la operación de frontera ∂_p sobre σ $\partial_p \sigma = \sum_p \{x_0, \dots, \tilde{x}_i, \dots, x_p\}$ (\tilde{x}_i simboliza la exclusión del vértice x_i en la suma sobre x), envía a σ a una $(p-1)$ – cadena cuyos coeficientes a_i distintos de cero son las $(p-1)$ – caras (fronteras) de σ . Extendiendo el operador de frontera ∂_p a p – cadenas \mathbf{C}_p , $\partial_p : \mathbf{C}_p \rightarrow \mathbf{C}_{p-1}$, genera un *homeomorfismo*, para un k – complejo simplicial tal que $\mathbf{C}_{p+1} \xrightarrow{\partial_{p+1}} \mathbf{C}_p \xrightarrow{\partial_p} \mathbf{C}_{p-1} \xrightarrow{\partial_{p-1}} \dots \mathbf{C}_1 \xrightarrow{\partial_1} \mathbf{C}_0 \xrightarrow{\partial_0} \mathbf{C}_{-1} = 0$.

Bajo la operación de frontera pueden identificarse ciclos (“loops”) en una cadena de complejos simpliciales. Una p – cadena c es un p – ciclo si $\partial c = 0$, es decir, una cadena que tiene una frontera vacía es un ciclo. La colección de todos los p – ciclos adicionados mediante Z_{+2} formando un p – grupo \mathbf{Z}_p . El conjunto de $(p-1)$ – cadenas que puede ser obtenido al aplicar el operador de frontera ∂_p a p – cadenas forma un subgrupo de $(p-1)$ – cadenas llamado $(p-1)$ – grupo de frontera $\mathbf{B}_{p-1} = \partial_p \mathbf{C}_p$, de manera que \mathbf{B}_{p-1} es la imagen del homeomorfismo, dando paso a los los grupos de homología.

Definición 2.2.7 (Grupos de homología y números de Betti) *Un p – grupo de homología \mathbf{H}_q ($p \geq 0$), es el grupo cociente $\mathbf{H}_q = \mathbf{Z}_p / \mathbf{B}_p$, para el cual el número de Betti β_p es la dimensión de \mathbf{H}_q , $\beta_p = \dim \mathbf{H}_q$.*

Informalmente, para un complejo simplicial en el espacio métrico, un 0 – grupo de homología \mathbf{H}_0 es un 0 – ciclo que representa los *componentes conectados*, un 1 – grupo de homología \mathbf{H}_1 es un 1 – ciclo (hoyos) que encierran un área, un 2 – grupo de homología \mathbf{H}_2 es un 2 – ciclo (cavidades) que encierran un volumen, extendiéndose a sus análogos de mayor dimensión. En el ejemplo ilustrativo de la Figura 2.2 existen dos grupos de homología de dimensión cero (\mathbf{H}_0), formando los (sub)complejos [a] y [b], los cuales representan los *componentes conectados* que existen en el complejo simplicial, así mismo, el (sub)complejo (b) contiene un grupo de homología de dimensión 1 (\mathbf{H}_1) que se genera al haber una frontera

vacía (que encierra un área) entre los puntos conectados que conforman esa sección del complejo simplicial.

Matemáticamente hablando, la homología caracteriza objetos cuya “forma” está bien definida, es decir, que poseen una cantidad de números de Betti exactos, por ejemplo, un círculo consiste de exactamente $\beta_0 = 1$ componentes conectados, $\beta_1 = 1$ hoyos unidimensionales, y $\beta_p = 0 \forall k > 1$, un toro tiene $\beta_0 = 1$ componentes conectados, $\beta_1 = 2$ hoyos unidimensionales, $\beta_2 = 1$ cavidades, y $\beta_p = 0 \forall k > 2$. Sin embargo, en razón a que la forma de los conjuntos de datos no necesariamente se ajusta a la de un objeto matemático bien definido, se ha recurrido a identificar las características topológicas (estructura geométrica) de estos al variar el parámetro de distancia r , a este proceso se denomina *filtración*, de tal manera que r representa la longitud máxima de enlace, referido también como parámetro de filtración, ϵ . En la filtración se generan (nacen) y extinguen (mueren) grupos de homología y la distancia que tarda en “morir” un grupo homológico desde su “nacimiento” se denomina persistencia. A fin de precisar este procedimiento, a continuación se definen formalmente este y otros conceptos relacionados a la persistencia de grupos de homología.

2.2.3. Persistencia

Para un objeto X , una *clase de homología (homomeorfismo)* $\zeta \in \mathbf{H}_q(X)$ nace en X_{a_i} si $\zeta \in H_p^{a_i}$ pero $\zeta \notin \mathbf{H}_q^{i-1}$, de forma análoga, una clase de homología ζ en $\mathbf{H}_q(X)$ muere en X_{a_j} si $\zeta \notin \mathbf{H}_q^{a_j}$ pero $\zeta \in \mathbf{H}_q^{a_{j-1}}$, $0 \leq i, j \leq n = \text{rank}(\beta_p)$.

Una vez identificados el nacimiento b y la muerte d de una clase de grupo de homología ζ , a la diferencia $\ell = b - d$ se denomina *persistencia* de ζ . ℓ es conocido además como el *tiempo de vida* que tiene una dicha clase desde su aparición (nacimiento) hasta que se extingue (muere) en la filtración de un complejo simplicial.

Hasta este punto, la teoría introducida se refiere a analizar los grupos de homología en un complejo simplicial generado a partir de una nube de puntos para estudiar sus propiedades geométricas. Esto requiere de variar el parámetro de filtración ϵ entre ciertos valores tales que $0 \leq \epsilon < \infty$ y analizar las persistencias de los grupos de homología que se generan y extinguen en la medida en que ϵ cambia, es decir, filtrar el complejo simplicial.

Definición 2.2.8 (Filtración) *Sea K un complejo simplicial finito. Una filtración es una secuencia anidada de subcomplejos (complejos simpliciales o caras de menor o igual orden) $K_i \in K$ tales que: $\emptyset = K_0 \subseteq K_1 \subseteq \dots \subseteq K_m = K$ ($\forall 0 \leq i \leq m$).*

Esta filtración da como resultado la colección de todos los grupos de homología a través de una escala y su “duración”, es decir, su persistencia (o tiempo de vida) formados a partir de la nube de puntos, proporcionando información acerca de la estructura de esta, y en consecuencia del fenómeno subyacente.

A fin de brindar una noción esquemática de una filtración, en la Figura 2.3 ilustramos este procedimiento aplicado a un conjunto de datos arbitrarios. Partiendo de la nube de puntos conformada por la colección de valores $\{y_i\}$, la filtración consiste en construir (sub)complejos al variar los valores de distancia ϵ ($0 \leq \epsilon < \infty$). En este ejemplo el (sub)complejo simplicial es mostrado en los paneles superiores, y el código de barras

representando la persistencia de los grupos de homología en los paneles inferiores. En esta representación, cuando un grupo de homología, a determinado valor de filtración ϵ aun no muere, se representa con la barra a la mayor longitud (cabe aclarar que, teóricamente, el grupo de homología, a ese determinado valor de filtración, vive infinitamente). Por convención, cuando $\epsilon = \epsilon_a = 0$ (Figura 2.3[a]), el complejo simplicial está conformado por los puntos ($0 - simplejos$), y cada punto representa un componente conectado, \mathbf{H}_0 , por tanto, ningún componente conectado muere a ese valor de filtración. Cuando $\epsilon = \epsilon_b$ (Figura 2.3[b]), se genera el $1 - simplejo$ $\{y_1, y_2\}$, así como la colección de $1 - simplejos$ $\{y_3, y_4\}$, $\{y_3, y_5\}$, $\{y_4, y_5\}$, $\{y_5, y_6\}$, $\{y_6, y_7\}$, $\{y_7, y_8\}$, $\{y_8, y_9\}$, $\{y_9, y_{10}\}$, $\{y_{10}, y_{11}\}$. Así, los antiguos componentes conectados que nacieron en [a] a $\epsilon = \epsilon_a$ y murieron en [b] a $\epsilon = \epsilon_b$, persistieron hasta $\ell = d - b = \epsilon_b - \epsilon_a$, de tal manera que el nuevo (sub)complejo simplicial está compuesto por dos componentes conectados, incluyendo un grupo de homología de dimensión 1, \mathbf{H}_1 , conformado por el ciclo de simplejos $\{y_7, y_8\}$, $\{y_7, y_9\}$, $\{y_8, y_9\}$, $\{y_9, y_{10}\}$, $\{y_{10}, y_{11}\}$. Cuando $\epsilon = \epsilon_c$ (Figura 2.3[c]), debido a la generación de los $1 - simplejos$ $\{y_6, y_7\}$, $\{y_7, y_9\}$, $\{y_7, y_{10}\}$ y $\{y_8, y_{10}\}$, el \mathbf{H}_1 generado a $\epsilon = \epsilon_b$ se extingue, de tal suerte que persistió durante $\ell = \epsilon_c - \epsilon_b$ y el complejo simplicial sigue teniendo dos componentes conectados “vivos”, por lo que sigue habiendo dos barra azules con la máxima longitud posible. Finalmente, a una distancia de $\epsilon = \epsilon_d$ (Figura 2.3[d]), el complejo simplicial consiste en un único componente conectado que persistirá hasta infinito (representada como la única barra azul con longitud máxima en el código de barras), y que además contiene los (sub)complejos formados a menor valor del parámetro de filtración, ϵ .

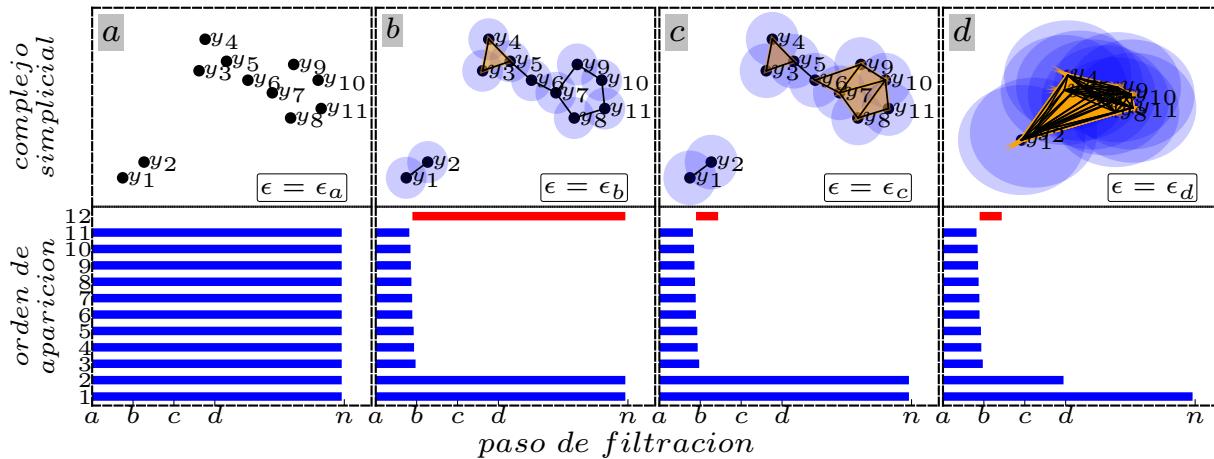


Figura 2.3: Filtración de una nube de puntos. La fila superior muestra el complejo simplicial y la fila inferior el código de barras de la filtración conforme aumenta la distancia ϵ de construcción de simplejos. En [a], cada punto es un componente conectado que aún no se extingue. En [b], se han extinguido 9 componentes conectados y nace un hoyo unidimensional que “vive” hasta [c], donde sólo dos componentes conectados conforman el complejo simplicial. En [d], sólo “sobrevive” un componente conectado que “vivirá” hasta $\epsilon_n \rightarrow \infty$.

En general, la colección de clases de los diferentes grupos de homología que se generan en la filtración son “almacenados” en los denominados resúmenes de homología persistente, mismos que describiremos a continuación.

2.2.4. Diagrama de Persistencia

Los resúmenes de homología persistente tienen por objetivo dar una representación de la información geométrica extraída de una nube de puntos. En tal sentido, estos son formas de (cuantitativamente) reconocer las características topológicas de tal conjunto de datos. El resultado de la filtración de un conjunto de puntos es una colección de pares ordenados de nacimiento-muerte (b, d) que indican la coordenada en que se genera y eventualmente se extingue la clase de un determinado grupo de homología (característica topológica) de cierta dimensión, de tal manera que habrá un arreglo de tamaño $(n, 2)$, donde n es la cantidad de elementos (clases) de un grupo de homología de cierta dimensión. Quizá el resumen más reconocido de la colección nacimiento-muerte de los grupos de homología resultantes de una filtración es el gráfico de dispersión de *nacimiento vs muerte* para cada una de las características topológicas que tuvieron lugar. A este tipo de gráfico se le denomina *diagrama de persistencia*. En este resumen, los valores están ubicados por encima de la diagonal del gráfico, toda vez que ninguna muerte es menor que el nacimiento. Al inicio de una filtración (cuando $\epsilon = 0.00$), cada punto de la nube de puntos representa un componente conectado del complejo simplicial, esto implica que cuando un componente conectado se extiende (conteniendo otro componente conectado también ya existente por definición), muere el que se generó de último, así, toda muerte de las clases de un grupo de homología serán mayor que cero. En consecuencia de lo anterior, ningún grupo de homología de dimensión uno nacerá en $\epsilon = 0.00$. La Figura 2.4 ilustra la representación de un diagrama de persistencia para la nube de puntos de la Figura 2.3, donde los símbolos de triángulos representan las clases del grupo de homología de dimensión cero, \mathbf{H}_0 , mientras que los círculos representan las clases del grupo de homología de dimensión uno, \mathbf{H}_1 .

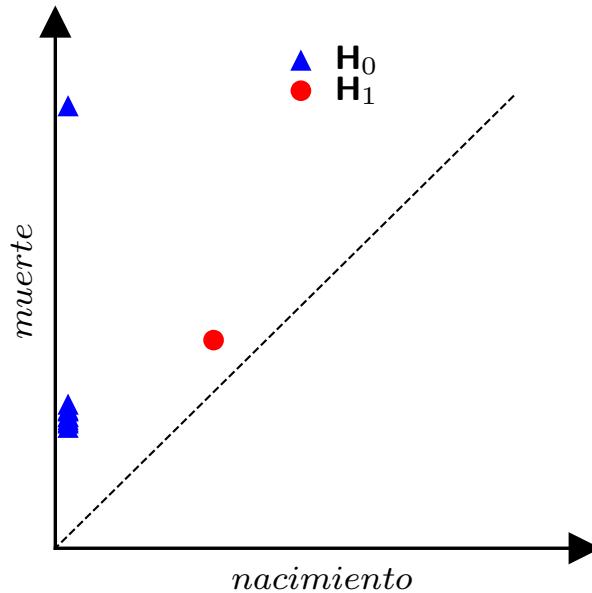


Figura 2.4: Diagrama de persistencia. Consiste en un gráfico de dispersión de “nacimiento” versus “muerte” de los elementos (clases), ejemplificado para grupos de homología de dimensión cero (símbolos azules) y uno (símbolos rojos) en esta ilustración.

Otro tipo de resumen de homología persistente es la representación del arreglo como *código de barras* simbolizando la persistencia o tiempo de vida asociado a cada clase de un grupo de homología de cierta dimensión, tal como los ilustrados en los paneles inferiores de la Figura 2.3. Un tipo de resumen de persistencia adicional es el de perfiles de persistencia, que incluye un arreglo distinto de los elementos del diagrama de persistencia de los considerados de código de barras antes descritos, que si bien no se presentan en este trabajo, se mencionan como contexto general. El lector puede consultar las referencias [66, 67, 68, 69] para detalles de estos resúmenes de homología persistente.

Los diagramas de persistencia son una representación cualitativa de la información generada durante la filtración. Sin embargo, como consecuencia del marco teórico en el que se fundamenta la homología persistente esta es una tarea retadora. Pese a estas limitaciones, a partir de los diagramas de persistencia se ha desarrollado elementos a través de los cuales es posible aplicar estadísticas y otros elementos matemáticos para acceder de forma cuantitativa la información de la estructura geométrica extraída de la nube de puntos (véase por ejemplo [70, 67]) en términos de la “distribución” del diagrama de persistencia. En la siguiente sección introduciremos la forma de cuantificar información en diagramas de persistencia usada en este trabajo.

2.2.5. Entropía de Persistencia

Los diagramas de persistencia resultantes de filtrar un conjunto de datos provenientes del muestreo de objetos sin forma matemática bien definida no presentan una distribución probabilística conocida. Por supuesto este aspecto se extiende y acentúa en conjuntos de datos originados a partir de observaciones de algún fenómeno, es decir, datos empíricos o series de tiempo. Tal aspecto es uno de los retos para cuantificar la información de la estructura geométrica de series de tiempo a través de homología persistente (véase por ejemplo [71, 72, 73] para una breve discusión al respecto). En razón a ello, en este trabajo nos dedicamos a estudiar la “irregularidad” de diagramas de persistencia en términos de la heterogeneidad promedio que mide la entropía en el contexto de teoría de la información.

En este sentido, una manera natural de cuantificar la heterogeneidad de las persistencias (o código de barras) de un diagrama de persistencia es a través de la entropía. Considere un diagrama de persistencias $PD = \{\mathbf{H}_q\}$ con la colección de grupos de homología $\mathbf{H}_q = \{(b_1, d_1), \dots, (b_N, d_N)\}$ de dimensión $q = 0, \dots, k$, dotado con $N = 1, 2, \dots$ clases (números de Betti). El código de barras $B(\mathbf{H}_q) = \{\ell_1, \dots, \ell_N\}$ es la colección de persistencias $\{\ell_j\}$ ($1 \leq j \leq N$) de tal grupo de homología en el diagrama de persistencia. Así, la heterogeneidad del código de barras es cuantificada en términos de la entropía de persistencia introducida por Rucco y Colaborados en el 2014 como una extensión de la entropía de Shannon en el contexto de homología persistente definida como [45, 74]:

$$PE = - \sum_{j=1}^N p(\ell_j) \log[p(\ell_j)], \quad (2.1)$$

donde $p(\ell_j) = \ell_j / L$, y $L = \sum_{j=1}^N \ell_j$. La Ecuación 2.1 mide la heterogeneidad promedio del diagrama de persistencia en cuestión, al cuantificar la contribución de incertidumbre generada por las j -ésima persistencia del código de barras asociado.

2.3. Antecedentes: Aplicaciones del Análisis Topológico de Datos

Existe en la literatura una variedad de estrategias (adaptadas según sea el caso de uso) para extraer la información de la estructura geométrica de una nube de puntos a partir de los diagramas de persistencia generados, algunas de estas estrategias aplican técnicas estadísticas para establecer conjuntos de confianza en cierto tipo de diagramas de persistencia (véase [75]), otras basadas en distancia entre dos grupos de homología (fijando uno de estos como referencia) \mathbf{H}_q de dimensión q usando por ejemplo distancias de Wasserstein (véase [40]), distancia de cuello de botella ([35]), entre otras herramientas (véase adicionalmente [76, 77, 50] para una revisión más amplia), a fin de cuantificar la información contenida en los diagramas de persistencia. El desarrollo de estas herramientas, que constituyen el marco estadístico cuantitativo de homología persistente, ha posibilitado su uso en diferentes contextos. A continuación, describiremos brevemente algunos de los trabajos que se han desarrollado respecto al uso de homología persistente en el estudio de sistemas complejos de dinámica no lineal, incluyendo aproximaciones en el estudio del fenómeno de sincronización en sistemas dinámicos relevantes para este trabajo.

El trabajo pionero de Edelsbrunner y colaboradores en homología persistente publicado en 2002 [36] marcó el inicio del uso de la topología algebraica en el análisis de datos de alta dimensionalidad, que junto con los importantes aportes de los trabajos realizados por Zomordian y Carlsson en 2004 [37], Bubenik y Kim en 2007 [70], Edelsbrunner y Harer en 2008 [39], Ghrist en 2008 [78], Epstein y colaboradores en 2011 [79], Edelsbrunner y Morozov en 2013 [40], Perea y Harer en 2013 [80], entre otros, contribuyeron en la construcción las bases de este campo, mismo que sigue en desarrollo desde el punto de vista de aplicación a series de tiempo con contribuciones importantes como las presentadas en los trabajos de Athé y colaboradores en 2019 [77], Atienza y colaboradores en 2020 [81], Ravishanker y Chen en 2021 [69], entre otros mencionados en lo que va de este escrito, fortaleciendo desde diferentes disciplinas el análisis topológico de datos con herramientas y perspectivas que posibilitan su uso en diferentes contextos.

La homología persistente se ha consolidado como la herramienta más versátil del análisis topológico de datos, toda vez que ha mostrado ser capaz de revelar información no trivial de algunos sistemas dinámicos que exhiben comportamiento complejo, característica que ha posibilitado su uso en una variedad de áreas. A continuación presentamos un (corta) revisión de trabajos en este campo. Perea y Harer en 2013 [80] por ejemplo usaron homología persistente para analizar periodicidades en la expresión de genes, para lo cual propusieron un método basado en ventaneos deslizantes denominado SW1PerS que permite identificar periodicidades en una gran variedad de series de tiempo.

Maletić, Zhao y Rajković en 2016 [82] usaron homología persistente para analizar diferentes sistemas dinámicos tales como mapa logístico, Lorenz y Rössler, describiendo algunas de sus propiedades bajo condiciones establecidas. Algunos de estos sistemas también fueron estudiados por Garland y colaboradores en 2016 [83].

Stolz y colaboradores en 2017 [58] usaron homología persistente para analizar cambios en los patrones de sincronización (temporal) usando osciladores de Kuramoto acoplados y redes de imágenes de resonancia magnética funcional obtenida de datos registrados de

sujetos realizando tareas motoras de aprendizaje para analizar fluctuaciones estructurales de la conectividad funcional en el cerebro. Los autores sostienen que la posición (aparición) de los grupos de homología en la filtración puede representar un rol más importante que las persistencias en la interpretación de las características topológicas del conjunto de datos. Así mismo, reportan la posibilidad de detectar patrones de cambios en los patrones temporales de sincronización en los datos, reportando además que para casos particulares, las características persistentes parecen estar relacionadas a la red a través de sincronización débil intra comunidades.

Chung y colaboradores en 2020 [50] usaron homología persistente para clasificar estados de vigilia y sueño a través del análisis de la variabilidad del ritmo cardiaco a través de estadísticas extraídas de diagramas de persistencia. Los autores sostienen que el uso de homología persistente es más efectivo en la clasificación de los estados de vigilia y sueño que los reportados en la literatura.

Lombardi y colaboradores en 2020 [52] evaluaron la sincronización funcional en el espacio fase de series de tiempo registrados en imágenes de resonancia magnética funcional en estado de reposo para descubrir macroescalas de organización del cerebro así como los nodos más importantes en la red, reportando que la organización topológica de la sincronización temporal basada en la conectividad de la red muestra una organización modular más fina de la que se identifica con métricas convencionales tales como el coeficiente de correlación de Pearson y la coherencia espectral.

Bois y colaboradores en 2022 [51] aplicaron análisis topológico de datos para analizar series de tiempo de marcha para estudiar la esclerosis múltiple. Sus hallazgos sostienen que es posible estimar la severidad y la evolución de la enfermedad.

Dunton en 2016[60], como parte del desarrollo de su trabajo doctoral analizó redes de osciladores de Kuramoto acoplados a través de sus fases para identificar patrones de agrupamiento (clusters) como función de la evolución temporal del acoplamiento, encontrando que es posible identificar regiones con acoplamiento particular que se agrupan conforme avanza el tiempo.

En el contexto de redes, Horak, Maletić y Rajković [84] estudiaron redes aleatoria, Erdős-Rényi y Scale-Free usaron homología persistente para analizar algunas de sus características, sugiriendo que la construcción de complejos simpliciales sobre grafos de redes complejas es una configuración para analizar atributos topológicos de forma cualitativa.

Donato y colaboradores en 2016 [53] analizaron transiciones de fase el modelo de campo medio y el modelo de cuadrícula ϕ^4 . Los autores reportan que para ambos modelos que para cierto subcolector en la configuración del espacio, tanto las transiciones de fase como las características topológicas son completamente conocidas, lo cual supone la homología persistente es capaz de recuperar información de la dinámica de los colectores.

Myers y colaboradores en 2019 [85] usaron homología persistente para estudiar series de tiempo representadas como grafos construidos con criterio de vecinos cercanos, mostrando su utilidad para distinguir estados periódicos y caóticos de sistemas simulados con dinámica tipo Rössler.

Aktas y colaboradores (2019) [86] ofrecen una revisión del contexto general de análisis de redes usando homología persistente. El lector puede consultar sobre aplicaciones en distintos campos pueden en los trabajos [87, 88, 33, 89, 90, 38, 91, 43, 66, 92, 39, 36, 42], por mencionar algunos.

Capítulo 3

SINCRONIZACIÓN

3.1. Contexto Histórico

En la Sección 1.1 presentamos una descripción resumida del fenómeno de sincronización en un panorama general, conectando tales generalidades con el contexto de redes complejas y su importancia para estudiar la dinámica colectiva en sistemas complejos, mencionando el modelo de Kuramoto como caso de interés. En este Capítulo ampliamos este panorama, particularizando nuestro enfoque en cómo se ha desarrollado el estudio de este fenómeno en conjuntos de osciladores acoplados arreglados en red, gobernados por dinámicas de tipo Kuramoto y Rössler, siendo estas las dinámicas estudiadas en este trabajo.

La palabra sincronización tiene sus orígenes etimológicos en el griego $\sigma\bar{\nu}\gamma \chi\rho\omega\nu\zeta$, lo cual significa “compartir tiempo en común”, que adaptado a una traducción de las palabras *Syn* (*lo mismo*) y *Chronos* (*tiempo*) puede interpretarse como “cosas” (procesos) que ocurren al mismo tiempo. Se trata de un fenómeno que emerge de manera espontánea como resultado de la dinámica colectiva entre dos o más sistemas cuando estos intercambian información de su evolución temporal.

Los primeros reportes documentados del fenómeno de sincronización se remontan al siglo XVII con las investigaciones del suizo Christian Huygens, quien al poner dos relojes de péndulo oscilantes, sostenidos por un soporte común, observó que al cabo de aproximadamente una hora, los péndulos oscilaban a la misma frecuencia (misma cantidad de oscilaciones por unidad de tiempo) y en fase [93]. Este fenómeno atrajo de tal forma la atención, que se desarrollaron numerosos experimentos para develar el mecanismo responsable de tal dinámica de sincronización (véase por ejemplo [94] para una revisión ampliada). Sin embargo, desde tiempos remotos, la sincronización ha sido objeto de investigación en la evolución temporal de sistemas dinámicos, como lo describe Blekhman en una colección de ejemplos clásicos que van desde el destello luciérnagas, el canto unísono o silencio absoluto automodulado en algunos organismos, entre otros [95].

Desde una perspectiva histórica, la sincronización fue concebida como un fenómeno que podía provocar comportamientos tanto exóticos y de belleza en la naturaleza, como “extraños” en sistemas hechos por personas (a menudo referidos en la literatura como “sistemas artificiales”), como es el caso de la sincronización de péndulos, algunas máquinas, etc. Más allá de tales características que resultan en eventos fascinantes, este fenómeno despertó

interés en investigadores de diversas disciplinas dedicadas al estudio de sistemas complejos de dinámica no lineal, puesto que es puede proporcionar información indispensable para entender su evolución temporal colectiva [23].

En el contexto de sistemas dinámicos, particularmente referido al campo de sistemas caóticos (sistemas dinámicos cuya evolución temporal es altamente sensible a sus condiciones iniciales y donde pueden coexistir la aleatoriedad y la auto-organización), se ha descrito diversos tipos de estados de sincronización, incluyendo sincronización completa o idéntica, que consiste en un traslape cuasi perfecto en la trayectoria de dos o más (señales)sistemas y que se mantiene sobre el tiempo [96, 97]; sincronización parcial, que ocurre cuando un grupo de elementos (variables) de un sistema se sincronizan con el correspondiente grupo de elementos en otro(s) sistema(s) [98]; sincronización generalizada, que emerge cuando cuando se asocian dos (o más) sistemas completamente distintos a través de una función que asocia los resultados de ambos [99]; sincronización de fase y sincronización de lag, donde los elementos del sistema se sincronizan a través de sus fase y/o con un retardo temporal (lag o delay) de simultaneidad [29, 100], por mencionar algunos de relevancia para este trabajo, el lector puede consultar las referencias [7, 30, 31, 32] para una revisión exhaustiva de varios tipos de sincronización, incluyendo los ya mencionados.

3.2. Sincronización en Redes Complejas

En las últimas dos décadas, el estudio de sincronización se ha enfocado en caracterizar sistemas complejos de dinámica no lineal representados como redes puesto que ofrecen una aproximación natural para entender la dinámica colectiva de tales sistemas ([101, 102, 103]), en el sentido de analizar la forma en cómo interactúan los elementos del sistema, así como los mecanismos responsables de la emergencia de sincronización. Arenas y colaboradores [26] ofrecen una extensiva revisión de redes de osciladores acoplados, incluyendo el modelo de Kuramoto, así como varios ejemplos de aplicabilidad en campos como la biología, neurociencia, ingeniería, ciencias computacionales, economía y ciencias sociales, donde el análisis de estructuras locales en la conectividad de la red, tales como los esfuerzos hechos por Gómez-Gardeñes, Moreno y Arenas ([104]), ha cobrado importancia, toda vez que tienen el potencial de revelar información a nivel local del estado del sistema, ofreciendo la posibilidad de anticipar su comportamiento comparado con la información obtenida analizando la red completa.

En tal sentido, el enfoque de estudio del fenómeno de sincronización en redes complejas ha girado entorno a sistemas simulados en los cuales es posible controlar el “mecanismo” responsable de la sincronización. La idea principal consiste en considerar un conjunto de osciladores acoplados configurados como una red y establecer la conectividad de acuerdo con algún algoritmo de generación de grafos. Así, los osciladores emulan los componentes del sistema y representan los nodos de la red, mientras que los enlaces simbolizan una característica compartida entre tales elementos. En los casos reales, los enlaces son definidos con base en una relación funcional entre los nodos. Teniendo la estructura de conectividad de la red, se elige la dinámica que seguirán los nodos, donde es posible controlar la intensidad con la que los nodos se “transmite” información a través de un parámetro de acoplamiento, que permite la emergencia de sincronización. Esta dinámica convencio-

nalmente es un modelo matemático que emula el comportamiento de un proceso físico, biológico, social, ingenieril, etc., cuyas propiedades están bien caracterizadas. Conociendo de antemano la estructura de conectividad de la red y los estados de sincronización que emergerán al variar el parámetro de acoplamiento, la tarea siguiente es caracterizar cuantitativamente los estados de sincronización a través de alguna métrica. Uno de los modelos que por sus características de adaptabilidad, tractabilidad matemática y practicidad ha sido extensivamente para simular este tipo de procesos es el modelo de Kuramoto [28] (los detalles de este modelo son presentados en la Sección 3.3). Así mismo, aunque con una mayor dimensionalidad, gracias a la posibilidad de reproducir experimentalmente su dinámica usando circuitos electrónicos, el modelo de Rössler [105] también se ha convertido en una herramienta para estudiar el fenómeno de sincronización en redes de osciladores acoplados.

En esta dirección, el grupo de trabajo de Javier Buldú y colaboradores (véase detalles de este grupo en el enlace: <https://gestion2.urjc.es/pdi/grupos-investigacion/scff>. Fecha de último acceso: 14/05/2025), en conjunto con el grupo de trabajo de Sevilla-Escobosa y colaboradores del Centro Universitario de los Lagos de la Universidad de Guadalajara, México, han generado varios conjuntos de datos experimentales a partir de configuración de circuitos eléctricos con dinámica tipo Rössler operando en régimen caótico, destinados a evaluar sincronización en sistemas dinámicos y probar estrategias de inferencia de conectividad de redes (véase por ejemplo los conjuntos de datos reportados en las referencias [106, 107]).

En cuanto la primer destinación de estos datos (evaluar sincronización en sistemas dinámicos), en este trabajo usaremos uno de estos conjuntos de datos, los cuales describiremos en la Sección 4.2.2. En cuanto a la segunda destinación (probar estrategias de inferencia de conectividad de redes), igual de laboriosa que importante, tiene por objetivo descubrir y reconstruir las interacciones que tienen los elementos de un sistema configurado como una red, dependiendo de su estado de sincronización. En este empeño, trabajos como el realizado por Forero-Ortiz, Tirabassi, Masoller y Pons ([108]), quienes estudiaron la posibilidad de inferir la estructura de conectividad de un conjunto de osciladores de Kuramoto y de Rössler acoplados arreglados como una red empleando filtros de Kalman; otro trabajo en este campo corresponde al realizado por Almendral, Leyva y Sendiña-Nadal ([109]), quienes usaron métodos de transición ordinal para inferir la estructura de conectividad global en redes de osciladores caóticos de Rössler, obteniendo resultados prometedores en esta tarea; así como el trabajo desarrollado por Aristides, Cerdeira, Masoller y Tirabassi ([110]), quienes indagaron respecto de la posibilidad de predecir la estructura de conectividad de redes de osciladores de Kuramoto acoplados, así como un conjunto de datos experimentales correspondiente a circuitos electrónicos gobernados por una dinámica caótica tipo Rössler, logrando inferir la conectividad de tales redes a partir de observar una única variable del sistema.

Nuestra propuesta para caracterizar diferentes estados de sincronización consiste en estudiar las propiedades topológicas de grupos de estructuras de conectividad local formadas por nodos adyacentes entre sí en una red compleja. Las características de tractabilidad matemática y adaptabilidad práctica del modelo de Kuramoto prevalecieron en la elección de modelo teórico adecuado para tales fines. Por tanto, a continuación definimos formalmente este modelo.

3.3. El Modelo de Kuramoto

Para analizar el fenómeno de sincronización de una maneratractable, Kuramoto [28] ([32] ofrecen una discusión ampliada de este modelo) consideró una población dotada de N osciladores de fase de ciclo límite acoplados, donde la evolución temporal de la fase $\dot{\theta}_j(t)$ del j -ésimo oscilador al tiempo t es conducida por su frecuencia natural ω_j elegida a partir de una densidad de probabilidad $g(\omega)$, y la retroalimentación de las fases resultante de la interacción con el resto osciladores en el tiempo anterior, modulada por el parámetro de acoplamiento λ , que representa la “fuerza” de interacción o la intensidad con la que los osciladores retroalimentan sus fases en todo el sistema, esto es:

$$\dot{\theta}_j(t) = \omega_j + \frac{\lambda}{N} \sum_{l=1}^N \sin(\theta_j(t) - \theta_l(t)). \quad (3.1)$$

La expresión de la Ecuación 3.1 describe la evolución temporal de las fases de osciladores acoplados. Tal formulación considera una configuración de conectividad en la cual cada oscilador interactúa con el resto de osciladores (a este tipo de conectividad de red se le conoce como “all-to-all connected”). Sin embargo, cuando se trata con casos reales, es de esperarse que los sistemas representados como red no necesariamente sigan este tipo de patrones de conectividad, donde no todos los nodos son adyacentes entre sí. Ello implica ajustar la Ecuación 3.1 para en el contexto de redes complejas, transformándose en la expresión de la Ecuación 3.2 [111]:

$$\dot{\theta}_j(t) = \omega_j + \frac{\lambda}{N} \sum_{l=1}^N A_{j,l} \sin(\theta_j(t) - \theta_l(t)), \quad (3.2)$$

donde A es la *matriz de adyacencia*, un arreglo simétrico de dimensiones $N \times N$, que representa la estructura de conectividad de la red, en la que $A_{j,l} = 1$ si los osciladores j y l son adyacentes, es decir, hay un enlace entre ellos, y $A_{j,l} = 0$ si j y l no son adyacentes.

En su trabajo inicial, Kuramoto consideró la función de distribución de frecuencias naturales $g(\omega)$ de tipo unimodal y simétrica ($g(\omega) = g(-\omega)$), centrada en $\omega = \bar{\omega} = 0$, propiciando las simplificaciones que hacen funcional el modelo de la Ecuación 3.2 de una forma más realista en el sentido en que se asemeja a la conectividad real de algunos sistemas reales que pueden ser representados como una red compleja para estudiarlo.

La Figura 3.1 muestra una representación a modo ilustrativo del modelo de Kuramoto considerando una población de $N = 5$ osciladores. La red es conectada, es decir, no existen nodos isolados y para efectos prácticos consideramos una red no dirigida, no pesada y sin auto enlaces, en la que la intensidad de interacción o de propagación de información es controlada por el parámetro de acoplamiento λ . Las series de tiempo generadas en del tiempo cero al tiempo t corresponden a las fases del osciladores, obtenidas mediante simulaciones numéricas que emulan la evolución temporal del sistema, cuyos detalles computacionales se presentan en la Sección 4.2.1.

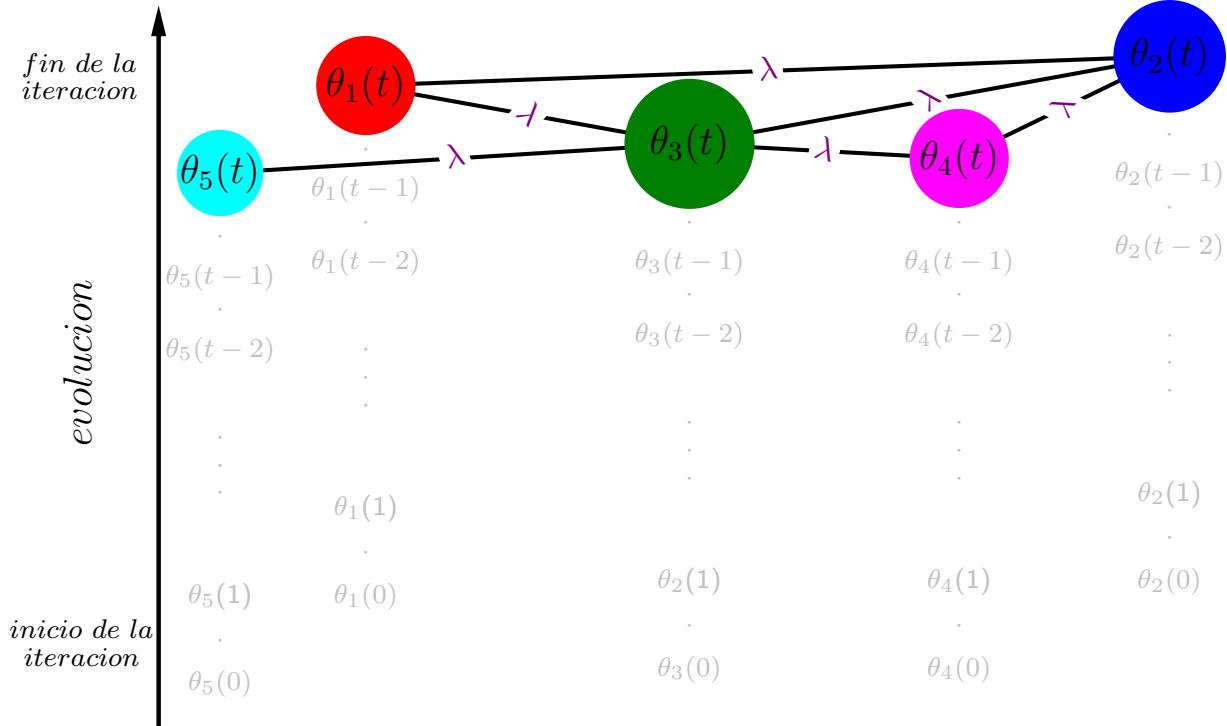


Figura 3.1: Ilustración de una red de osciladores tipo Kuramoto. Los círculos simbolizan los osciladores (nodos), representando los elementos del sistema en la red. La serie de tiempo asociada a cada oscilador corresponde a la fase (señal) θ_j registrada desde la iteración inicial ($\theta_j(0)$), hasta la iteración final ($\theta_j(t)$), emulando la evolución temporal del sistema cuyos nodos se retroalimenta con la misma intensidad λ .

3.4. Cuantificación de Sincronización

En esta Sección describimos dos métricas existentes en la literatura (el parámetro de orden y el phase locking value) convencionalmente usados para cuantificar sincronización, e introducimos la métrica propuesta en este trabajo para cuantificar este fenómeno en redes de Kuramoto usando homología persistente.

3.4.1. Parámetro de Orden

En la formulación de su modelo, Kuramoto proporcionó una medida para cuantificar el grado de sincronización global entre la población de osciladores en cierto instante de tiempo t para una intensidad de acoplamiento λ dada, conocido como el *parámetro de orden*, R , calculado de acuerdo con la siguiente expresión [28]:

$$Re^{i\psi(t)} = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N e^{i\theta_j(t)}, \quad (3.3)$$

cuya propiedad de mayor interés es que puede interpretarse como el centroide de un conjunto de N puntos (osciladores) con la forma $e^{i\theta_j(t)}$ (en esta expresión así como en la Ecuación

3.3 i simboliza la notación de número complejo) distribuidos en un círculo unitario en el plano complejo, es decir, una representación geométrica del sistema. En la Figura 3.2 se esquematiza de manera ilustrativa esta propiedad para las fases de cinco osciladores $\theta_1, \theta_2, \theta_3, \theta_4$, y θ_5 . Cuando el acoplamiento sea cero ($\lambda = 0.0$), las fases estarán distribuidas de manera uniforme en el perímetro del círculo en el intervalo $[0, 2\pi]$ (Figura 3.2[a]) y R tomará valores cercanos a cero ($R \approx 0$), significando asincronía entre los osciladores, mientras que cuando el conjunto de puntos se encuentren próximos entre sí, rotando en alguna región del perímetro del círculo y formando un clúster con fase cercana a la fase promedio ψ , lo cual ocurre cuando la fase de cada oscilador es quasi igual a la fase promedio del conjunto de osciladores (esto es, $\theta_j \approx \psi \forall 1 \leq j \leq N$), como se ilustra en la Figura 3.2[b], entonces R tomará valores cercanos a uno ($R \approx 1$), significando sincronía (en términos de sus fases) de los osciladores.

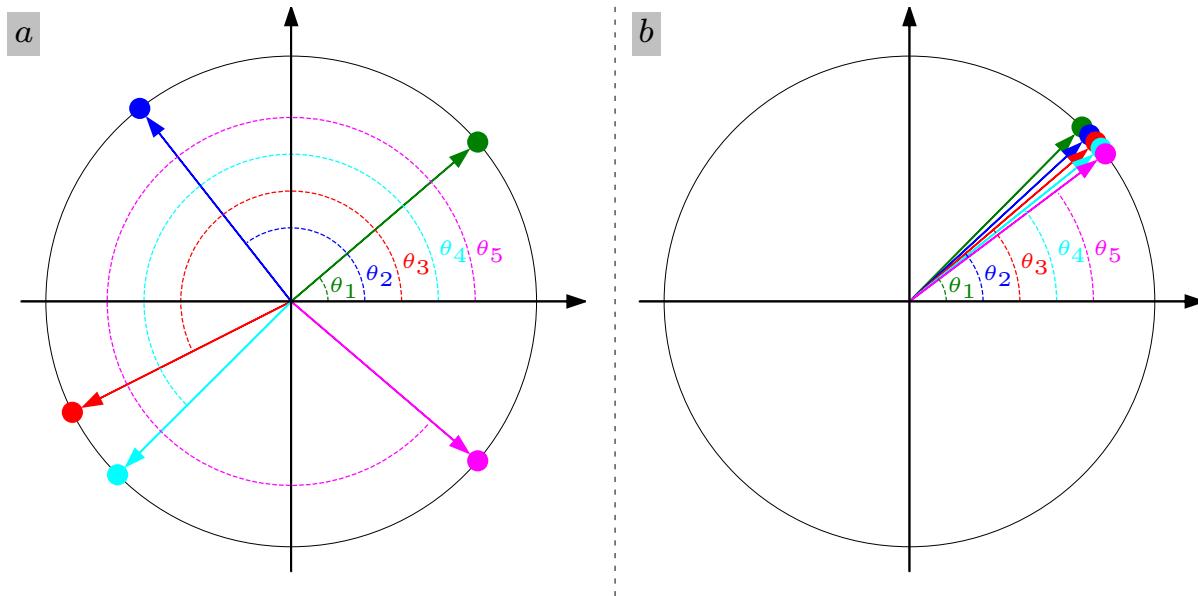


Figura 3.2: Ilustración de sincronización en osciladores de Kuramoto. El panel [a] ilustra el caso de estado asincrono o incoherente de los osciladores representados como los puntos ubicados sobre el círculo, cuyas fases (representadas como arcos con líneas punteadas que finalizan a intersección con la flecha correspondiente) están aleatoriamente dispersas sobre el perímetro del círculo. En el panel [b] se ilustra el estado sincronizado, para el cual las fases de los osciladores se concentran en una región del perímetro del círculo. Tal región corresponde a la fase promedio o basal del sistema.

Bajo estas condiciones es posible calcular un valor de fuerza de acoplamiento crítico, λ_c a partir del cual se espera comience a haber sincronización de todos los osciladores considerados en el sistema, de acuerdo con la siguiente expresión [28, 32, 112, 113]:

$$\lambda_c = \frac{2}{\pi g(0)} \quad (3.4)$$

En resumen, la Ecuación 3.2 describe la evolución temporal de las fases de un conjunto de osciladores acoplados configurados como una red compleja, cuya conectividad

no necesariamente es “all-to-all”, en la que la fuerza de acoplamiento es modulada por el parámetro de acoplamiento λ . En tal configuración. Si el parámetro de acoplamiento, λ , es mayor que el valor de acoplamiento crítico, λ_c (Ecuación 3.4), es decir, $\lambda \geq \lambda_c$, la fase de los osciladores en la red se sincronizará; mientras a valores de acoplamiento menores que el valor crítico ($\lambda < \lambda_c$), la fase de los osciladores en la red se mantendrá incoherente. El “nivel” de sincronización en este modelo se mide con el parámetro de orden, R (Ecuación 3.3). Si $R \approx 0$, la red está en estado incoherente, si $R \approx 1$, la red está en estado síncrono. Este modelo, aunque sencillo, resulta de gran utilidad por su tractabilidad, y ha posibilitado el estudio de diversos sistemas con dinámica distinta en diferentes disciplinas, cuyas características lo convierten en un modelo adecuado para estudiar el fenómeno de sincronización desde la perspectiva que se aborda en esta tesis.

3.4.2. Phase Locking Value

El phase locking value (*PLV*) mide las diferencias de fase promedio entre dos señales cualesquiera $x(t)$, $y(t)$. Esta métrica fue formulada por Lachaux y colaboradores en 1999 ([114]) para medir la variabilidad de diferencias de fase de señales cardíacas registradas a través de electrocardiogramas. En su formulación original, el *PLV* es calculado según la siguiente expresión:

$$PLV_t = \frac{1}{N} \left| \sum_{j=1}^N e^{i\phi(t,n)} \right|, \quad (3.5)$$

donde PLV_t es el phase locking value al tiempo t , $\phi(t,n) = \theta_x(t,n) - \theta_y(t,n)$ es la diferencia instantánea de fase al tiempo t entre las señales x e y , a la repetición n ($1 \leq n \leq N$).

En la práctica, para determinar las fases instantáneas de las señales se puede recurrir al concepto de la señal analítica $z(t)$, calculada como [30]:

$$z(t) = x(t) + i\tilde{x}(t) = A(t) \cdot e^{i\theta_x(t)}, \quad (3.6)$$

donde $x(t)$ es la señal, i es la notación de número complejo y $\tilde{x}(t)$ corresponde al conjugado de la transformada de Hilbert de $x(t)$. $z(t)$ es equivalente además al producto de la amplitud $A(t)$ de $x(t)$ con la exponencial de su fase $\theta_x(t)$. Así, para la señal $x(t)$ con una única realización al tiempo t , la fase instantánea es calculada así [30, 115]:

$$\theta_x(t) = \arctan \left(\frac{\text{Im}\{z(t)\}}{\text{Re}\{z(t)\}} \right) = \arctan \left(\frac{\tilde{x}(t)}{x(t)} \right). \quad (3.7)$$

Por defecto $\theta(t)$ en la Ecuación 3.7 varía en el intervalo $-\pi \leq \theta(t) \leq \pi$. Sin embargo, en los algoritmos de librerías de Python como Numpy, la tangente inversa está implementada como la función `numpy.arctan2()` y arroja valores de las fases en el intervalo $0 \leq \theta(t) \leq 2\pi$. Usando de forma análoga la Ecuación 3.7 a $y(t)$, se puede calcular de forma fácil la diferencia de fase $\phi(t) = \theta_x(t) - \theta_y(t)$ y calcular el *PLV* de forma alternativa de acuerdo con la siguiente expresión:

$$PLV = \left\{ \left[\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \sin(\phi(t)) \right]^2 + \left[\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \cos(\phi(t)) \right]^2 \right\}^{1/2}, \quad (3.8)$$

La Ecuación 3.8 proporciona el *PLV* promedio de las señales analizadas.

3.4.3. Entropía de Persistencia Normalizada

Por una parte, del parámetro de orden R como cuantificador de la sincronización “*ad hoc*” para redes de Kuramoto, puede notarse que este será informativo cuando en el cálculo se involucren todos los nodos que conforman la red, y no necesariamente para analizar el estado de sincronización en grupos de nodos. De otro lado, nótese que el *PLV*, aunque también es una métrica basada en cuantificar sincronización en términos de las fases de la señal, este está limitado a interacciones a pares, así como métricas basadas en entropía tales como la información mutua [116] o la entropía cruzada de muestra [117], comúnmente usadas en sistemas complejos para estudiar el intercambio de información entre dos señales (sistemas). De tal manera que a partir de estas métricas no es posible analizar la sincronización en grupos de nodos adyacentes entre si en la conectividad. Por lo que fue necesario formular una métrica que superara estas limitaciones.

Las propiedades geométricas de un conjunto de datos al que se trata mediante homología persistente se encuentran codificadas en el diagrama de persistencia. El reto es extraer de manera cuantitativa dicha información, para describir el estado subyacente del sistema. Basados en los trabajos de Rucco y colaboradores [45], Chintakunta y colaboradores [74], y Myers y colaboradores [85], formulamos la métrica que hemos denominado entropía de persistencia normalizada, *NPE*, calculada como el cociente entre la entropía de persistencia y el acumulado de tiempos de vida del diagrama de persistencias de un grupo de homología, esto es:

$$NPE(\mathbf{H}_q) = PE(\mathbf{H}_q)/L(\mathbf{H}_q), \quad (3.9)$$

donde $PE(\mathbf{H}_q)$ es calculada de acuerdo con la Ecuación 2.1, y $L(\mathbf{H}_q) = \sum_j^N \ell_j(\mathbf{H}_q)$ es la suma de las persistencias de las clases del grupo de homología \mathbf{H}_q de dimensión p . La *NPE* mide la heterogeneidad promedio de las persistencias del grupo de homología al cuantificar la incertidumbre promedio de la colección de tiempos de vida de las clases de dicho grupo de homología, donde el denominador, $L(\mathbf{H}_q)$, puede interpretarse como una modulación geométrica respecto de la “forma” de la nube de puntos.

Dado que $PE = -\sum_j^N p(\ell_j) \log[p(\ell_j)]$, y $p(\ell_j) = \ell_j/L$, si la colección de persistencias $\{\ell_j\}$ son igualmente “probables” (en este contexto no se habla propiamente de probabilidad sino más bien de contribución de la persistencia ℓ_j al diagrama de persistencia), es decir, que todas las persistencias (tiempos de vida) son distintas, de manera que el diagrama de persistencias es completamente heterogéneo, entonces $p(\ell_j) = (L/n)/L = 1/n$, y $PE = -\sum_j^N (1/n) \log[(1/n)] = \log[n]$ es la máxima entropía.

Capítulo 4

METODOLOGÍA

Este Capítulo es dedicado a describir la metodología adoptada en este trabajo para el análisis de datos usando homología persistente como herramienta. La primer parte (Sección 4.1.1) es destinada a describir la estrategia de análisis en términos de configuración de las señales (series de tiempo) implementada para caracterizar los conjuntos de datos estudiados. La segunda parte (Sección 4.2) es dedicada a describir la forma como generamos series de tiempo mediante simulaciones numéricas y se describe el conjunto de datos experimentales objeto de análisis. Por último, en la Sección 3.4, se describen algunos cuantificadores de sincronización existentes en la literatura, así como la métrica propuesta para identificar y cuantificar este fenómeno.

4.1. Estrategia de Análisis

4.1.1. De Series de Tiempo a Nube de Puntos

La ventaja fundamental de la homología persistente es que permite procesar conjuntos de datos multidimensionales de alta complejidad. A fin de discernir un poco la sentencia anterior, piénsese por ejemplo cuando se mide la temperatura ambiental. Para ello, es necesario, registrar la medición de la observación, hecha con un termómetro por ejemplo. Adicionalmente, se requiere conocer la ubicación (coordenadas) del lugar donde se hace la observación, de tal suerte que la medición consta de la variable (temperatura) y las coordenadas (latitud, longitud y altitud), por lo que en realidad son necesarias cuatro dimensiones para registrar la medición. Ahora bien, suponga que se requiere medir en más de un sitio la variable de interés para analizar su comportamiento de forma simultánea en lugares distintos, es decir, se deben analizar múltiples series de tiempo para caracterizar el proceso. A esto hace referencia la multidimensionalidad del conjunto de datos. Tal aspecto no es un problema para la homología persistente, puesto que, a diferencia de la mayoría de estrategias de análisis de datos convencionales, su algoritmo de procesamiento no está limitado por la dimensión de los datos. Por otra parte, es de esperarse que la dinámica del proceso observado contenga no linealidades en su evolución temporal, siendo esto (aunque no única o necesariamente) a lo que se hace referencia con el término complejidad de los datos, y es ahí donde la característica invariante de los simples cobra importancia para estudiar sistemas conformados por múltiples elementos que evolucionan simultáneamente,

puesto que permiten combinar estrategias de cuantificación (como las basadas en entropía en el contexto de teoría de la información) para caracterizar el proceso. Estas son las razones principales por las que dedicamos este trabajo doctoral a caracterizar el fenómeno de sincronización usando homología persistente.

En la práctica, el uso de homología persistente requiere la configuración del conjunto de puntos objeto de análisis bajo alguna estructura, convencionalmente llamada nube de puntos. En el contexto de sistemas complejos, debe configurarse dicha nube de puntos de tal manera que los datos (registros) estructurados de esa forma asegure recuperar la configuración correcta del espacio del que son medidos tales registros, y que además corresponda a la dinámica “real” del proceso subyacente, de tal manera que al estudiar la estructura geométrica de la nube de puntos a través de homología persistente, pueda develarse información respecto del estado (incoherente o sincronizado, por ejemplo) en el que se encuentra el sistema.

Una de las técnicas aplicadas extensivamente para la configuración de nube de puntos de un sistema es a través de la reconstrucción de los vectores de su espacio fase. Esta idea fue asentada por Takens en 1981 ([41]) y ha sido exitosamente aplicada en diferentes áreas. A modo general, el espacio fase de un sistema representa la convergencia de dicho sistema alrededor todos los posibles estados que pudiera adoptar. Esto es, dada una serie de registros indexada temporalmente que captura las propiedades de un sistema, el espacio fase representa el conjunto de valores a los cuales tiende tal sistema conforme su dinámica avanza en el tiempo. Esta noción está relacionada con la existencia de atractores ([118, 119, 120]), es decir, un (o varios) centro(s) de referencia alrededor del cual se ubica el espacio fase de un sistema y que genera su “estructura geométrica”. En otras palabras, el espacio fase es la configuración sobre la cual el sistema adquiere una “forma”.

La estrategia de reconstrucción del espacio fase propuesta de Takens puede describirse de manera general como sigue: dada una serie de tiempo (una colección de registros) unidimensional $\{x(t)\} = x(1), x(2), \dots, x(t)$ del sistema X , que es observado durante cierto periodo de tiempo, obteniendo T observaciones ($1 \leq t \leq T$) con incremento temporal constante ($\Delta t = \text{constante}$), el vector de reconstrucción del espacio fase de X tiene la forma $\vec{x(t)} = x(t), x(t + \tau), \dots, x(t + (m - 1)\tau)$ ($\forall 1 \leq t \leq T - (d - 1)\tau$), donde m representa la dimensión del sistema, también llamada dimensión de embebido, es decir, el número de coordenadas que debe tener cada punto del sistema en cada vector del espacio fase, y τ es el delay o retardo temporal de no traslape entre un vector y otro que reconstruye el espacio fase. El sistema X es entonces configurado por el arreglo de dimensión $(T - (m - 1)\tau \times m)$ que puede representarse como:

$$X = \begin{bmatrix} x(1) & x(1 + \tau) & \cdots & x(1 + (m - 1)\tau) \\ x(2) & x(2 + \tau) & \cdots & x(2 + (m - 1)\tau) \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x(t) & x(t + \tau) & \cdots & x(t + (m - 1)\tau) \end{bmatrix} \quad (4.1)$$

Para la determinación de los parámetros m y τ se han propuesto e implementado varias metodologías. En el caso de la elección adecuada de la dimensión de embebido m se ha consolidado el método de falsos vecinos cercanos como uno de los más acertados ([121, 122, 123]); mientras que la determinación del retardo temporal τ se basa en estimación del

primer pico local de autocorrelación cuando se trata de series de tiempo unidimensionales ([124, 125]). Dado que gran parte de los procesos desarrollados en sistemas naturales contiene no linealidades, es conveniente estimar el retardo temporal a través de métricas que consideren este tipo de dinámicas, siendo la información mutua la métrica que ha mostrado ser de mayor utilidad ([126]). Esta estrategia está pensada para reconstruir el espacio fase de una señal, es decir, el conjunto de registros (serie de tiempo) de las observaciones del proceso de interés. Aunque formulada en principio al caso caso unidimensional, esta idea es fácilmente adaptable a señales multidimensionales teniendo en cuenta que si dos o más señales provienen de un mismo sistema, entonces estas tendrán el mismo orden de reconstrucción del espacio fase.

La reconstrucción del espacio fase en esencia tiene por objetivo dos aspectos relevantes. El primero es reconstruir la geometría del espacio en el que “vive” el sistema; y el segundo es recuperar la dinámica “real” de dicho sistema. Estos dos aspectos aseguran teóricamente la geometría y dinámica del estado en el que se encuentra el sistema. Ahora bien, estrategias de reconstrucción del espacio fase de acuerdo con lo descrito en el párrafo anterior, parten del supuesto de que la serie de tiempo (unidimensional o multidimensional) es registrada a partir de las observaciones que caracterizan el proceso a resolución temporal (el tiempo transcurrido de observación a observación) adecuada, suficiencia de observación (cantidad de observaciones), y quizá la asunción de mayor relevancia: que el proceso se haya observado en un espacio representativo del sistema estudiado y con las condiciones de frontera definidos.

Para poner esto último en perspectiva, considere por ejemplo que se requiere caracterizar la temperatura de un lugar. Uno podría pensar en inicialmente generar una cuadrícula uniforme (lo más fina posible, suponga por ejemplo cuadrículas de 100 metros de lado, que eventualmente se pudiera optimizar según las necesidades) en un área de tal superficie que abarque el lugar de interés, y emplazar sensores (estaciones de medición de la variable) en cada intersección de las “líneas” de la cuadrícula. Si se conoce la resolución temporal del proceso de interés, se establece tal resolución para la medición de la variable y el almacenamiento de cada observación, por ejemplo, si se desea caracterizar el comportamiento de la temperatura durante el día, podría pensarse en resoluciones desde 30 segundos hasta una hora, y medir durante varios años, de este modo, el valor medio en la resolución temporal elegida, para un día específico, tendrá suficientes datos para que sea representativo (nótese que cuanto más alta sea la resolución de medición, es posible recuperar comportamientos del proceso a mayor escala). Así, se analizaría hasta dónde llega (geográficamente hablando) algún tipo de “uniformidad” en el comportamiento de la variable y en dónde comienza a haber transición (es decir, la frontera) a condiciones distintas. De tal manera que la resolución de observación corresponden al “retardo” (“delay”, τ) real, el periodo de observación sería la cantidad de años que se observa se mide la variable, y el área geográfica representa el espacio en el que el sistema está embebido.

A partir del ejemplo anterior, es evidente que caracterizar un sistema no es una tarea trivial, de hecho, es la razón de que en la actualidad existan muchos frentes de investigación activos buscando maneras de hacerlo en las diferentes disciplinas y con diferentes herramientas, de tal suerte que sean adecuadas a los casos particulares, y que por supuesto, es una de las razones que motivan este trabajo. Concretamente, nos interesamos por caracterizar el fenómeno de sincronización, puesto que este codifica información indispensable

para describir el estado de un sistema en el que colectivamente intervienen varios elementos (subsistemas). Dadas las ventajas que ofrece la homología persistente en el sentido de analizar simultáneamente varias series de tiempo, nuestro razonamiento para abordar el problema es el siguiente: suponga un sistema complejo conformado por varios elementos, relacionados de tal manera que cada elemento tiene al menos una “conexión”, de modo que el sistema puede representarse como una red compleja, donde los nodos corresponden a los elementos del sistema y los enlaces simbolizan la característica que comparten. Dado que existen relaciones entre los elementos, que puede verse como un tipo de “comunicación local”, habrá una dinámica colectiva, y que a causa de dicha dinámica, emerja la sincronización. Es razonable pensar además que en grupos de elementos que están “enlazados” entre sí, se propague la “información” más “rápido”, comparado con la “rapidez” a la que ocurre en el resto de la red, así, estos elementos pueden ayudar a identificar etapas tempranas del estado de sincronización que tendrá la red.

Con base en lo anterior, nuestra estrategia de análisis consiste en generar series de tiempo de osciladores configurados como una red, controlando el estado de sincronización a través de un parámetro de acoplamiento, construir nubes de puntos bidimensionales y tridimensionales conformadas por las series de tiempo de pares y triadas de osciladores, respectivamente, y formular una métrica capaz de caracterizar el estado de sincronización de la red con base en las persistencias (tiempos de vida) de grupos de homología durante la filtración, recuperando la información generada a diferente resolución de filtración, por su puesto comparando los resultados obtenidos con las estrategias de cuantificación de sincronización convencionales existentes en la literatura. Ciertamente es una tarea, temporalmente hablando, ambiciosa para un proyecto doctoral. Por ello, en esta etapa nos concentraremos en estudiar conjuntos de datos generados a partir del modelo de Kuramoto, donde es posible controlar el estado de sincronización a través del parámetro de acoplamiento, probando nuestra aproximación sobre un conjunto de datos experimentales.

4.1.2. Análisis a Pares (Bidimensional)

La forma convencional de estudiar el estado de sincronización de una red cuyos nodos siguen cierta dinámica, es a pares, observando la evolución de la métrica que indica el estado del sistema (red) conforme varía el parámetro de acoplamiento que controla la sincronización. Adoptamos esta aproximación como punto de partida para estudiar la “influencia” que tienen nodos altamente conectados a nodos también altamente conectados, nodos poco conectados a primer vecino, y nodos a cierta distancia (en términos de la ruta con la distancia más corta o shortest path length en inglés) en la vecindad de la red. En tal sentido, en la primer etapa de este proyecto nos concentraremos en caracterizar el estado de sincronización de una red de osciladores acoplados estudiando el comportamiento entre pares de osciladores adyacentes (formando un enlace) y de la distancia de longitud de ruta más corta, abordando aspectos como la influencia del grado de los nodos y la distancia entre estos, respecto de la intensidad con la que se propaga la información en la red, modulada por el parámetro de acoplamiento. Para ello, suponga dos series de tiempo como las ilustradas en la Figura 4.1[a], que corresponden a la evolución temporal de dos nodos formando un enlace en una red de osciladores acoplados siguiendo cierta dinámica y en un estado sincronización definido por el parámetro de acoplamiento. La nube de

puntos es configurada según se ilustra en la Figura 4.1[b], a partir de la cual se calculan las persistencias (código de barras) de las clases de grupos de homología de dimensión cero (\mathbf{H}_0) y uno (\mathbf{H}_1) a partir de los cuales se calcula la métrica (la entropía de persistencia normalizada, NPE , que introduciremos formalmente en la sección 5.2.1) que cuantifica el estado de sincronización, como se representa en la Figura 4.1[c].

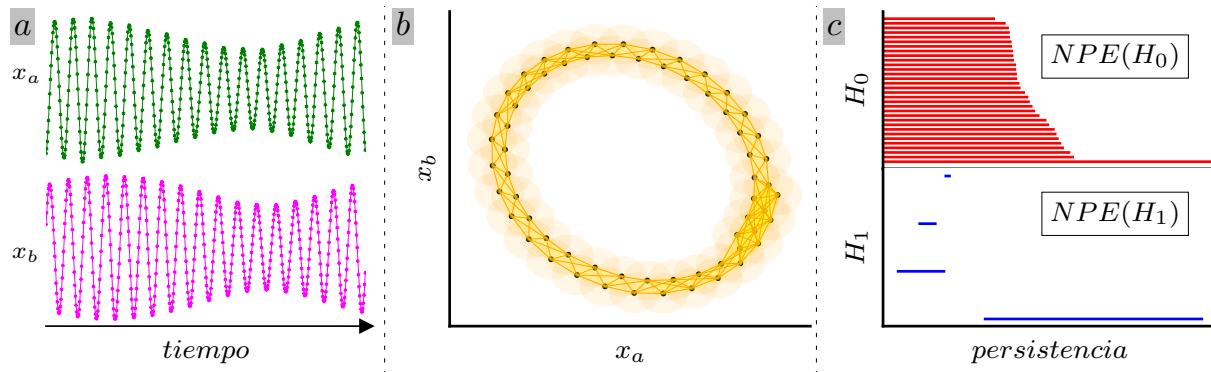


Figura 4.1: Ilustración de análisis a pares. Dadas las series de tiempo $x_a(t)$ y $x_b(t)$ ilustradas en [a], que representan la evolución temporal de los nodos de una red de osciladores acoplados, se configura la nube de puntos como $x_a(t)$ vs $x_b(t)$ y se construye el complejo que genera el código de barras con las persistencias las clases de los grupos de homología, ilustrados en [c] para dimensiones cero (\mathbf{H}_0) y uno (\mathbf{H}_1), con las cuales se cuantifica el estado de sincronización a través de la entropía de persistencia normalizada, NPE .

A continuación definimos formalmente la estrategia de construcción de nube de puntos para la aproximación de análisis a pares.

4.1.2.1. Nube de Puntos Bidimensional

Considere las series de tiempo $x_a(t)$ y $x_b(t)$ que corresponden a la evolución temporal de los osciladores x_a y x_b , respectivamente, que hacen parte del sistema (red) $X = \{x_a, \dots, x_N\}$ formada por N osciladores, la nube de puntos bidimensional se define como $PC(x_a, x_b) = \{(x_a(t), x_b(t))\}, \forall x_j : 1 \leq j \leq N$, y $1 \leq t \leq T$, donde T es el número de observaciones de cada nodo (oscilador) x_j , que corresponde a un arreglo bidimensional $(T \times 2)$ conformado por $x_a(t)$ y $x_b(t)$, de tal manera que la Ecuación 4.1 se convierte en:

$$PC = \begin{bmatrix} x_a(1) & x_b(1) \\ x_a(2) & x_b(2) \\ \vdots & \vdots \\ x_a(T) & x_b(T) \end{bmatrix} \quad (4.2)$$

A partir de la Ecuación 4.2 es posible analizar el fenómeno de sincronización a pares estudiando las propiedades geométricas de la nube de puntos generada por las series de tiempo de los nodos involucrados, usando homología persistente. Esta configuración de nube de puntos permitirá comparar nuestros resultados con métricas usadas convencionalmente en la literatura para estudiar sincronización.

4.1.3. Análisis a Triadas (Tridimensional)

En razón a la hipótesis de que grupos de nodos (más de dos) adyacentes entre sí intercambiarán información de forma más “rápida” comparado con la rapidez a la que lo harán con el resto de los nodos que no hacen parte de tales estructuras en la red, estudiamos el estado de sincronización de la red a triadas, donde la nube de puntos corresponde a un arreglo tridimensional conformado por las series de tiempo de los tres nodos. En este sentido, quizá la mayor novedad que proponemos incluyó estudiar el fenómeno de sincronización a triadas cerradas (triángulos) conformados por tres nodos adyacentes en la estructura de conectividad de la red (algunos trabajos recientes han encontrado utilidad estas nociones para caracterizar series de tiempo, véase por ejemplo [127, 128, 129]) y recuperando la información de formación y extinción de las clases de un grupo de homología. Para esta aproximación nos concentraremos únicamente en estudiar el estado de sincronización del sistema analizando grupos de homología de dimensión cero H_0 . La Figura 4.2 ilustra de manera general el procedimiento.

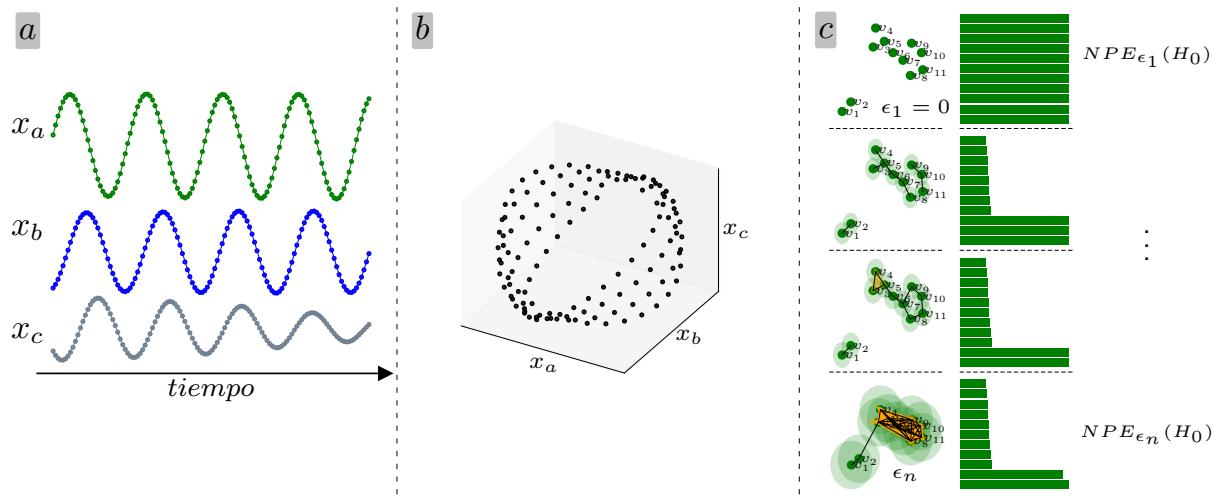


Figura 4.2: Ilustración de análisis a triadas. Dadas las series de tiempo $x_a(t)$, $x_b(t)$ y $x_c(t)$, asociadas a los osciladores x_a , x_b y x_c , respectivamente, como se ilustra en [a], configuramos la nube de puntos tridimensional según se muestra en [b]. A partir de la nube de puntos, se determina la distancia máxima r_{max} entre cualesquier dos puntos y se segmenta en n partes, de tal forma que $0.00 \leq \epsilon_l \leq r_{max}$ ($1 \leq l \leq n$). A continuación se filtra la nube de puntos a cada valor ϵ_l y se recupera el código de barras asociado, que contiene la información geométrica de la nube de puntos hasta tal valor de filtración.

4.1.3.1. Nube de Puntos Tridimensional

En nuestra aproximación de análisis a triadas, la nube de puntos se define formalmente así: suponga tres nodos x_a , x_b y x_c en una red de osciladores acoplados representando el sistema $X = \{x_a, \dots, x_N\}$ formada por N osciladores. Si existen los enlaces (x_a, x_b) , (x_a, x_c) y (x_b, x_c) en la conectividad red, es decir, x_a , x_b y x_c son adyacentes entre sí, entonces x_a , x_b y x_c forman un triángulo (una estructura de conectividad local, en la Figura

4.6[a] ilustramos los triángulos de la red resaltando en diferente color los enlaces y nodos que los conforman). Para este caso, la nube de puntos $PC(x_a, x_b, x_c) = \{(x_a(t), x_b(t), x_c(t))\}$ ($1 \leq t \leq T$) corresponde a un arreglo tridimensional de tamaño ($T \times 3$) conformado por las tres series de tiempo ($x_a(t)$, $x_b(t)$ y $x_c(t)$) que representan la evolución temporal de los respectivos nodos (osciladores) del sistema (red). Así, la Ecuación 4.1 adopta la forma:

$$PC = \begin{bmatrix} x_a(1) & x_b(1) & x_c(1) \\ x_a(2) & x_b(2) & x_c(2) \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ x_a(t) & x_b(t) & x_c(t) \end{bmatrix} \quad (4.3)$$

La configuración de la nube de puntos según la expresión de la Ecuación 4.3, permite no sólo estudiar triángulos, sino también tripletas (tres nodos que no son adyacentes entre sí) para comparar si realmente los triángulos son capaces de proporcionar información “privilegiada” comparado con analizar cualesquiera tres nodos aleatorios dentro de la red.

4.1.3.2. Resolución de Filtración

Comúnmente, para filtrar una nube de puntos se procede así: se calcula y ordena ascendentemente las distancia entre todos los puntos que la conforman, estas distancias son valores de filtración finitos; luego, tomando cada valor de distancia como longitud máxima de enlace, se construyen los simplejos que formarán el (sub)simplejo a ese valor de filtración, al incrementar la distancia, el nuevo (sub)complejo contiene los (sub)simplejos formados a menor distancia; finalmente, a cada valor de distancia se cuantifica las clases de los grupos de homologías que se extinguieron y nacieron. Es preciso mencionar que, aunque se tomen los valores de distancia entre los puntos de la nube de puntos como valores finitos de filtración, el parámetro de filtración (denotado convencionalmente como ϵ) por definición puede tomar valores $0 \leq \epsilon < \infty$.

Pese a que la información de la estructura geométrica de la nube de puntos está contenida en el diagrama de persistencia, por la naturaleza de las distancias con las que se efectúa la filtración, es difícil identificar a qué valor de distancia se generan cambios en el estado del sistema del que provienen los datos, de tal manera que el diagrama de persistencia global puede enmascarar información relevante para caracterizar tales cambios. Nuestra propuesta en este contexto, es recuperar la información que se genera a diferentes escalas de los datos variando el parámetro de filtración (conforme se ilustra en la Figura 4.2[c]), al segmentar la distancia máxima de enlace, digamos r_{max} en múltiples valores ϵ tal que $0.00 \leq \epsilon \leq r_{max}$.

Los algoritmos computacionales como el implementado en la librería [Gudhi](#) usada para generar los diagramas de persistencia en este trabajo, por defecto toman como distancia máxima de enlace la máxima distancia entre cualesquiera dos puntos de la nube de puntos. Dependiendo de la capacidad de cómputo (en este trabajo usamos una máquina de 16GB en RAM y 512GB en memoria del SSD para los cálculos), para conjuntos de datos pequeños, digamos $T \leq 2^9$, donde T es el número de puntos, esto no sería mayor problema. Sin embargo, cuando se debe analizar múltiples conjuntos de datos, con mayor cantidad de registros, los cálculos pueden demandar días o semanas, lo cual es una limitante para

explorar y probar el comportamiento de los datos bajo diferentes enfoques, además de consumir una gran cantidad de recursos en términos computacionales y de electricidad.

A fin de disminuir el costo computacional, seleccionamos adaptativamente la distancia máxima de enlace bajo la condición de garantizar que a tal valor el complejo simplicial sea un único componente conectado, para lo cual es suficiente verificar que una red cuyos nodos están enlazados bajo ese criterio sea conectada. En una nube de puntos, la distancia a la cual se genera el complejo simplicial formado por un único complejo no necesariamente es la distancia máxima entre cualesquiera dos puntos de la nube de puntos. Observe a modo ilustrativo presentado en la parte inferior de la Figura 4.2[c] que el complejo simplicial a la distancia máxima de enlace ϵ_n es un único componente conectado, al tiempo que es fácil notar que hay puntos que distan más que ϵ_n , sin embargo, la variación del complejo simplicial ya no genera información relevante en términos geométricos para tal nube de puntos. En tal sentido, y adicionalmente para efectos de comparación, se verificó esta condición y se unificó un valor de distancia máxima de enlace, r_{max} . En relación con el enmascaramiento de información por efectos de la filtración, para recuperar información a micro, meso y macro escalas, filtramos la nube de puntos a una distancia máxima de enlace ϵ tal que $0.00 \leq \epsilon \leq r_{max}$, y calculando la entropía de persistencia normalizada (*NPE*, los detalles de cómo se calcula se presentan en la Sección 5.2.1), a cada valor de longitud máxima de filtración ϵ . Para efectos de este trabajo, con base en lo antes descrito, se unificó $r_{max} = 0.150$, segmentándolo a incrementos $\Delta\epsilon$ de 10^{-3} , lo que correspondió a realizar 150 filtraciones para cada nube de puntos analizada.

En resumen, nuestra estrategia de análisis se basa caracterizar el estado de sincronización cuantificando cambios en la geometría de la nube de puntos (bidimensional o tridimensional) formada por las series de tiempo emulando la evolución temporal de un conjunto de nodos (dos o tres para el caso bidimensional y tridimensional, respectivamente) de una población de osciladores acoplados simulando elementos de un sistema representado como una red compleja. Cuando el parámetro de acoplamiento que controla la sincronización de la red cambie, cambiará la geometría de la nube de puntos.

4.2. Datos

Para aplicar la estrategia de análisis de datos propuesta, en este trabajo usamos datos conjuntos de datos. El primero corresponde a datos numéricamente a partir del modelo de Kuramoto, que por sus características teóricas resulta ser uno de los modelos más adecuados para analizar el fenómeno de sincronización en sistemas complejos arreglados como red. Por su parte, el segundo conjunto de datos corresponde a una base de datos generadas experimentalmente para fines de prueba de métricas en el contexto de sincronización. Ambos conjuntos de datos se describen a continuación.

4.2.1. Datos Generados con el Modelo de Kuramoto

Hasta ahora hemos descrito las bases teóricas para extraer información de la estructura geométrica de un conjunto de datos usando homología persistente. Ahora bien, dado que el objetivo global de este trabajo es caracterizar el fenómeno de sincronización en series

de tiempo provenientes de sistemas complejos a través de esta herramienta del análisis topológico de datos, a continuación describiremos las simulaciones realizadas en este trabajo usando el modelo de Kuramoto para generar las series de tiempo de los nodos configurados como una red compleja acoplada (usando varias estructuras de conectividad), a partir de las cuales se caracterizó la sincronización como función del parámetro de acoplamiento, analizando la estructura geométrica del complejo simplicial generado, cubriendo así nuestro primer objetivo particular.

Las simulaciones computacionales se efectuaron de acuerdo con la Ecuación 3.2 para un conjunto $X = \{x_1, \dots, x_N\}$ de $N = 30$ osciladores (nodos), donde $x_j = \cos(\theta_j)$ ($1 \leq j \leq N$). Para tales simulaciones, se efectuaron 10 repeticiones sobre tres (3) tipos de red: Erdős-Rényi (ilustrada la Figura 4.3[a], véase [8] para detalles teóricos) con grado promedio $\langle k \rangle = 3.2$, Scale-Free (ilustrada la Figura 4.3[b], véase [12] para mayor información) con un número de $E = 56$ enlaces, y una red Aleatoria con grado promedio de conectividad $\langle k \rangle = 2.7$, cuya conectividad no sigue algún patrón de adyacencia, pero en la que se asegura conexión de la red, como se ilustra en la Figura 4.3[c]. En los tres casos, los grafos asociados a cada tipo de conectividad fueron generados con los módulos `erdos_renyi_graph`, `scale_free_graph`, respectivamente, de la librería `NetworkX`, implementada en `Python`. Para estas redes, se consideró un intervalo de acoplamiento $0 \leq \lambda \leq 4.00$ con incrementos $\Delta\lambda = 10^{-2}$, seleccionando condiciones iniciales de frecuencias naturales de cada oscilador y para cada valor de acoplamiento de una distribución normal de media cero y desviación estándar de 0.20, es decir, $f(\omega) = \mathcal{N}(0.00, 0.20)$, en cada repetición realizada para cada tipo de red. Bajo estas condiciones, el acoplamiento crítico (véase Ecuación 3.4) promedio para las redes generadas ronda un valor $\lambda_c \approx 0.28$. La simulación numérica fue realizada para $1 \leq t \leq 2^{14}$ pasos temporales. Posteriormente, a fin de disminuir la densidad de datos manteniendo la dinámica subyacente al estado correspondiente, se muestreo las series de tiempo iniciales a los indices temporales en factor de 2^3 , generando las series de tiempo finales de longitud $T = 2^{11}$. Así, cada oscilador x_j , a cada valor de acoplamiento, consta de una serie de tiempo de $T = 2^{11}$ registros de su fase.

A fin de ilustrar la dinámica asociada a estos datos, en la Figura 4.4 se presenta la evolución temporal del coseno $x_j = \cos(\theta_j)$ de las fases θ_j asociadas a los osciladores $a = 3, b = 6$ y $c = 17$ para la red Erdős-Rényi (fila superior), $a = 1, b = 3$ y $c = 4$ para la red Scale-Free (fila central) y $a = 1, b = 2$ y $c = 3$ para la red Aleatoria (fila inferior) a valores de acoplamiento $\lambda = 0.00$ (columna de la izquierda), $\lambda = 0.25$ (columna de central) y $\lambda = 1.50$ (columna de la derecha), representando a con símbolos negros, b con símbolos azules y c con símbolos verdes, que forman un triángulo en la red.

Puede notarse de la Figura 4.4 que las redes en estado incoherente ($\lambda = 0.00$, paneles [a], [d] y [g], para Erdős-Rényi, Scale-Free y Aleatoria, respectivamente), la actividad de los osciladores ($\cos(\theta)$) es conducida de manera independiente de acuerdo con la frecuencia natural asociada a cada uno. Cuando inicia el acoplamiento ($\lambda = 0.25$), puede verse para las redes Erdős-Rényi (panel [b]) y Scale-Free (panel [e]), que la actividad de los nodos empieza evolucionar coordinadamente, sin embargo, la red Aleatoria (panel [h]) sigue en estado incoherente. El acoplamiento es alto ($\lambda = 1.50$), tanto para la red Erdős-Rényi (panel [c]) y Scale-Free (panel [f]), la actividad de los nodos es coordinada, mientras que para la red Aleatoria (panel [i]), sólo dos de los tres nodos están sincronizados.

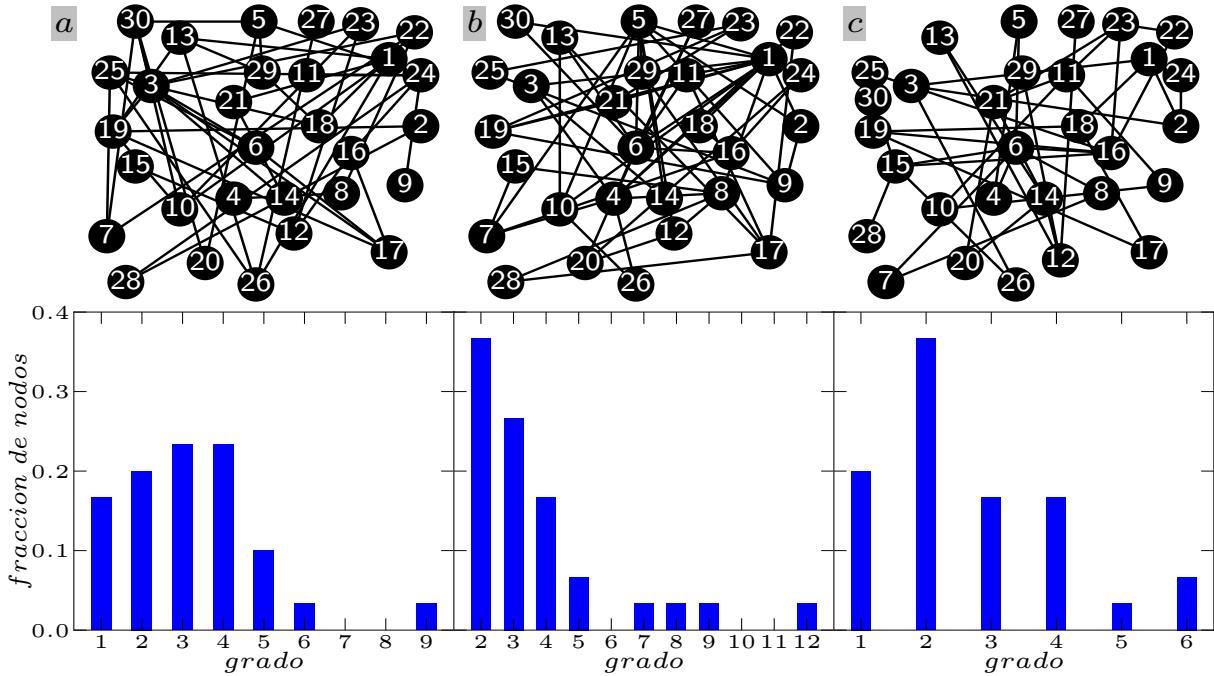


Figura 4.3: Representación gráfica de las redes simuladas. En la fila superior se representan las redes y en la fila inferior el histograma de frecuencia del grado de los nodos para Erdös-Rényi [a], Scale-Free [b] y Aleatoria [c], respectivamente.

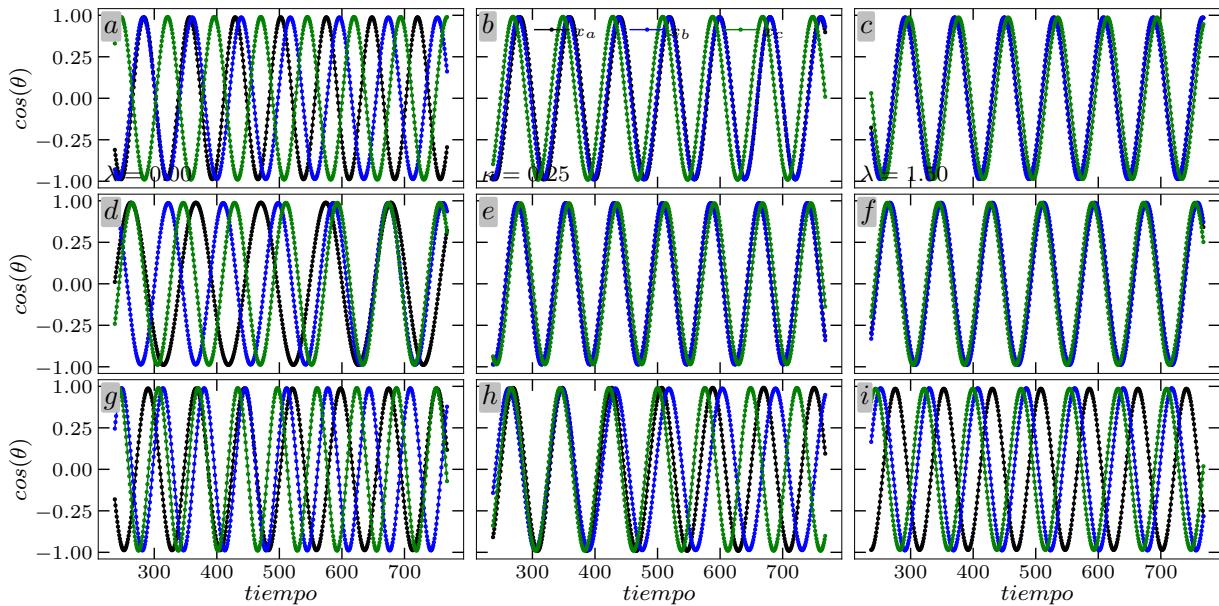


Figura 4.4: Evolución temporal de las redes simuladas. Se ejemplifica evolución temporal del coseno $x_j = \cos(\theta_j)$ de las fases θ_j de los osciladores $a = 3, b = 6$ y $c = 17$ para la red Erdös-Rényi ([a]-[c]), $a = 1, b = 3$ y $c = 4$ para la red Scale-Free ([d]-[f]) y $a = 1, b = 2$ y $c = 3$ para la red Aleatoria ([g]-[h]) a valores de acoplamiento $\lambda = 0.00$ ([a], [d] y [g]), $\lambda = 0.25$ ([b], [e] y [h]) y $\lambda = 1.50$ ([c], [f] y [i]).

A partir de la evolución temporal ilustrados en la Figura 4.4 es inferible que la actividad de los osciladores no es trivial, sugiriendo además que dependiendo de la configuración de conectividad global de la red, estos se comportan distinto en cuanto a sincronización se refiere. A fin de ponerlo en perspectiva de homología persistente, en el sentido de la estructura geométrica que generan los osciladores, la Figura 4.5 muestra la nube de puntos bidimensional (fila superior) y tridimensional (fila inferior) a valores de acoplamiento $\lambda = 0.00$ (columna de la izquierda), $\lambda = 0.25$ (columna de central) y $\lambda = 1.50$ (columna de la derecha), para la red Scale-Free como caso representativo de las redes simuladas.

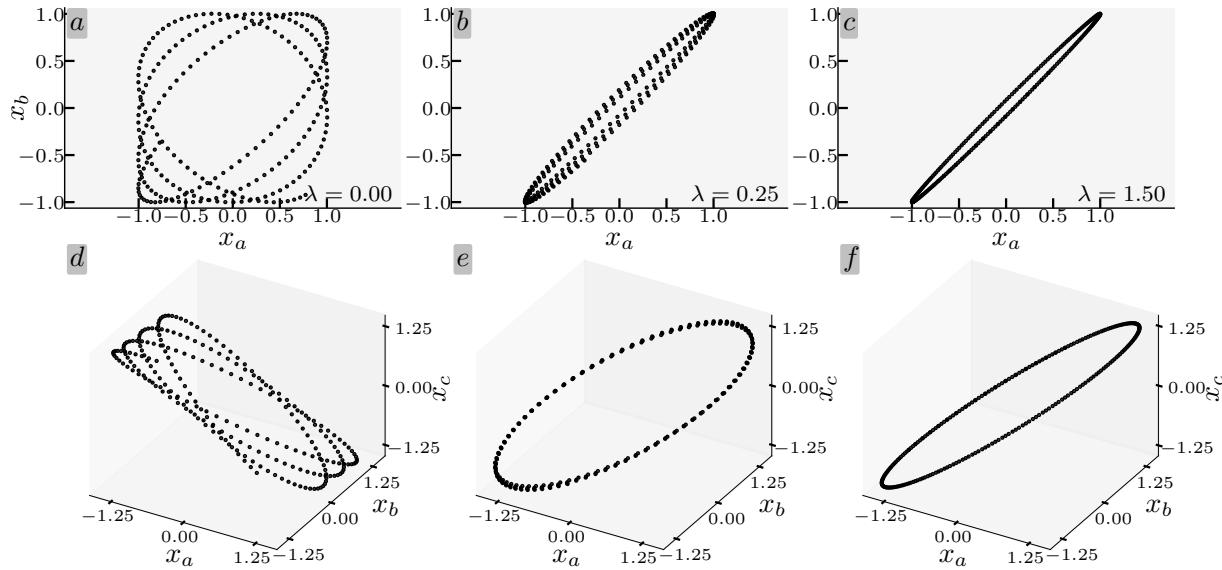


Figura 4.5: Nube de puntos de las series de tiempo simuladas. Se ejemplifica la nube de puntos bidimensional ([a]-[c]) y tridimensional ([d]-[f]) formadas las series de tiempo del coseno $x_j = \cos(\theta_j)$ de las fases θ_j de los osciladores $a = 1$, $b = 3$ y $c = 4$ que forman un triángulo para la red Scale-Free, como caso representativo de las redes simuladas a valores de acoplamiento $\lambda = 0.00$ ([a] y [d]), $\lambda = 0.25$ ([b] y [e]) y $\lambda = 1.50$ ([c] y [f]).

Puede notarse de la Figura 4.5 que la nube de puntos tridimensional (paneles [d]-[f]) que la estructura geométrica de la nube de puntos tiene una “forma” mejor definida comparado con el caso bidimensional (paneles [a]-[c]) en todos los estados de la red (incoherente, $\lambda = 0.00$; parcialmente sincronizado, $\lambda = 0.25$; y sincronizado, $\lambda = 1.50$), lo cual sugiere que la configuración a triadas (tridimensional), puede recuperar información adicional comparado con la configuración a pares (bidimensional).

4.2.2. Datos Experimentales de Circuitos Electrónicos Caóticos

El segundo conjunto de datos estudiado corresponde a los registros del experimento 1 realizado por Sevilla-Escoboza y Baldú en 2016 [107]. Los registros corresponden a voltajes de 28 circuitos electrónicos arreglados como una red ilustrada en la Figura 4.6[a], cuya dinámica sigue un sistema de ecuaciones de osciladores de Rössler, acoplados a través de la variable y , cuya sincronización es controlada por el parámetro de acoplamiento κ .

($0.00 \leq \kappa \leq 1.00$, con incrementos $\Delta\kappa = 10^{-2}$). Este conjunto de datos, para cada oscilador y a cada valor de acoplamiento contiene 3×10^4 registros. A fin de evitar efectos de borde, en este trabajo seleccionamos un segmento de 2^{11} registros, tomados entre los índices temporales 13296 y 16024, garantizando suficiencia de datos y representatividad de la dinámica.

A modo general, los nodos (osciladores) que conforman la red experimental (Figura 4.6[a]), tiene un máximo de interacciones (grado) de hasta siete conexiones (siendo este el caso del oscilador 2), las interacciones decrecen de manera lineal de tal suerte que en la red hay un oscilador con siete interacciones (enlaces), dos osciladores con seis interacciones, tres osciladores con cinco interacciones, cuatro osciladores con cuatro interacciones, cinco osciladores con tres interacciones, seis osciladores con dos interacciones y siete osciladores con 1 interacción como se ilustra en la Figura 4.6[b]. Esta configuración genera un entramado complejo en la red en cuanto al intercambio de información de un oscilador a otro, toda vez que existen osciladores periféricos (con una única interacción) que están influenciados a primer vecino por osciladores con múltiples interacciones, esto permite que los nodos con mayor cantidad de interacciones jueguen un rol de “moduladores” en la retroalimentación del acoplamiento en la red. Lo anterior implica que la distribución de grado de la red también presente decrementos lineales, tal como se aprecia en la Figura 4.6[c].

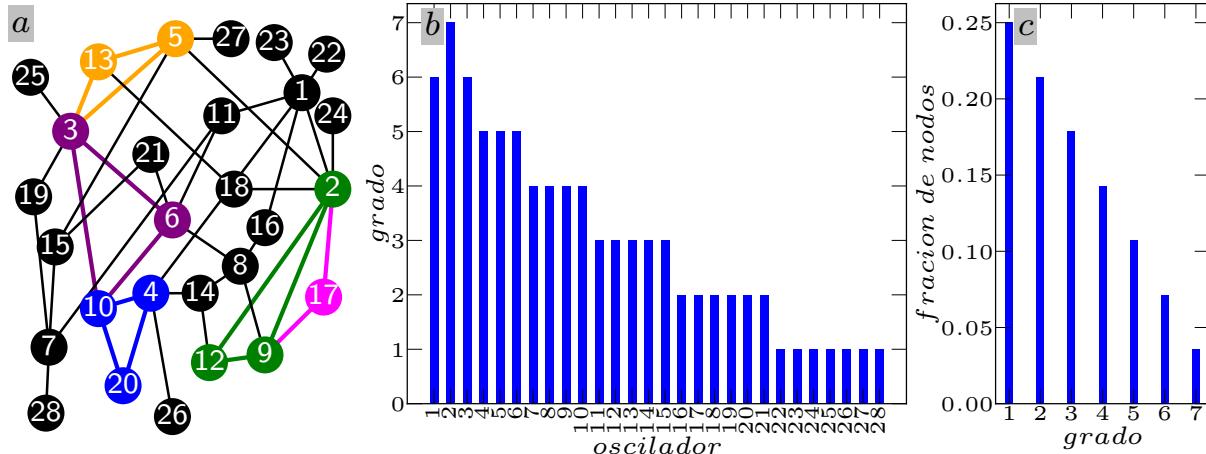


Figura 4.6: Representación gráfica de la red experimental. [a]: estructura de la conectividad de la red; [b]: grado de cada nodo en la red; [c]: histograma de frecuencia del grado de los nodos. A modo ilustrativo, los nodos y sus respectivos enlaces coloreados hacen parte de un triángulo en la red.

En la Figura 4.7 se presenta a modo ilustrativo un segmento de las señales (series de tiempo) de este conjunto de datos para los osciladores $x_a = 2$ (símbolos negros), $x_b = 9$ (símbolos azules) y $x_c = 12$ (símbolos verdes), a valores de acoplamiento $\kappa = 0.00$ (panel [a]), $\kappa = 0.02$ (panel [b]) y $\kappa = 0.10$ (panel [c]). Note que en estado incoherente ($\kappa = 0.00$, panel [a]), la señal de los nodos oscilan de manera independiente. Aún estado asincrónico, pero con intensidad de interacción mayor que cero (acoplamiento, $\kappa = 0.02$), la evolución temporal de los osciladores ya no es por completo aleatoria, de tal forma que cuando la intensidad de interacción es relativamente grande (acoplamiento, $\kappa = 0.10$), la actividad de los osciladores (aunque no completamente) evoluciona de manera coordinada.

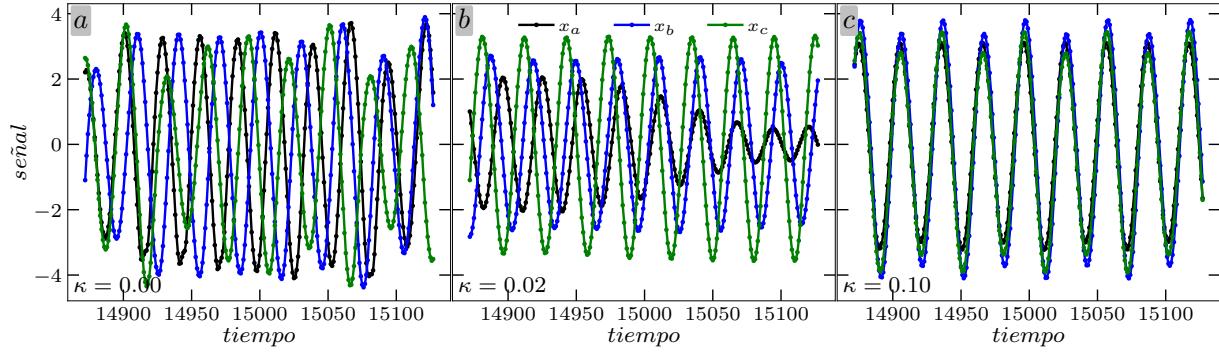


Figura 4.7: Evolución temporal de la red experimental. Se ejemplifica la evolución temporal (señal) de los osciladores $x_a = 2$ (símbolos azules), $x_b = 9$, $x_c = 12$ de la red experimental a acoplamiento [a]: $\kappa = 0.00$; [b]: $\kappa = 0.02$; y [c]: $\kappa = 0.10$, respectivamente.

La evolución temporal de este conjunto de datos evidencia que se trata señales complejas que depende además de la intensidad de interacción de los osciladores. Adicionalmente, con intención de ponerlo en perspectiva de homología persistente en el sentido de configuración geométrica, la Figura 4.8 se ejemplifica este aspecto representando las nubes de puntos bidimensional (fila superior) y tridimensional (fila inferior) de los $x_a = 2$, $x_b = 9$ y $x_c = 12$ de este conjunto de datos a acoplamientos $\kappa = 0.00$ (paneles [a] y [d]), $\kappa = 0.02$ (paneles [b] y [e]) y $\kappa = 0.10$ (paneles [c] y [f]), donde se observa que la nube de puntos tridimensional muestra más cambios en la forma geométrica conforme aumenta el acoplamiento κ , lo cual sugiere que la configuración a triadas (tridimensional) puede proveer información adicional a la que provee la configuración a pares (bidimensional).

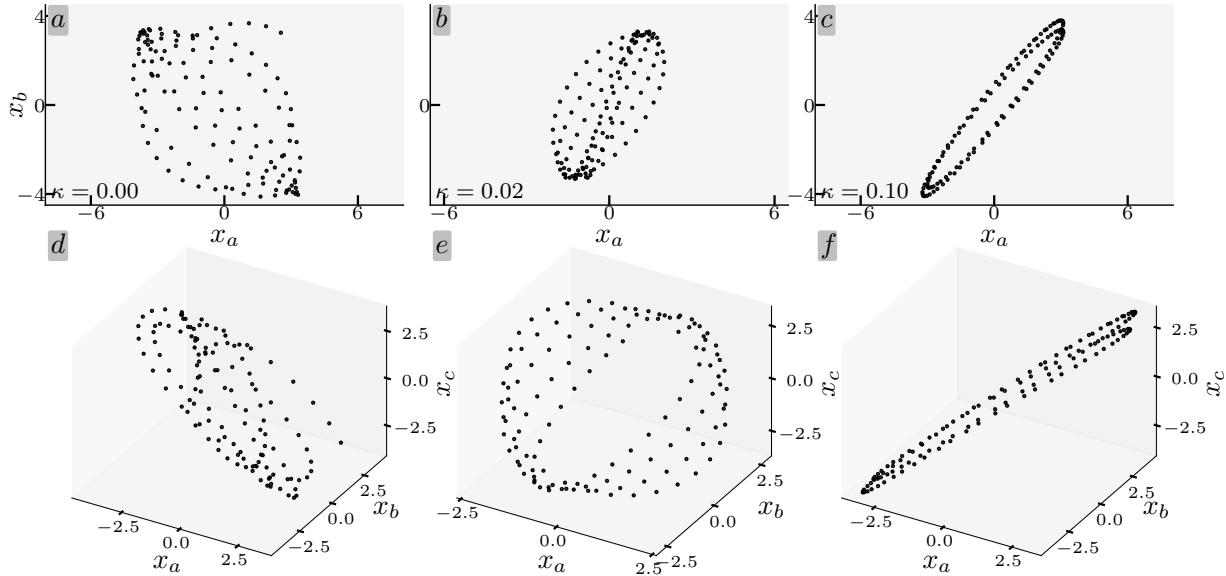


Figura 4.8: Nube de puntos de las series de tiempo experimentales. [a] y [d]: a acoplamientos $\kappa = 0.00$; [b] y [e]: $\kappa = 0.02$; [c] y [f]: $\kappa = 0.10$, para las nubes de punto bidimensional (fila superior) y tridimensional (fila inferior), respectivamente, de los osciladores $x_a = 2$, $x_b = 9$ y $x_c = 12$ de la red experimental.

Así, Nuestra propuesta estudia el fenómeno de sincronización en redes de osciladores acoplados de Kuramoto y sobre datos experimentales usando homología persistente como herramienta y la entropía de persistencia normalizada como cuantificador. De esta estrategia se resaltan dos enfoques principales: (i) cuantificar la sincronización en términos de la información que proporcionan las estructuras locales formadas por tres nodos adyacentes entre sí (triángulos) en la conectividad de la red. (2) caracterizar el estado de sincronización del sistema al identificar cuantitativamente la transición de estado incoherente o asíncrono a estado sincronizado variando el parámetro de filtración, es decir, analizando el “espectro” de filtración, lo cual, hasta donde es de nuestro conocimiento, no tiene precedentes en la literatura. Los resultados obtenidos son presentados en la siguiente Sección.

Capítulo 5

RESULTADOS

En este capítulo se presentan y disertan los resultados obtenidos con nuestra estrategia de análisis, los cuales mostraremos en dos segmentos. En el primero describimos los resultados obtenidos al analizar la sincronización desde la perspectiva clásica en el sentido de interacción entre pares osciladores como aproximación descriptiva inicial acorde a la forma convencional de estudiar la sincronización en redes de osciladores, centrando el análisis en el conjunto de datos experimentales. En el segundo segmento particularizamos nuestro análisis sobre el comportamiento de la métrica formulada (*NPE*) para triadas cerradas (triángulos), que corresponden a estructuras de conectividad locales constituidas por tres nodos adyacentes en la conectividad global de la red, siendo esta aproximación la contribución de mayor novedad de nuestro trabajo, el cual es desarrollado para conjuntos de datos simulados y extendido al conjunto de datos experimentales.

5.1. Análisis a Pares (Bidimensional)

Como punto de partida analizamos el comportamiento de la *NPE* como descriptor de sincronización en función del parámetro de acoplamiento, κ , entre pares de osciladores de la red de datos experimentales descritos en la sección 4.2.2 para grupos de homología de dimensión cero, \mathbf{H}_0 , y grupos de homología de dimensión uno, \mathbf{H}_1 . Elegimos este conjunto de datos como referente teniendo en cuenta que, de acuerdo con la descripción proporcionada por los creadores del experimento ([107]), se trata de una serie de registros generados específicamente para analizar el comportamiento de métricas de cuantificación de sincronización en sistemas de osciladores acoplados, por lo que también lo usamos como referencia para estudiar el efecto de la cantidad de interacciones entre los nodos y la distancia a la que estos se encuentran en la red.

5.1.1. Segundo la Cantidad de Interacciones

Estudiamos la influencia del número de interacciones (grado) de los nodos, tomando como casos representativos los osciladores 1 y 28. El oscilador 1 es un nodo central con 6 conexiones (un “hub” de la red), mientras que el oscilador 28 es un nodo periférico con sólo una conexión. Para el primer caso (tomando el oscilador 1 como nodo de referencia),

se analiza la NPE como función del acoplamiento para los pares de osciladores 1 vs 2, 1 vs 23 y 1 vs 27. El oscilador 2 es también un nodo central que tiene siete enlaces en la red (el más conectado de la red), uno de los cuales es a primer vecino con el nodo 1 (1,2); el oscilador 23 es un oscilador periférico que tiene un único enlace en la red y es a primer vecino con el oscilador 1 (1,23), y el oscilador 27 también es periférico, con la diferencia que este no tiene conexión a primer vecino con el oscilador 1 (1,27). Para el segundo caso (oscilador 28 como nodo de referencia), se analiza la NPE respecto del acoplamiento entre los osciladores 28 vs 3, 28 vs 7 y 28 vs 14. El oscilador 28 es un oscilador periférico que tiene una única interacción a primer vecino con el oscilador 7 (que tiene 4 enlaces) y no tiene conexión directa con los osciladores 3 (que tiene seis enlaces) y 14 (que tiene 3 enlaces); de manera que el análisis para estas configuraciones permite analizar escenarios de interacción entre los nodos en relación al grado y distancia de interacción. En adelante se usará los términos componente(s) conectado(s) y hoyo(s) para referirnos indistintamente a grupos de homología de dimensión cero y uno, respectivamente. En la Figura 5.1 se presentan los resultados para grupos de homología de dimensión cero (paneles [a] y [b]) y dimensión uno (paneles [c] y [d]) de este grupo de osciladores.

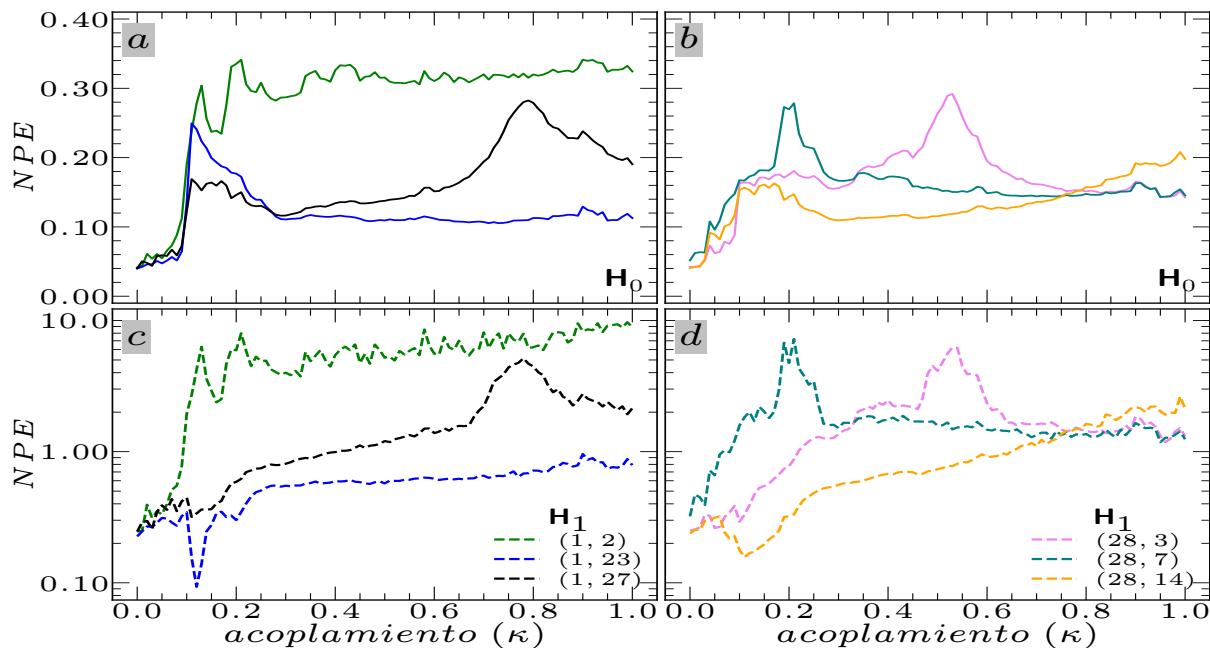


Figura 5.1: NPE vs acoplamiento respecto de la cantidad de interacciones. Usando los osciladores 1 y 28 como casos representativos, los paneles [a] y [c] corresponden grupos de homología de dimensión cero (\mathbf{H}_0) y uno (\mathbf{H}_1) para los pares de osciladores (1,2) que son nodos altamente conectados con interacción a primer vecino, (1,23) siendo 23 un nodo periférico con única interacción a primer vecino con el nodo 1, y (1,27) siendo 27 un nodo periférico con única interacción y no es adyacente con el nodo 1. Los paneles [b] y [d] también corresponden a grupos de homología de dimensión cero y uno, pero para los pares de osciladores (28,3) donde 23 es un nodo altamente conectado y distante de 28, (28,7) donde 7 tiene 4 interacciones y una de ellas es a primer vecino con 7, y (28,14) siendo 14 un nodo con sólo dos conexiones y no interactúa a primer vecino con 28.

Tomando el oscilador 1 como nodo de referencia, puede observarse en los paneles [a] y [c] de la Figura 5.1 para componentes conectados y hoyos, respectivamente, que la mayor entropía corresponde al par de osciladores (1,2), siendo estos los más conectados de la red, mientras que la de menor entropía se obtiene para el par (1,23), donde el oscilador 1 es uno de los más conectados y el oscilador 23 sólo tiene un enlace (con el oscilador 1). Este comportamiento puede deberse a que los nodos altamente conectados pueden ser moduladores en la sincronización global de la red, en tanto que aquellos menos conectados son los modulados. Esto hace sentido al tener en cuenta que cuanto más regulares o parecidas entre sí son las señales, menor será su entropía, de tal forma que la taza de generación de nueva información al sistema por un nuevo evento es baja. En el caso del oscilador 28 como nodo de referencia, aunque no en la misma magnitud, este comportamiento también es reflejado para componentes conectados y hoyos (paneles [b] y [d] de la Figura 5.1), en particular, para del par de osciladores (28,7), en los que la interacción es a primer vecino y el oscilador 7 tiene 4 conexiones, para valores de acoplamiento $0.00 \leq \kappa \leq 0.30$, la entropía es mayor comparada con los pares de osciladores (28,3) y (28,14).

Nótese además que los pares (enlaces) en donde participa un nodo altamente conectado a primer vecino, como los enlaces (1,2), (1,27) y (28,7), después de cierto valor de acoplamiento la *NPE* evoluciona de manera regular, lo cual sugiere que la sincronización es estable, mientras que para los pares en donde participan nodos poco conectados y distantes es más irregular. Ahora bien, el hecho de que esto no ocurre para la totalidad del intervalo de acoplamiento (como es el caso entre los osciladores 28 y 7), sugiere que el estado del sistema, para esta dinámica no depende sólo del acoplamiento, sino que además depende de la configuración de las interacciones en la red.

A continuación, analizamos el efecto de la cantidad de interacciones de los osciladores calculando la *NPE* como función del cociente del grado de los nodos con los que se construye el complejo simplicial respecto de la intensidad de acoplamiento. Esto es, dados los nodos x_j y x_l con grado d_j , d_l , respectivamente, el complejo simplicial es construido al usando las series de tiempo de x_j y x_l como nube de puntos, y la *NPE* es representada respecto del cociente d_j/d_l para un valor de acoplamiento dado. Los resultados se presentan en la Figura 5.2, donde las filas (paneles [a-b] y [c-d]) corresponden a componentes conectados y hoyos, respectivamente, mientras que las columnas presentan los resultados considerando cada grado en la red (paneles [a] y [c]) y a primer vecino (paneles [b] y [d]), respectivamente, respecto del nodo de referencia.

Por ejemplo, si el nodo de referencia es el oscilador 1, $d_1 = 6$, entonces en la primer columna (paneles [a] y [c]) se calcularía d_1/d_l , donde $l = \{2, 3, \dots, 28\}$ corresponde resto de los osciladores de la red, mientras que la segunda columna (paneles [b] y [d]), el cociente se calcula para $l = 2, 4, 11, 16, 22$, y 23, que son los primeros vecinos del oscilador 1 y así para el resto de nodos de la red.

Nótese de la Figura 5.2 que la *NPE* disminuye conforme el grado del oscilador del numerador es mayor y aumenta conforme la intensidad de acoplamiento. Este efecto es más notorio para el caso “todos contra todos” presentado en los paneles [a] y [c] (para componentes conectados y hoyos, respectivamente), en comparación a cuando se consideran únicamente los primeros vecinos del nodo de referencia (paneles [b] y [d], para componentes conectados y hoyos, respectivamente). Este efecto puede deberse a la finitez del sistema (la cantidad de nodos en la red), lo cual genera mayor variabilidad en el comportamiento

de la NPE respecto del acoplamiento. Es preciso resaltar además que en ambos casos los resultados para componentes conectados es más distinguible el acoplamiento, por lo que exploramos este hecho en mayor detalle considerando la distancia de interacción de los nodos en términos de la longitud de ruta más corta (“shortest path length”).

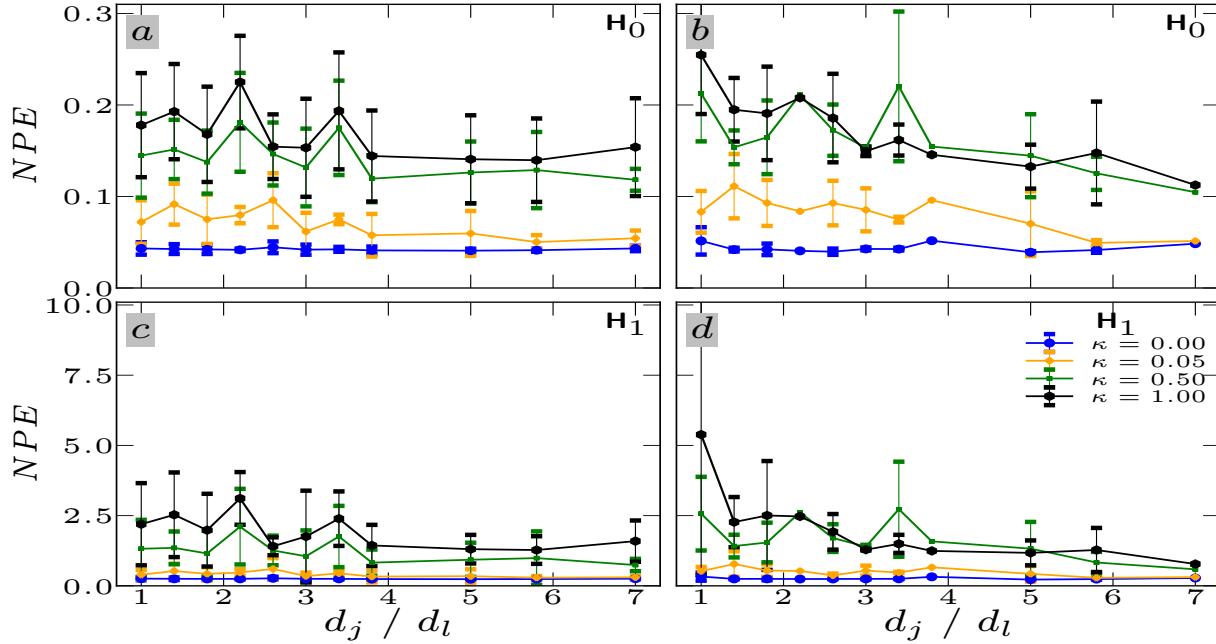


Figura 5.2: NPE vs cociente del grado de los osciladores. Los paneles [a] y [c] corresponden a la NPE promedio de los grupos de homología de dimensión cero \mathbf{H}_0 y uno \mathbf{H}_1 , respectivamente, calculando el cociente de cada oscilador con el resto de los nodos. Los paneles [b] y [d] también corresponden a \mathbf{H}_0 y \mathbf{H}_1 , respectivamente, pero calculando el cociente tomando en cuenta únicamente los nodos adyacentes. Las barras de verticales representan la desviación estándar de la NPE respecto de la cantidad de cocientes con el mismo valor.

5.1.2. Segundo la Distancia de Interacción

En una rutina diaria, constantemente estamos eligiendo la forma más sencilla y rápida de llegar de un lugar a otro con el menor costo de recursos posible. Por ejemplo, si estamos en el trabajo y debemos ir al supermercado de camino a casa, buscamos la ruta más corta en tiempo y distancia que optimice el recorrido trabajo-supermercado-casa. Representados como red, la casa, el supermercado y el sitio de trabajo simbolizan los nodos y las calles que debemos recorrer para ir de uno a otro simboliza los enlaces. Si fuéramos directo del trabajo a casa estaríamos a “un paso” de recorrido. Sin embargo, al pasar al supermercado se genera un “paso adicional”, de tal manera que esta ruta está a “dos pasos” de distancia. La cantidad de “pasos” que debe recorrerse para ir de un nodo a otro dice de la “rapidez” con que se propaga la información en una red. La rapidez del flujo de información puede entonces medirse en términos de la cantidad de pasos al usar una ruta u otra. En el contexto de redes, esto se mide a través de la longitud de la ruta más corta (shortest path length, *spl*, en inglés). Así, la estructura de conectividad de la red condiciona la rapidez

de propagación de la información. Usamos estas nociones para analizar la influencia de la estructura de conectividad de la red a través del comportamiento de la *NPE* como función del parámetro de acoplamiento en términos de la longitud más corta spl , cuyos resultados se muestran en la Figura 5.3.

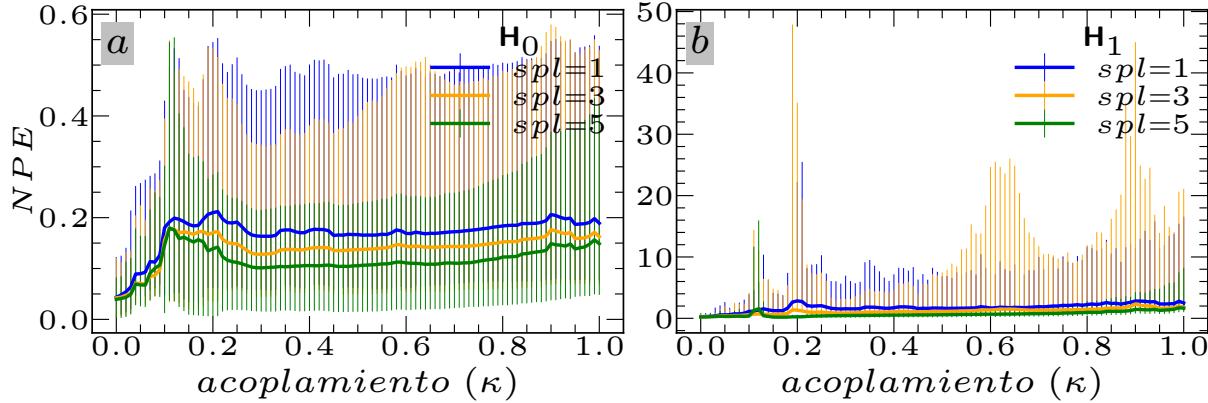


Figura 5.3: *NPE* vs acoplamiento respecto de la distancia de interacción (experimental). [a] y [b] muestran la *NPE* promedio para los grupo de homología de dimensión cero (\mathbf{H}_0) y uno (\mathbf{H}_1), respectivamente, para valores de longitud de distancia más corta $spl = 1, 3$, y 5 , para la red experimental. Las barras verticales representan la desviación estándar calculada sobre la cantidad de elementos que distan tal distancia en la red.

En la Figura 5.3, las curvas representan el promedio de la entropía de persistencia de todos los osciladores que distan spl pasos entre sí para componentes conectados, H_0 , (panel [a]), y hoyos H_1 (panel [b]). Las barras verticales representan la desviación estándar calculada sobre los pares de osciladores que distan spl pasos. Puede observarse que los valores promedio de la *NPE* distingue la distancia a la que se encuentran los nodos, cuya relación es inversamente proporcional, es decir, conforme más cerca estén dos nodos, mayor será su *NPE*. En cuanto al acoplamiento, la *NPE* tiende a crecer conforme lo hace la intensidad de acoplamiento. Puede observarse de la Figura 5.3[a] que a valores acoplamiento $0.00 \leq \kappa \leq 0.10$, donde los osciladores se encuentran en estado incoherente o asíncrono, que las curvas simbolizando la *NPE* promedio son indistinguibles y crecen notablemente conforme aumenta el acoplamiento para este intervalo. A partir de $\kappa \geq 0.25$, la *NPE* se estabiliza, sugiriendo que a partir de tal valor de acoplamiento la red de osciladores se sincroniza.

5.1.3. Comparativa entre la *NPE* y el “*Phase Locking Value*”

A fin de tener una comparación adicional, se determinó el valor de bloqueo de fase (“phase locking value”, *PLV*) para establecer similitudes y diferencias de la información que es posible obtener a través de ambas métricas. El $PLV_{j,l} = \langle |e^{i\phi_{j,l}(t)}| \rangle_T$ ([114]) mide las variaciones de fase $\phi_{j,l}(t) = \theta_j(t) - \theta_l(t)$ promedio entre los osciladores x_j y x_l durante el intervalo de tiempo $0 \leq t \leq T$. Por su naturaleza, el *PLV* es una métrica bien establecida para saber cuan acopladas se encuentran las fases de un sistema bajo análisis, por lo que representa una métrica óptima para comparar la información que es posible obtener de

dicho sistema. Esta comparación es para el rango de acoplamiento de la red completa como función de la longitud más corta spl y los resultados se presentan en la Figura 5.4.

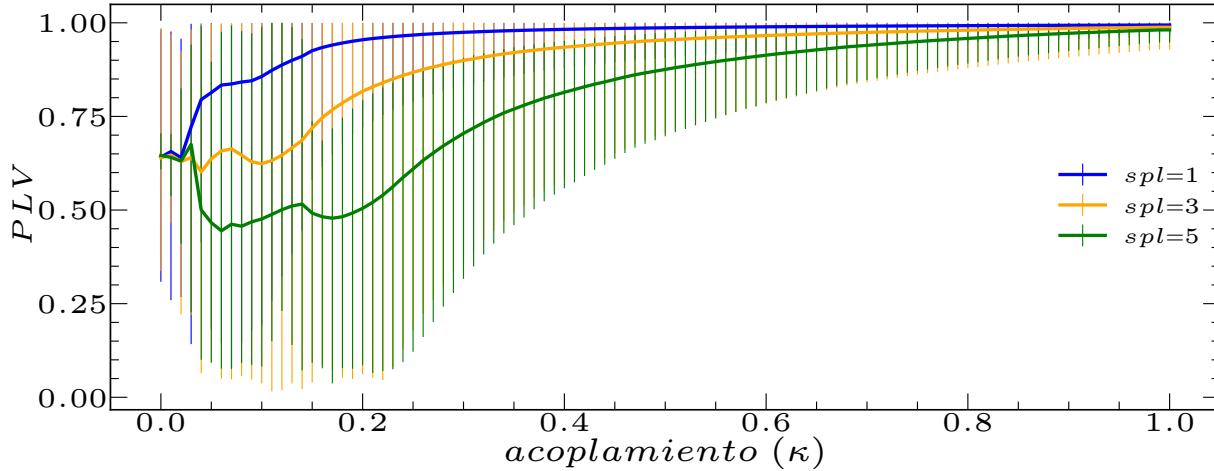


Figura 5.4: PLV vs acoplamiento respecto de la distancia de interacción. La línea simboliza el PLV promedio (las barras verticales representan la desviación estándar) calculados sobre la cantidad de elementos que distan $spl = 1, 3$, y 5 pasos, respectivamente.

Nótese de la Figura 5.4 que, similar a los resultados obtenidos para la NPE mostrados en la Figura 5.3, el PLV crece conforme la spl aumenta, lo cual es consistente. Por otra parte, la principal diferencia entre la NPE y el PLV es que la primera se comporta creciente a valores de acoplamiento $0.00 \leq \kappa \leq 0.10$, en el sentido en que la NPE exhibe tendencia clara de aumento conforme aumenta la intensidad de acoplamiento para todos los valores de spl , lo cual no ocurre para el PLV , puesto que presenta variabilidad de comportamiento en este rango de valores de acoplamiento dependiendo del spl . Esta característica representa una ventaja de la NPE para caracterizar la sincronización de la red como función de este parámetro.

5.1.4. Comparativa entre la NPE y R

Finalmente, en esta aproximación de análisis a pares, y con intención de contrastar los resultados obtenidos al estudiar la red experimental con otros cuantificadores de sincronización, generamos una red de osciladores de Kuramoto con estructura de conectividad idéntica a la de la red experimental, sobre la cual calculamos la NPE de la actividad de los osciladores (es decir, usando $x_j = \cos(\theta_j)$), y el parámetro de orden, R , a partir de las fases, θ_j , de los osciladores. Los resultados se muestran en la Figura 5.5 para grupos de homología de dimensión cero (\mathbf{H}_0 , panel [a]) y grupos de homología de dimensión uno (\mathbf{H}_1 , panel [b]), a longitud de distancia más corta (“shortest path length”) $spl = \{1, 3, 5\}$, en tanto que los valores de R se incluyen en el eje derecho del panel [a]. En el caso de la NPE , las barras de error representan la desviación estándar calculada sobre cinco realizaciones independientes de la red, variando las frecuencias naturales iniciales del modelo.

Puede observarse de la Figura 5.5, particularmente para una $spl = 1$, que la NPE es sensible al acoplamiento de la red, comparable con el comportamiento de los valores de R .

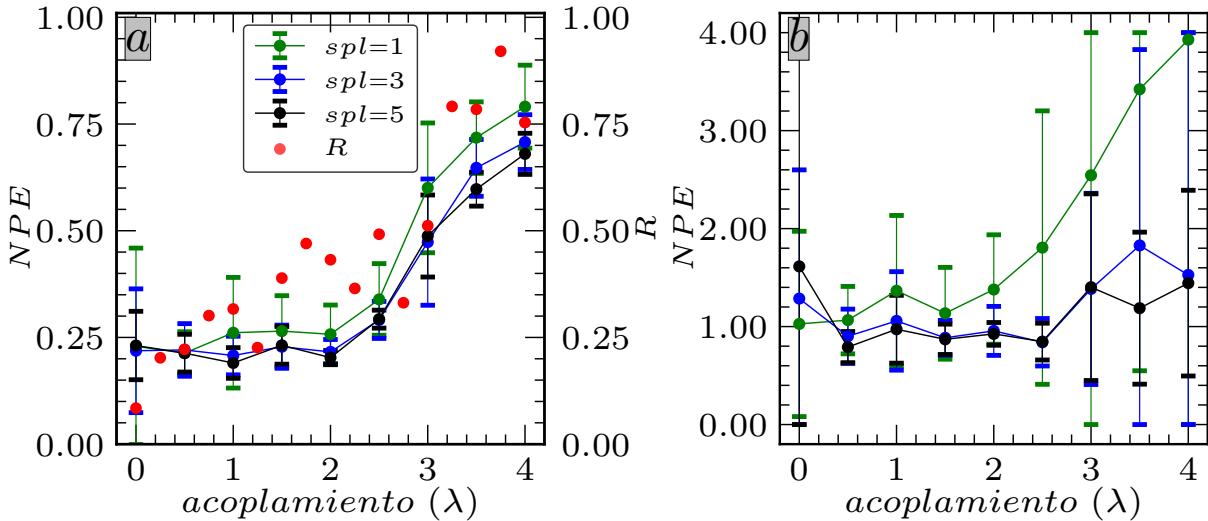


Figura 5.5: NPE y R , vs acoplamiento respecto de la distancia de interacción (Modelo). [a] y [b] muestran la NPE promedio (símbolos verde, negro y azul) para grupos de homología de dimensión cero (\mathbf{H}_0) y uno (\mathbf{H}_1), respectivamente. Las barras verticales representan la desviación estándar, calculados sobre la cantidad de elementos que distan $spl = 1, 3$, y 5 pasos. Los símbolos rojos en [a] representan el parámetro de orden R . Ambas métricas calculadas para los datos simulados sobre una red de osciladores acoplados de Kuramoto.

Nótese además que la NPE , para \mathbf{H}_0 (Figura 5.5[a]) es una medida de sincronización más estable comparado con los valores de R , siendo este último más disperso en el intervalo de acoplamiento analizado. En cuanto a los resultados obtenidos para \mathbf{H}_1 (Figura 5.5[b]), pese a que los resultados concordantes con los obtenidos para \mathbf{H}_0 , su dispersión es mayor. Este puede atribuirse al hecho de que los componentes conectados (\mathbf{H}_0) dan razón del comportamiento de la nube de puntos a diferentes escalas, mientras que hoyos unidimensionales se relacionan más bien con periodicidades de la señal que forma la nube de puntos (\mathbf{H}_1) (Perea y Harer [80] ofrecen una discusión al respecto).

Si bien los resultados presentados hasta aquí corresponden a una aproximación convencional en el sentido que el análisis de sincronización es realizado a pares y como función del parámetro de acoplamiento, el mecanismo de estudiar este fenómeno en una red con configuración de conectividad no trivial y usando homología persistente como herramienta representa una contribución sin precedente en esta materia, de tal manera tuvimos éxito al presentar estos resultados en la Colección Especial “Data-Driven Models and Analysis of Complex Systems” y fueron publicados en el Volumen 33 de Noviembre de 2023 en la revista *Chaos*, los datos asociados a este trabajo pueden consultarse en la referencia [130].

5.2. Análisis a Triadas (Tridimensional)

Los grupos de homología de dimensión uno son formados por ciclos con frontera vacía encerrando un área ([62, 64]). Desde la perspectiva de análisis de datos esta característica ayuda a identificar periodicidades ([80]), puesto que sistemas con dinámica periódica

generarán este tipo de “formas”. Sin embargo, en conjuntos de datos donde la forma no contiene periodicidades, el complejo simplicial carecerá de hoyos unidimensionales como característica principal, de tal suerte que en estos casos los componentes conectados serán más informativo respecto del proceso subyacente. En el curso de la investigación asociada a este trabajo y a partir de los resultados del análisis a pares, notamos que en general, para los datos usados, la *NPE* muestra resultados más favorables en cuanto a la posibilidad de caracterizar el estado de sincronización de la red en función del parámetro de acoplamiento a partir de la información contenida en los diagramas de persistencia de grupos de homología cero, \mathbf{H}_0 , es decir, de los componentes conectados. Con base en esto, en la última parte de este proyecto doctoral nos concentraremos en estudiar el comportamiento de componentes conectados siguiendo lo descrito en la sección 4.1, con especial atención al análisis de triadas cerradas, tanto para el conjunto de datos simulados como para los datos experimentales, cuyos resultados describiremos a continuación.

5.2.1. Transición entre Estados de Sincronización

Para el conjunto de datos experimentales cuyos resultados principales fueron presentados en la sección 5.1, partimos del hecho conocido que la sincronización aumenta conforme lo hace el parámetro de acoplamiento, que además, con base en nuestros resultados, estos sugieren que el sistema pasa de asíncrono o incoherente a estado síncrono alrededor un acoplamiento $\kappa \approx 0.10$, como se observa en los paneles [a] y [c] de la Figura 5.1, los paneles [a] y [b] de la Figura 5.2 y la Figura 5.3[a] para grupos de homología de dimensión cero, \mathbf{H}_0 . En el caso de los sistemas simulados en este trabajo compuestos de $N = 30$ nodos cuyas frecuencias naturales iniciales fueron seleccionadas de una distribución normal con media cero y desviación estándar de 0.2, a partir de la Ecuación 3.4, calculamos el valor de acoplamiento crítico $\lambda_c \approx 0.28$ al que el sistema pasa de incoherente a sincronizado. Note que damos un único valor de acoplamiento crítico para los tres casos de conectividad de red, esto teniendo en cuenta que los tres tipos de red tienen la misma cantidad de nodos y el sistema es inicializado con frecuencias naturales con la misma distribución. En tal sentido, a fin de asegurar que efectivamente estuvieron en un estado u otro, el primer paso fue cerciorarnos que la transición de incoherente a sincronizado ocurre a λ_c , comprobándolo a través del parámetro de orden R como indicador principal. El siguiente paso fue averiguar si la *NPE* también podía identificar tal transición. Los resultados son presentados en la Figura 5.6 para R (paneles [a-c]) y *NPE* (paneles [d-e], para una longitud máxima de enlace $\epsilon = 0.15$), calculados sobre triángulos y tripletas (tres osciladores que no comparten enlace a primer vecino y que no hacen parte de un triángulo) (símbolos de triángulos sólidos y huecos, respectivamente), y para la red completa en el caso de R (símbolos circulares sólidos, paneles [a-c]).

Puede observarse de la Figura 5.6 que tanto R como la *NPE* son sensibles a la transición de estado incoherente a sincronizado en el sistema y que el valor de acoplamiento al que ocurre tal transición es consistente con el valor de acoplamiento crítico λ_c . Particularmente, puede notarse que la *NPE*, para las redes tipo Erdős-Rényi y Scale-Free la transición es abrupta, identificándose que, para valores de acoplamiento $0.0 \leq \lambda \leq 0.3$, la *NPE* se mantiene en valores próximos a cero, ocurriendo la transición en el intervalo $0.3 \leq \lambda \leq 0.4$, y para $\lambda > 0.4$, sin pérdida de generalidad, la *NPE* se estabiliza. En el caso

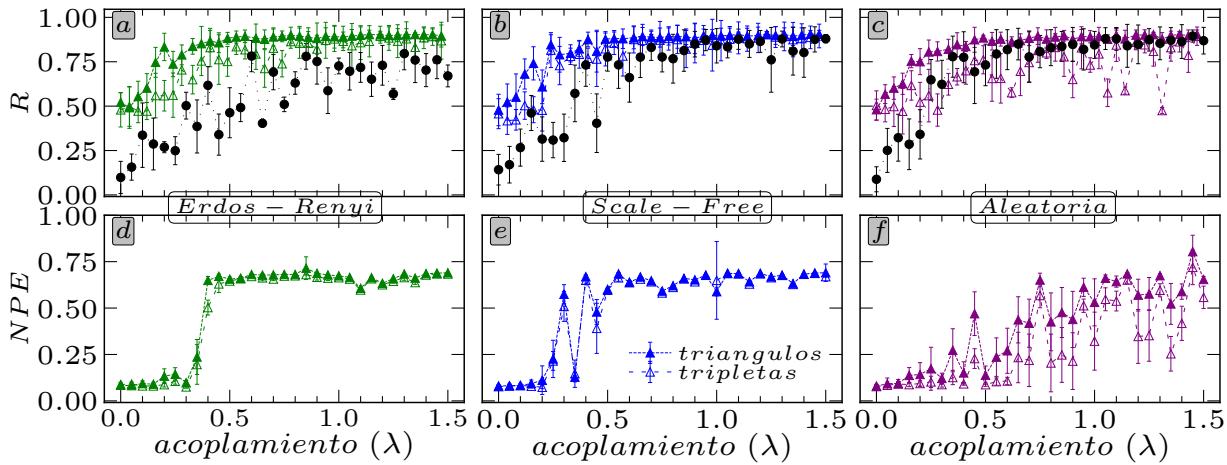


Figura 5.6: NPE y parámetro de orden R vs acoplamiento. Los símbolos sólidos representan el R (fila superior) y la NPE de \mathbf{H}_0 (fila inferior) promedio para triángulos, en tanto que los símbolos punteados representan el R y la NPE promedio para tripletas. Las barras verticales representan la desviación estándar calculada sobre 10 elementos (triángulos o tripletas, según sea el caso), para 10 repeticiones independientes cambiando las frecuencias iniciales del modelo de Kuramoto en redes con conectividad tipo Erdös-Rényi ([a] y [d]), Scale-Free ([b] y [e]) y Aleatoria ([c] y [f]).

de la red Aleatoria, puede verse que la transición es más lenta en comparación con las redes tipo Erdös-Rényi y Scale-Free. Nótese que la detección de la transición de estado incoherente a sincronizado usando la información local de las triadas cerradas (triángulos) es favorable para R comparado con el valor obtenido al calcularlo para la red completa, sugiriendo que estas estructuras locales son más sensibles a cambios en el estado de la red. Adicionalmente, puede observarse que tanto para el R como para la NPE existen diferencias entre las triadas cerradas y las tripletas, lo cual implica que triángulos codifican información que no es solamente dependiente del número de nodos que participan, sino de la forma en cómo están conectados.

5.2.1.1. NPE vs Parámetro de Acoplamiento

Habiendo verificado que efectivamente estábamos identificando un cambio en el estado y que tal cambio obedece a la transición de estado incoherente a sincronizado de la red, continuamos con un análisis más detallado que incluye analizar la información de componentes conectados de triángulos teniendo en cuenta el parámetro de filtración, esto último a fin estudiar la estructura geométrica a diferente escala de filtración. La Figura 5.7 muestra la NPE de componentes conectados en triángulos como función del acoplamiento (λ para las redes simuladas y κ para la red experimental) para varios valores de filtración.

Puede observarse de la Figura 5.7 que la NPE identifica de forma clara la transición de estado incoherente a sincronizado. Nótese que para un valor de filtración $\epsilon = 0.15$, para las redes tipo Erdös-Rényi (Fig. 5.7[a]), Scale-Free (Fig. 5.7[b]) y experimental (Fig. 5.7[d]), ocurre un cambio abrupto cuando la red transita de incoherente a sincronizada después del cual la NPE se mantiene estable para el resto de valores de acoplamiento. En

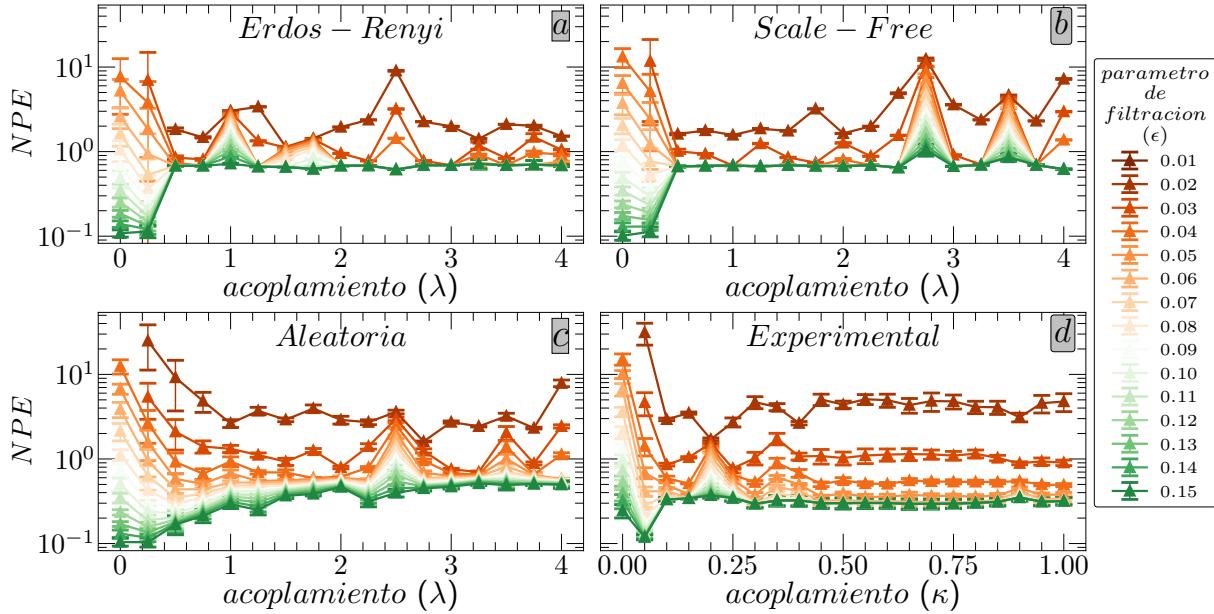


Figura 5.7: NPE de triángulos vs acoplamiento respecto del parámetro de filtración. Los símbolos representan la NPE promedio para \mathbf{H}_0 , las barras de verticales corresponden a la desviación estándar, calculadas para 10 triángulos sobre 10 realizaciones independientes cambiando las frecuencias iniciales del modelo de Kuramoto para las redes con conectividad tipo Erdös-Rényi ([a]), Scale-Free ([b]) y Aleatoria ([c]). Para la red experimental ([d]), el valor medio y la desviación estándar son calculados sobre los cinco triángulos existentes en la conectividad de dicha red.

el caso de la red Aleatoria puede notarse que la transición es más lenta, lo cual es atribuible a la estructura de conectividad global de la red. La red Aleatoria es una red conectada pero sin estructura de conectividad heterogénea sin patrón definido, mientras que el resto de redes si tienen estructura de conectividad global que favorece una propagación más rápida de la información, lo cual propicia que la sincronización ocurra. Estos resultados concuerdan con lo reportado en [104] respecto de la “rapidez” de transición en relación con la heterogeneidad de la red.

Un resultado inesperado y sorprendente es que a valores de filtración cercanos a cero ($\epsilon = 0.03$ por ejemplo), la NPE de triángulos para este grupo de homología (\mathbf{H}_0) también identifica transición en la sincronización pero con valores inversos comparado con el máximo valor de filtración ($\epsilon = 0.15$), lo cual sugiere que la NPE es sensible a la información contenida a micro-escalas en la nube de puntos. Así mismo, existen de valores intermedios de filtración ($\epsilon = 0.07$ por ejemplo) sobre los cuales la NPE se mantiene estable durante el intervalo de acoplamiento, lo cual puede corresponder a meso-escalas de información en la nube de puntos. Indagamos más detalle del este aspecto al presentar los resultados de la NPE como función del parámetro de filtración respecto del acoplamiento.

5.2.1.2. *NPE* vs Parámetro de Filtración

Sin pérdida de generalidad, el parámetro de filtración es la distancia a la cual se “conectan” elementos de la nube de puntos para generar los simplejos que conforman el complejo simplicial, de tal manera que este da razón de la estructura geométrica de los datos a diferente escala. Así, valores de filtración bajos capturan información relacionada a propiedades geométricas a micro escalas, en tanto que los valores de filtración próximos a la distancia máxima entre cualesquiera dos registros de la nube de puntos revela detalles a macro escalas de su estructura geométrica. Esta característica puede entonces ayudar a distinguir mejor tanto el estado de sincronización (incoherente o sincronizado), como los valores de acoplamiento a los que ocurre la transición entre tales estados. Tal condición motivó explorar el comportamiento de las redes estudiadas respecto del parámetro de filtración en términos del acoplamiento. Los resultados son presentados en la Figura 5.8 para el grupo de homología de interés (componentes conectados, \mathbf{H}_0) de triángulos, siendo una forma alternativa de analizar los resultados presentados en la Figura 5.7.

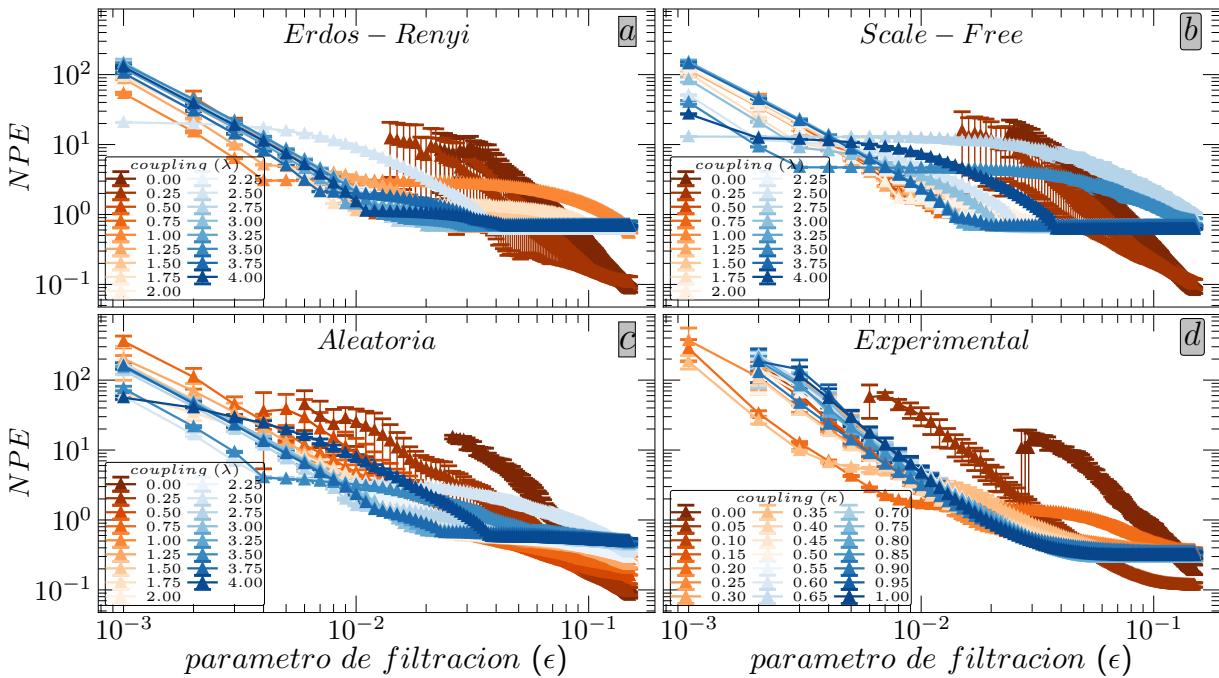


Figura 5.8: *NPE* de triángulos vs parámetro de filtración respecto del acoplamiento. Los símbolos representan la *NPE* promedio para \mathbf{H}_0 , las barras de verticales corresponden a la desviación estándar, calculadas para 10 triángulos sobre 10 realizaciones independientes cambiando las frecuencias iniciales del modelo de Kuramoto para las redes con conectividad tipo Erdős-Rényi ([a]), Scale-Free ([b]) y Aleatoria ([c]). Para la red experimental ([d]), el valor medio y la desviación estándar son calculados sobre los cinco triángulos existentes en la conectividad de dicha red.

Puede notarse de la Figura 5.8 que, para todas las redes, cuando el acoplamiento es $\lambda \leq 0.25$, la *NPE* decae hasta el valor máximo de filtración, lo cual es de esperarse toda vez que cada oscilador evoluciona según su frecuencia natural sin retroalimentación de

su vecindad. Sin embargo, para valores de acoplamiento $\lambda > 0.25$, el comportamiento es distinto para cada tipo de red. Para la red tipo Scale-Free (Figura 5.8[b]) se observa una mayor variabilidad en la *NPE* a valores de acoplamiento próximos a $\lambda = 2.5$, comparado con la red tipo Erdős-Rényi (Figura 5.8[a]) y este último a su vez comparado con la red Aleatoria (Figura 5.8[c]). Para esta última es notorio que el decaimiento es más suave en comparación con el resto de redes simuladas. Otro aspecto que resalta en esta perspectiva es que, para valores de acoplamiento cercanos a cero ($\lambda \approx 0.00$), empieza a haber valores de *NPE* a partir de $\epsilon \geq 0.01$. Esto se debe al hecho que estamos considerando componentes conectados con tiempo de vida finitos, de tal suerte que a valores de acoplamiento bajos los puntos están lo suficientemente separados entre sí y a esas distancias de enlazamiento no se generan nuevos componentes conectados que extingan a componentes conectados formados sólo por un punto, lo cual no sucede cuando la red está sincronizada, es decir, a valores de acoplamiento $\lambda > 0.30$, para los cuales puede observarse que se generan y extinguen componentes conectados a partir de $\epsilon = 10^{-3}$, sugiriendo que en estado síncrono, la *NPE* es sensible información a micro escalas. Esta característica también es identificada en la red experimental (Figura 5.8[d]), con la particularidad que para algunos casos de acoplamiento ($0.25 \leq \kappa \leq 0.35$), existen componentes conectados a menor escala que para acoplamiento $\kappa > 0.35$, lo cual puede deberse a la naturaleza de los datos.

5.2.2. Efecto de la Conectividad de la Red

Con base en los resultados presentados en las Figuras 5.6, 5.7 y 5.11, se observa que se obtienen resultados diferentes para la *NPE* de los triángulos según sea la estructura de conectividad de la red, lo que sugiere que, al menos cualitativamente hablando, la *NPE* es capaz de distinguir entre tipos de redes para ciertos estados de sincronización. A fin de ilustrarlo, comparamos los resultados obtenidos en estados incoherente (acoplamiento $\lambda = 0.00$), dentro del intervalo de transición (acoplamiento $\lambda = 0.50$) y sincronizado (acoplamiento $\lambda = 1.50$) como se muestra en la Figura 5.9 para las redes simuladas.

Puede verse de la Figura 5.9[a] que en estado incoherente ($\lambda = 0.00$) las redes son indistinguibles entre sí, lo que es de esperarse puesto que cuando la red está desacoplada los osciladores evolucionan de manera independiente gobernados por su propia frecuencia natural y sin retroalimentación del resto de nodos que conforman la red, de tal suerte que la variabilidad en los valores de la *NPE* es únicamente ocasionada por efectos de finitez numérica del experimento. Note que el estado de transición de incoherente a sincronizado (ilustrado para $\lambda = 0.50$ en la la Figura 5.9[b]), se distingue claramente la red Aleatoria (símbolos marrones) respecto de las redes Erdős-Rényi (símbolos verdes) y Scale-Free (símbolos azules). Observe además que para este valor de acoplamiento las redes tipo Erdős-Rényi y Scale-Free han empezado a sincronizarse (como se muestra en los paneles [a] y [b] de la Figura 5.6), por lo que no es posible distinguirlas para todo el espectro de filtración. En estado sincronizado ($\lambda = 1.50$), todas las redes se vuelven indistinguibles a valores de filtración bajos, lo cual es consistente, puesto que una vez la red se ha sincronizado se minimiza la evolución detallada de los osciladores a baja escala de los datos y en consecuencia de ello, para valores de filtración altos la red Aleatoria es ligeramente distinta de las redes Erdős-Rényi y Scale-Free, puesto que la red Aleatoria no está completamente sincronizada.

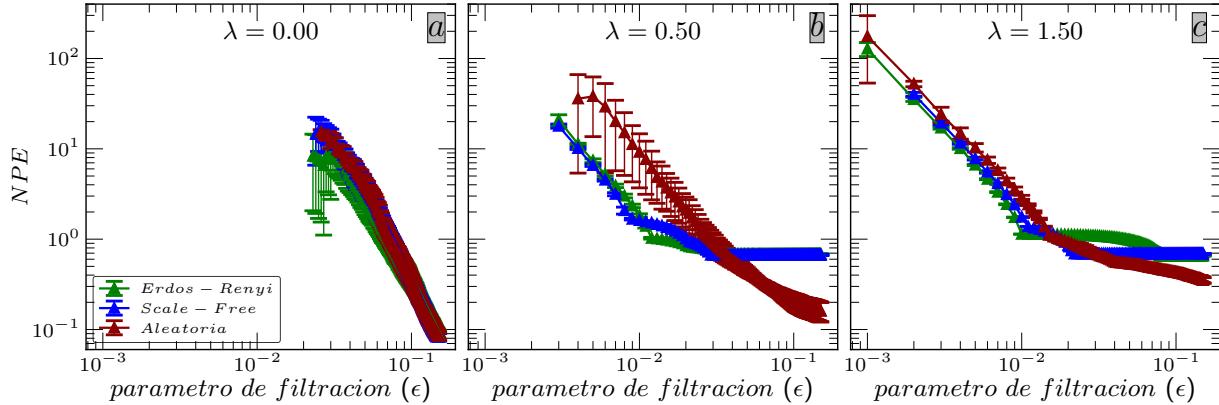


Figura 5.9: NPE de triángulos vs parámetro de filtración. Los símbolos representan la NPE promedio de \mathbf{H}_0 para las redes simuladas de Kuramoto con conectividad tipo Erdös-Rényi (símbolos verdes), Scale-Free (símbolos azules) y Aleatoria (símbolos marrones) en estado incoherente o asíncrono (panel [a], $\lambda = 0.00$), de transición (panel [b], $\lambda = 0.50$) y sincronizado (panel [c], $\lambda = 1.50$). Las barras verticales representan la desviación estándar calculada sobre 10 triángulos y 10 realizaciones independientes variando las frecuencias iniciales del modelo.

Con base en lo anterior, los resultados sugieren que la estructura de conectividad de la red influencia la “rapidez” a la que se sincroniza el sistema, siendo más rápida la transición en redes tipo Scale-Free que en la red tipo Erdös-Rényi y en esta última la transición es más rápida comparada con la red Aleatoria. Estos resultados concuerdan con lo sugerido en [26] sobre el efecto de la conectividad de la red con la trayectoria de transición de estados asíncronos a sincronizados.

5.2.3. Distinguendo Triángulos de Tripletas

Por otra parte, a fin de corroborar que realmente la información proporcionada al analizar el sistema a triadas cerradas (triángulos) es más informativa que la proporcionada por tres nodos no adyacentes entre sí y que tampoco hacen parte de un triángulo (tripletas), comparamos los resultados obtenidos con la NPE para cada una de estas estructuras de interacción directa. Los resultados se presentan en la Figura 5.10, usando la red tipo Scale-Free (paneles [a]-[c]) como caso representativo de las redes simuladas y la red experimental (paneles [d]-[e]) en estados asíncrono (columna de la izquierda) a acoplamiento $\lambda = 0.00$ ($\kappa = 0.00$), de transición (columna central) a acoplamiento $\lambda = 0.25$ ($\kappa = 0.10$), y sincronizado (columna de la derecha) a acoplamiento $\lambda = 1.50$ ($\kappa = 0.50$), respectivamente.

Observarse que para todos los casos, la NPE de triángulos captura información a escala de los datos más bajas (la curva de NPE de triángulos representada con símbolos verdes inicia a valores más bajos comparado con la de tripletas representada con símbolos negros). Note que para el estado desacoplado de la red ($\lambda = 0.00$ y $\kappa = 0.00$, respectivamente) tanto la red Scale-Free (Figura 5.10[a]) como para la red experimental (Figura 5.10[d]) no hay diferencias distinguibles de la NPE en el espectro de filtración, lo cual es de esperarse por la evolución individual de los osciladores en este estado. Sin

embargo, cuando la red está parcialmente sincronizada ($\lambda = 0.25$ y $\kappa = 0.10$, respectivamente), tanto en la red Scale-Free (Figura 5.10[b]) como en la red experimental (Figura 5.10[e]) se observan diferencias entre triángulos y tripletas. Esta distinguibilidad se pierde cuando la red se sincroniza ($\lambda = 1.50$ y $\kappa = 0.50$, respectivamente), como se ilustra para la tipo red Scale-Free (Figura 5.10[c]) donde las curvas se superponen, o en el caso de la red experimental (Figura 5.10[f]), donde las diferencias son mínimas.

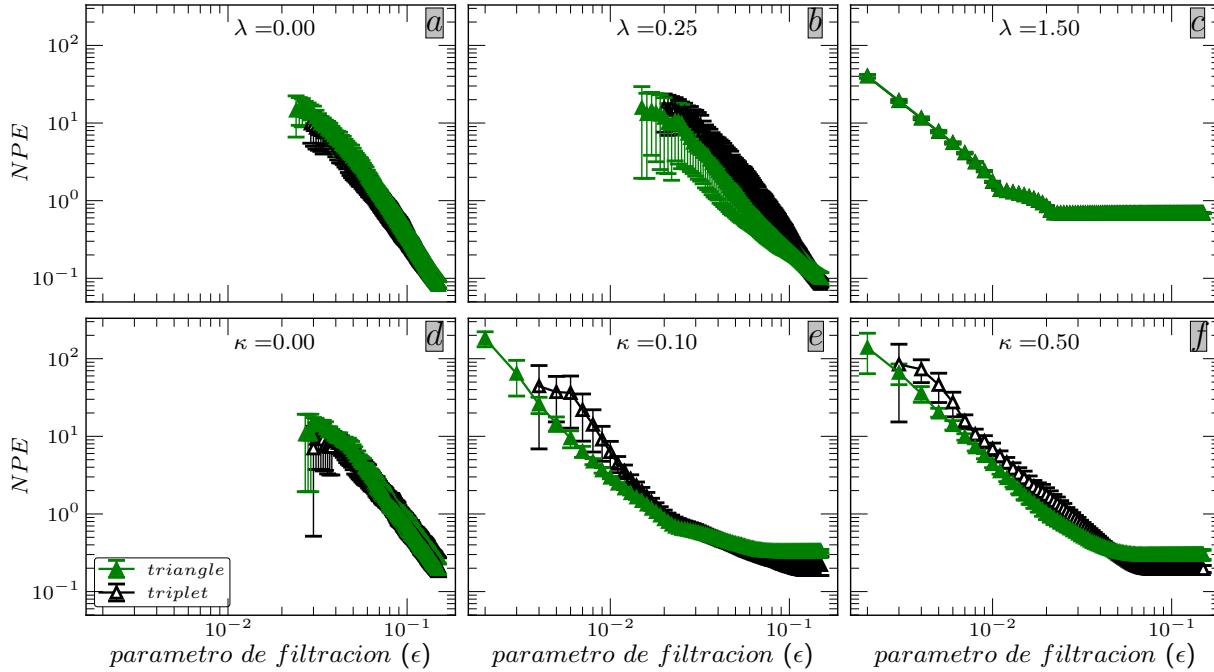


Figura 5.10: NPE de triángulos y tripletas vs parámetro de filtración. Los símbolos (verde para triángulos y negro para tripletas, respectivamente) representan la NPE promedio de \mathbf{H}_0 , en tanto que las barras verticales representan la desviación estándar, calculada sobre 10 elementos (triángulos o tripletas, según sea el caso) y para 10 realizaciones independientes cambiando las frecuencias iniciales del modelo para el caso de la red tipo Scale-Free (fila superior) y sobre 5 elementos para en caso de la red experimental (fila inferior) a estados asíncrono (panel [a], $\lambda = 0.00$, y panel [d], $\kappa = 0.00$ para Scale-Free y Experimental, respectivamente), de transición (panel [b], $\lambda = 0.25$, y panel [e], $\kappa = 0.10$ para Scale-Free y Experimental, respectivamente) y sincronizado (panel [c], $\lambda = 1.50$, y panel [e], $\kappa = 0.50$ para Scale-Free y Experimental, respectivamente).

Con la intención de corroborar la posibilidad de distinguir entre la dimensionalidad de la interacción de los nodos, para el conjunto de datos experimentales, comparamos la NPE de enlaces, bipletas (dos osciladores que no son adyacentes entre sí) triángulos y tripletas. Los resultados son presentados en la Figura 5.11.

Puede observarse que también para este conjunto de datos no es posible distinguir de manera clara si la interacción diádica (5.11[a]) ocurre entre nodos que no son adyacentes (bipletas, representadas con símbolos huecos de con color rojo) o si los nodos/osciladores son adyacentes (enlaces, representadas con símbolos sólidos de con color azul). Mientras que cuando el análisis es realizado a triadas (5.11[b]), sí es posible distinguir cuando estas

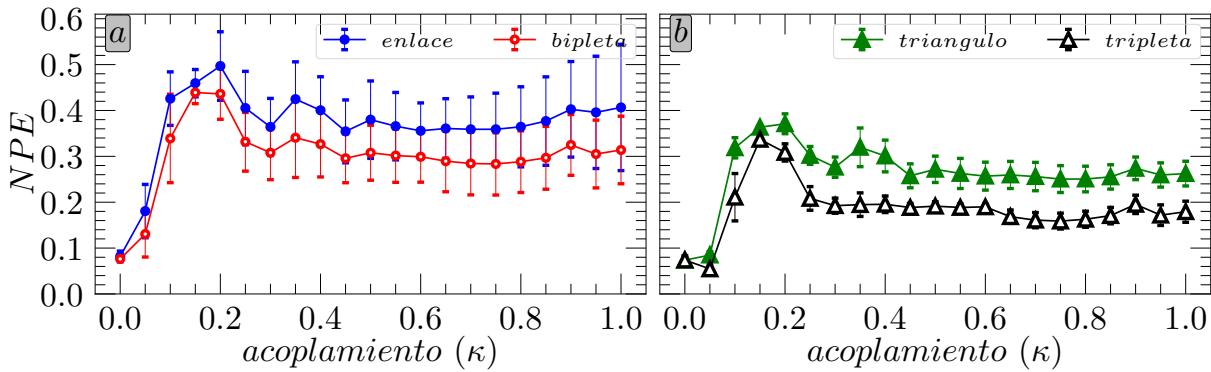


Figura 5.11: NPE de enlaces, bipletas, triángulos y tripletas vs acoplamiento. Los símbolos representan la NPE promedio para \mathbf{H}_0 , las barras verticales representan la desviación estándar, calculados sobre 5 elementos para enlaces y bipletas (panel [a], símbolos azules y rojos, respectivamente), y triángulos y tripletas (el panel [b], símbolos verdes para triángulos y negros para tripletas, respectivamente), para la red Experimental.

no son cerradas (tripletas, representadas con símbolos de triángulos huecos de color negro) a cuando los nodos que conforman la triada sí son adyacentes (triángulos, representados con símbolos de triángulos sólidos de color verde). Note que, como es de esperarse, cuando la red está en estado asíncrono ($\kappa = 0.00$), tanto en las interacciones diádicas como a triadas no existen diferencias en los valores de la NPE . Sin embargo, cuando los osciladores empiezan a retroalimentarse ($\kappa > 0$), la NPE es capaz de distinguir claramente entre triángulos y tripletas, lo cual no ocurre para enlaces y bipletas, corroborando que el análisis tridimensional, además de detectar de forma robusta la transición de un estado asíncrono a estado sincronizado, es capaz de distinguir entre la conectividad de la estructura local. Vale la pena mencionar que los resultados descritos en esta sección, obtenidos al aplicar nuestra estrategia de análisis fueron publicados en Scientific Reports. El lector puede consultar los detalles de esta publicación en la referencia [131].

Capítulo 6

CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS

En este trabajo adaptamos el concepto de *entropía de persistencia* y formulamos la *entropía de persistencia normalizada*, *NPE*, para caracterizar el fenómeno de sincronización en redes de osciladores acoplados con dinámicas de tipo Kuramoto (simuladas numéricamente, para redes con estructura de conectividad tipo Erdős-Rényi, Scale-Free y Aleatoria), y Rössler (datos experimentales reproducidos por [107]), al cuantificar la incertidumbre promedio de tiempos de vida de los diagramas de persistencia en grupos de homología de dimensión cero, \mathbf{H}_0 , uno, \mathbf{H}_1 tanto en interacciones a pares (bidimensionales) como a triadas (tridimensionales), consiguiendo identificar y distinguir estados asíncrono, de transición o sincronizado en que se encuentra el sistema cuando se estudia el estado de sincronización del sistema (red) como función del parámetro de filtración.

Los resultados obtenidos muestran que la información proporcionada por la *NPE* a diferentes escalas de los datos recuperada a diferentes valores de filtración permite caracterizar de forma robusta el sistema, toda vez que captura información a micro, meso y macro escalas de las señales, y sugieren además que la estructura de conectividad global de la red condiciona la “rapidez” de transición de estado asíncrono a estado sincronizado al notar que en redes con estructuras de conectividad aleatorias la transición es más “lenta” que en aquellas con conectividad global definidas como Erdős Rényi y Scale-Free.

Los triángulos, estructuras de conectividad local compuestas por tres nodos adyacentes en la conectividad global de la red, aportan información consistente para caracterizar el estado de sincronización de sistemas con dinámica y tipo de red analizadas (Kuramoto [Erdős-Rényi, Scale-Free y Aleatoria] y Rössler [experimental]). Para este tipo de redes, nuestra aproximación proporciona mayor información comparada con métricas clásicas como el phase locking value y el parámetro de orden. Adicionalmente, la información obtenida al analizar estas estructuras locales (triángulos) en la conectividad de la red no es posible obtenerla de estructuras tales como tripletas (tres osciladores no adyacentes ni formando parte de un triángulo), enlaces (dos osciladores adyacentes) o bipletas (dos nodos no adyacentes y que no hacen parte de un triángulo). Así, el espectro de filtración de la *NPE* de triángulos, es decir, la *NPE* como función del parámetro de filtración, es una herramienta que permite caracterizar de manera robusta y efectiva el estado de sincronización las redes analizadas, con gran potencial de aplicabilidad a sistemas cuyo proceso de análisis se asemeje a los aquí estudiados.

Una de las limitaciones en aplicar estrategias de análisis de datos basados en homología persistente es el costo computacional. Pese a los esfuerzos que hicimos en reducir el tiempo de cálculo al umbralizar adaptativamente el valor máximo de enlace que usa el algoritmo de [Gudhi](#) para generar el complejo simplicial a un valor óptimo para nuestro caso de estudio, los tiempos de cálculos aumentan con la cantidad de puntos y la dimensionalidad de la nube de puntos, de tal manera que este fue un factor que, por cuestiones de tiempo dentro del proyecto doctoral, limitó extender nuestros experimentos a sistemas con otro tipo de dinámica, dejando abiertas algunas preguntas interesantes como ¿es posible inferir la estructura de conectividad de una red usando homología persistente?, o ¿en redes densamente conectadas donde se forman estructuras de conectividad local de mayor orden como tetraedros, pentaedros y de mayor dimensión, tales estructuras locales también son capaces de extraer “información privilegiada” de la red?, siendo estos algunos de los horizontes que en investigaciones futuras exploraremos, para lo cual existen conjuntos de datos experimentales tales como los reportados por [106], quienes reprodujeron experimentos con osciladores de Rössler en estado caótico usando circuitos eléctricos para una variedad de estructuras de conectividad de redes reales; así como algunos conjuntos de datos generados particularmente en contexto simplicial y de sincronización como los reportados en las referencias [132, 133], los cuales serán de ayuda para responder lagunas de estas preguntas. Adicionalmente, como perspectivas futuras es de interés explorar el análisis de sincronización usando homología simplicial en sistemas biológicos, climáticos y financieros, configurados como red compleja, combinando las ideas aquí desarrolladas con diversas estrategias y propuestas en la comunidad investigadora de este fenómeno.

En resumen, en este trabajo:

- Se sentaron bases para identificar y cuantificar sincronización en redes de osciladores de Kuramoto acoplados como punto de partida para el estudio de este fenómeno en sistemas complejos usando homología persistente como herramienta.
- En los experimentos teóricos reproducidos mediante simulaciones numéricas, las características de redes fueron elegidas de tal forma que este tipo de estudios sean reproducibles y replicables en sistemas similares.
- Con base en los fundamentos teóricos, se identificaron parámetros computacionales relevantes, a fin de que estos puedan ser optimizados según sea el caso de aplicabilidad, para disminuir el costo de computo, que como instancia final implica menos gasto energético, siendo esto un aporte de mitigación al cambio climático.

Capítulo 7

REFERENCIAS

- [1] J. Ladyman, J. Lambert y K. Wiesner. «What is a complex system?». En: *Eur. Jour. Phil. Sci.* 3 (2013). DOI: [10.1007/s13194-012-0056-8](https://doi.org/10.1007/s13194-012-0056-8).
- [2] J. Newman. «Resource Letter CS-1: Complex Systems». En: *Amer. Jour. Phys.* 79.8 (2011). DOI: [10.1119/1.3590372](https://doi.org/10.1119/1.3590372).
- [3] Y. Liu y A. Barabási. «Control principles of complex systems». En: *Rev. Mod. Phys.* 88 (2016). DOI: [10.1103/RevModPhys.88.035006](https://doi.org/10.1103/RevModPhys.88.035006).
- [4] A. Zeng, S. Shen, Z. Zhou, J. Wu, Y. Fan, Y. Wang y H. Stanley. «The science of science: From the perspective of complex systems». En: *Phys. Rep.* 714-715 (2017). DOI: [10.1016/j.physrep.2017.10.001](https://doi.org/10.1016/j.physrep.2017.10.001).
- [5] R. Albert y A. Barabási. «Statistical mechanics of complex networks». En: *Rev. Mod. Phys.* 74 (2002). DOI: [10.1103/RevModPhys.74.47](https://doi.org/10.1103/RevModPhys.74.47).
- [6] J. Newman. «The Structure and Function of Complex Networks». En: *SIAM* 45.2 (2003). DOI: [10.1137/S003614450342480](https://doi.org/10.1137/S003614450342480).
- [7] S. Boccaletti, V. Latora, Y. Moreno, M. Chavez y D.-U. Hwang. «Complex networks: Structure and dynamics». En: *Phys. Rep.* 424.4 (2006). DOI: [10.1016/j.physrep.2005.10.009](https://doi.org/10.1016/j.physrep.2005.10.009).
- [8] P. Erdős y A. Rényi. «On random graphs». En: *Pub. Math.* 6 (1959). DOI: [10.5486%2FPMD.1959.6.3-4.12](https://doi.org/10.5486%2FPMD.1959.6.3-4.12).
- [9] D. Watts y S. Strogatz. «Collective dynamics of ‘small-world’networks». En: *nature* 393.6684 (1998). DOI: [10.1038/30918](https://doi.org/10.1038/30918).
- [10] M Newman, A. Barabási y D. Watts. *The Structure and Dynamics of Networks*. Princeton University Press, 2006. DOI: [10.1515/9781400841356](https://doi.org/10.1515/9781400841356).
- [11] R. Albert, H. Jeong y A. Barabási. «Diameter of the world-wide web». En: *nature* 401.6749 (1999). DOI: [10.1038/43601](https://doi.org/10.1038/43601).
- [12] A. Barabási, E. Ravasz y T. Vicsek. «Deterministic scale-free networks». En: *Physica A* 299.3 (2001). DOI: [10.1016/S0378-4371\(01\)00369-7](https://doi.org/10.1016/S0378-4371(01)00369-7).
- [13] R. Albert. «Scale-free networks in cell biology». En: *Jour. Cell Sci.* 118.21 (2005). DOI: [10.1242/jcs.02714](https://doi.org/10.1242/jcs.02714).

- [14] A. Barabási. «Scale-Free Networks: A Decade and Beyond». En: *Science* 325.5939 (2009). DOI: [10.1126/science.1173299](https://doi.org/10.1126/science.1173299).
- [15] J. Esquivel-Gómez, E. Stevens-Navarro, U. Pineda-Rico y J. Acosta-Elias. «A growth model for directed complex networks with power-law shape in the out-degree distribution». En: *Sci. Rep.* 5.1 (2015). DOI: [10.1038/srep07670](https://doi.org/10.1038/srep07670).
- [16] A. Broido y A. Clauset. «Scale-free networks are rare». En: *Nat. comm.* 10.1 (2019). DOI: [10.1038/s41467-019-08746-5](https://doi.org/10.1038/s41467-019-08746-5).
- [17] X. Zhang, Z. He, L. Zhang, L. Rayman-Bacchus, S. Shen e Y. Xiao. «The Analysis of the Power Law Feature in Complex Networks». En: *Entropy* 24.11 (2022). DOI: [10.3390/e24111561](https://doi.org/10.3390/e24111561).
- [18] X. Meng y B. Zhou. «Scale-free networks beyond power-law degree distribution». En: *Chaos* 176 (2023). DOI: [10.1016/j.chaos.2023.114173](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2023.114173).
- [19] J. Guillaume y M. Latapy. «Bipartite graphs as models of complex networks». En: *Physica A* 371.2 (2006). DOI: [10.1016/j.physa.2006.04.047](https://doi.org/10.1016/j.physa.2006.04.047).
- [20] P. Holme y J. Saramäki. «Temporal networks». En: *Phys. Rep.* 519.3 (2012). DOI: [10.1016/j.physrep.2012.03.001](https://doi.org/10.1016/j.physrep.2012.03.001).
- [21] M. De Domenico, A. Solé-Ribalta, E. Cozzo, M. Kivelä, Y. Moreno, M. A. Porter, S. Gómez y A. Arenas. «Mathematical Formulation of Multilayer Networks». En: *Phys. Rev. X* 3 (4 2013). DOI: [10.1103/PhysRevX.3.041022](https://doi.org/10.1103/PhysRevX.3.041022).
- [22] F. Battiston, V. Nicosia y V. Latora. «Structural measures for multiplex networks». En: *Phys. Rev. E* 89 (3 2014). DOI: [10.1103/PhysRevE.89.032804](https://doi.org/10.1103/PhysRevE.89.032804).
- [23] A. Pikovsky, M. Rosenblum y J. Kurths. *Synchronization: A Universal Concept in Nonlinear Sciences*. Cambridge University Press, 2003. ISBN: 9780521533522.
- [24] S. Strogatz. *Sync: The Emerging Science of Spontaneous Order*. Hyperion Press, 2003. ISBN: 0786868449.
- [25] R. Fisher, W. Boas, W. Blume, C. Elger, P. Genton, P. Lee y Engel J. «Epileptic Seizures and Epilepsy: Definitions Proposed by the International League Against Epilepsy (ILAE) and the International Bureau for Epilepsy (IBE)». En: *Epilepsia* 46.4 (2005). DOI: [10.1111/j.0013-9580.2005.66104.x](https://doi.org/10.1111/j.0013-9580.2005.66104.x).
- [26] A. Arenas, A. Díaz-Guilera, J. Kurths, Y. Moreno y C. Zhou. «Synchronization in complex networks». En: *Phys. Rep.* 469.3 (2008). DOI: [10.1016/j.physrep.2008.09.002](https://doi.org/10.1016/j.physrep.2008.09.002).
- [27] A. Winfree. «Biological rhythms and the behavior of populations of coupled oscillators». En: *Jour. of Theo. Biol.* 16.1 (1967). DOI: [10.1016/0022-5193\(67\)90051-3](https://doi.org/10.1016/0022-5193(67)90051-3).
- [28] Y. Kuramoto. «Self-entrainment of a population of coupled non-linear oscillators». En: *International Symposium on Mathematical Problems in Theoretical Physics*. Ed. por Huzihiro Araki. Springer, 1975. DOI: [10.1007/BFb0013365](https://doi.org/10.1007/BFb0013365).
- [29] M. Rosenblum, A. Pikovsky y J. Kurths. «Phase Synchronization of Chaotic Oscillators». En: *Phys. Rev. Lett.* 11 (1996).

- [30] M. Rosenblum y J. Kurths. «Analysing Synchronization Phenomena from Bivariate Data by Means of the Hilbert Transform». En: *Nonl. Anal. of Phys. Data*. Springer, 1998. DOI: [10.1007/978-3-642-71949-3_6](https://doi.org/10.1007/978-3-642-71949-3_6).
- [31] M. Rosenblum, A. Pikovsky, J. Kurths, C. Schafer y P. Tass. «Chapter 9 Phase synchronization: From theory to data analysis». En: *Neuro-Informatics and Neural Modelling*. Ed. por F. Moss y S. Gielen. Vol. 4. Handbook of Biological Physics. North-Holland, 2001. DOI: [10.1016/S1383-8121\(01\)80012-9](https://doi.org/10.1016/S1383-8121(01)80012-9).
- [32] J. Acebrón, L. Bonilla, C. Pérez-Vicente, F. Ritort y R. Spigler. «The Kuramoto model: A simple paradigm for synchronization phenomena». En: *Rev. Mod. Phys.* 77 (2005). DOI: <https://doi.org/10.1103/RevModPhys.77.137>.
- [33] G. Carlsson. «Topology and data». En: *Bull. Amer. Math. Soc.* 46.42 (2009). DOI: [10.1090/S0273-0979-09-01249-X](https://doi.org/10.1090/S0273-0979-09-01249-X).
- [34] A. Zomorodian. «Topological Data Analysis». En: *Adv. Appl. Comp. Top.* 70 (2012). DOI: [10.1090/psapm/070](https://doi.org/10.1090/psapm/070).
- [35] L. Wasserman. «Topological Data Analysis». En: *Ann. Rev. Stat. Appl.* 5.1 (2018). DOI: [10.1146/annurev-statistics-031017-100045](https://doi.org/10.1146/annurev-statistics-031017-100045).
- [36] H. Edelsbrunner, D. Letscher y A. Zomorodian. «Topological Persistence and Simplification». En: *Disc. Comput. Geom.* 28 (2002). DOI: [10.1007/s00454-002-2885-2](https://doi.org/10.1007/s00454-002-2885-2).
- [37] A. Zomorodian y G. Carlsson. «Computing persistent homology». En: *Proceedings of the Twentieth Annual Symposium on Computational Geometry*. Association for Computing Machinery, 2004. DOI: [10.1145/997817.997870](https://doi.org/10.1145/997817.997870).
- [38] G. Carlsson, A. Zomorodian, A. Collins y L. Guibas. «Persistence barcodes for shapes». En: *Int. Jour. Shape Mod.* 11.02 (2005). DOI: [10.1142/S0218654305000761](https://doi.org/10.1142/S0218654305000761).
- [39] H. Edelsbrunner y J. Harer. «Persistent homology-a survey». En: *European Congress of Mathematics*. Vol. 453. 26. 2008. DOI: [10.1090/conm/453/08802](https://doi.org/10.1090/conm/453/08802).
- [40] H. Edelsbrunner y D. Morozov. «Persistent homology: theory and practice». En: *California Digital Library* (2013). DOI: [10.4171/120](https://doi.org/10.4171/120).
- [41] F. Takens. «Detecting strange attractors in turbulence». En: *Dynamical Systems and Turbulence, Warwick 1980*. Ed. por D. Rand y L. Young. Springer, 1981. DOI: doi.org/10.1007/BFb0091924.
- [42] E. Edelsbrunner y J. Harer. *Computational topology: an introduction*. QA3-611-E353. American Mathematical Society, 2010. ISBN: 978-0-8218-4925-5.
- [43] F. Chazal y B. Michel. «An Introduction to Topological Data Analysis: Fundamental and Practical Aspects for Data Scientists». En: *Front. in Art. Intel.* 4 (2021). DOI: [10.3389/frai.2021.667963](https://doi.org/10.3389/frai.2021.667963).
- [44] C. Shannon. «A mathematical theory of communication». En: *The Bell system technical journal* 27.3 (1948). DOI: [10.1002/j.1538-7305.1948.tb01338.x](https://doi.org/10.1002/j.1538-7305.1948.tb01338.x).

- [45] M. Rucco, F. Castiglione, E. Merelli y M. Pettini. «Characterisation of the idiotypic immune network through persistent entropy». En: *European Conference on Complex Systems (ECCS14)*. Proceedings of ECCS 2014. Sep. de 2014. DOI: [10.1007/978-3-319-29228-1\11](https://doi.org/10.1007/978-3-319-29228-1_11).
- [46] V. De Silva y R. Ghrist. «Coverage in sensor networks via persistent homology». En: *Algebraic and Geometric Topology* 7.1 (2007). DOI: [10.2140/agt.2007.7.339](https://doi.org/10.2140/agt.2007.7.339).
- [47] G. Dávila, A. Morante y J. Vallejo. *Synchronization of dynamical systems: an approach using a Computer Algebra System*. 2018. DOI: [10.48550/arXiv.1809.05271](https://doi.org/10.48550/arXiv.1809.05271).
- [48] K. Xia y G. Wei. «Persistent homology analysis of protein structure, flexibility, and folding». En: *Int. Jour. for Num. Meth. in Biom. Eng.* 30.8 (2014). DOI: [10.1002/cnm.2655](https://doi.org/10.1002/cnm.2655).
- [49] O. Vipond, j. Bull, P. Macklin, U. Tillmann, C. Pugh, H. Byrne y Harrington H. «Multiparameter persistent homology landscapes identify immune cell spatial patterns in tumors». En: *Proc. of the Nat. Acad. of Sci.* 118.41 (2021). DOI: [10.1073/pnas.2102166118](https://doi.org/10.1073/pnas.2102166118).
- [50] Y. Chung, C. Hu, Y. Lo y H. Wu. «A Persistent Homology Approach to Heart Rate Variability Analysis With an Application to Sleep-Wake Classification». En: *Fron. in Phys.* 12 (2021). DOI: [10.3389/fphys.2021.637684](https://doi.org/10.3389/fphys.2021.637684).
- [51] A. Bois, B. Tervil, A. Moreau, A. Vienne-Jumeau, D. Ricard y L. Oudre. «A topological data analysis-based method for gait signals with an application to the study of multiple sclerosis». En: *PLoS ONE* 17.5 (2022). DOI: [10.1371/journal.pone.0268475](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0268475).
- [52] A. Lombardi, N. Amoroso, D. Diacono, A. Monaco, S. Tangaro y R. Bellotti. «Individual Topological Analysis of Synchronization-Based Brain Connectivity». En: *Appl. Sci.* 10.9 (2020). DOI: [10.3390/app10093275](https://doi.org/10.3390/app10093275).
- [53] I. Donato, M. Gori, M. Pettini, G. Petri, S. De Nigris, R. Franzosi y F. Vaccarino. «Persistent homology analysis of phase transitions». En: *Phys. Rev. E* 93 (5 2016). DOI: [10.1103/PhysRevE.93.052138](https://doi.org/10.1103/PhysRevE.93.052138).
- [54] D. Leykam y D. Angelakis. «Photonic band structure design using persistent homology». En: *APL Photonics* 6.3 (2021). DOI: [10.1063/5.0041084](https://doi.org/10.1063/5.0041084).
- [55] K. Mittal y S. Gupta. «Topological characterization and early detection of bifurcations and chaos in complex systems using persistent homology». En: *Chaos* 27.5 (2017). DOI: [10.1063/1.4983840](https://doi.org/10.1063/1.4983840).
- [56] H. Morita, M. Inatsu y H. Kokubu. «Topological Computation Analysis of Meteorological Time-Series Data». En: *SIAM* 18.2 (2019). DOI: [10.1137/18M1184746](https://doi.org/10.1137/18M1184746).
- [57] S. Musa, S. Sadiq, M. Mohd, A. Fatimah, I. Munira, M. Alias y S. Hussain. «Using persistent homology as preprocessing of early warning signals for critical transition in flood». En: *Sci. Rep.* 11.1 (2021). DOI: [10.1038/s41598-021-86739-5](https://doi.org/10.1038/s41598-021-86739-5).
- [58] B. Stolz, H. Harrington y M. Porter. «Persistent homology of time-dependent functional networks constructed from coupled time series». En: *Chaos* 27.4 (2017). DOI: [10.1063/1.4978997](https://doi.org/10.1063/1.4978997).

- [59] c. Pereira y R. de Mello. «Persistent homology for time series and spatial data clustering». En: *Exp. Sys. with Appl.* 42.15 (2015). DOI: [10.1016/j.eswa.2015.04.010](https://doi.org/10.1016/j.eswa.2015.04.010).
- [60] A. Dunton. «Topological Data Analysis for Systems of Coupled Oscillators». Tesis doct. Claremont: Harvey Mudd College, 2016.
- [61] H. Seifert y W. Threlfall. *A textbook of topology*. British Library Cataloguing-in-Publication Data. Academic Press, 1980. ISBN: 0-12-634850-2.
- [62] J. Munkres. *Elements of algebraic topology*. Second. Library of Congress Cataloguing in Publication Data. Addison-Wesley Publishing Company, 1984. ISBN: 0-201-04586-9.
- [63] I. James. *Handbook of Algebraic Topology*. Elsevier, 1995. DOI: [10.1016/B978-0-444-81779-2.X5000-7](https://doi.org/10.1016/B978-0-444-81779-2.X5000-7).
- [64] J. Munkres. *Topology*. Second. British Library Cataloguing-in-Publication Data. Pearson Education Limited, 2014. ISBN: 1-292-02362-7.
- [65] T. Dey e Y. Wang. *Computational Topology for Data Analysis*. Cambridge University Press, 2022. DOI: [10.1017/9781009099950](https://doi.org/10.1017/9781009099950).
- [66] F. Chazal, B. Fasy, F. Lecci, A. Rinaldo y L. Wasserman. «Stochastic Convergence of Persistence Landscapes and Silhouettes». En: *Proceedings of the Thirtieth Annual Symposium on Computational Geometry*. Association for Computing Machinery, 2014. DOI: [10.1145/2582112.2582128](https://doi.org/10.1145/2582112.2582128).
- [67] P. Bubenik y P. Dłotko. «A persistence landscapes toolbox for topological statistics». En: *Journal of Symbolic Computation* 78 (2017). DOI: [10.1016/j.jsc.2016.03.009](https://doi.org/10.1016/j.jsc.2016.03.009).
- [68] P. Bubenik. «The Persistence Landscape and Some of Its Properties». En: *Topological Data Analysis*. Springer International Publishing, 2020. DOI: [10.1007/978-3-030-43408-3_4](https://doi.org/10.1007/978-3-030-43408-3_4).
- [69] N. Ravishanker y R. Chen. «An introduction to persistent homology for time series». En: *Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics* 13.3 (2021).
- [70] P. Bubenik y P. Kim. «A statistical approach to persistent homology». En: *Homology, Homotopy and Applications* 9.2 (2007).
- [71] M. Kerber. «Persistent homology: state of the art and challenges». En: *International Mathematische Nachrichten* 231.15-33 (2016).
- [72] Y. Singh, C. Farrelly, Q. Hathaway, T. Leiner, J. Jagtap, G. Carlsson y B. Erickson. «Topological data analysis in medical imaging: current state of the art». En: *Insights into Imaging* 14.1 (2023). DOI: [10.1186/s13244-023-01413-w](https://doi.org/10.1186/s13244-023-01413-w).
- [73] M. Uray, B. Giunti, M. Kerber y S. Huber. «Topological Data Analysis in smart manufacturing: State of the art and future directions». En: *Jour. of Manuf. Sys.* 76 (2024). DOI: [10.1016/j.jmsy.2024.07.006](https://doi.org/10.1016/j.jmsy.2024.07.006).
- [74] H. Chintakunta, T. Gentimis, R. Gonzalez-Diaz, M. Jimenez y H. Krim. «An entropy-based persistence barcode». En: *Patt. Recog.* 48.2 (2015). DOI: [10.1016/j.patcog.2014.06.023](https://doi.org/10.1016/j.patcog.2014.06.023).

- [75] B. Fasy, F. Lecci, A. Rinaldo, L. Wasserman, S. Balakrishnan y A. Singh. «Confidence sets for persistence diagrams». En: *The Ann. of Stat.* 42.6 (2014). DOI: [10.1214/14-AOS1252](https://doi.org/10.1214/14-AOS1252).
- [76] A. J Blumberg, I. Gal, M. A Mandell y M. Pancia. «Robust statistics, hypothesis testing, and confidence intervals for persistent homology on metric measure spaces». En: *Found. of Comp. Math.* 14 (2014). DOI: [10.1007/s10208-014-9201-4](https://doi.org/10.1007/s10208-014-9201-4).
- [77] A. Monod, S. Kališnik, J. Patiño-Galindo y L. Crawford. «Tropical Sufficient Statistics for Persistent Homology». En: *SIAM* 3.2 (2019). DOI: [10.1137/17M1148037](https://doi.org/10.1137/17M1148037).
- [78] R. Ghrist. «Barcodes: The persistent topology of data». En: *Bull. Amer. Math. Soc.* 45 (2008).
- [79] C. Epstein, G. Carlsson y H. Edelsbrunner. «Topological data analysis». En: *Inverse Problems* 27.12 (2011). DOI: [10.1088/0266-5611/27/12/120201](https://doi.org/10.1088/0266-5611/27/12/120201).
- [80] J. Perea y J. Harer. *Sliding Windows and Persistence: An Application of Topological Methods to Signal Analysis*. 2013. DOI: [10.48550/ARXIV.1307.6188](https://arxiv.org/abs/1307.6188).
- [81] n. Atienza, r. González-Díaz y M. Soriano-Trigueros. «On the stability of persistent entropy and new summary functions for topological data analysis». En: *Pattern Recognition* 107 (2020). DOI: [10.1016/j.patcog.2020.107509](https://doi.org/10.1016/j.patcog.2020.107509).
- [82] S. Maletić, Y. Zhao y M. Rajković. «Persistent topological features of dynamical systems». En: *Chaos* 26.5 (2016). DOI: [10.1063/1.4949472](https://doi.org/10.1063/1.4949472).
- [83] J. Garland, E. Bradley y J. Meiss. «Exploring the topology of dynamical reconstructions». En: *Physica D* 334 (2016). DOI: [10.1016/j.physd.2016.03.006](https://doi.org/10.1016/j.physd.2016.03.006).
- [84] D. Horak, S. Maletić y M. Rajković. «Persistent homology of complex networks». En: *Jour. of Stat. Mech.* 2009.03 (2009). DOI: [https://dx.doi.org/10.1088/1742-5468/2009/03/P03034](https://doi.org/10.1088/1742-5468/2009/03/P03034).
- [85] A. Myers, E. Munch y F. Khasawneh. «Persistent homology of complex networks for dynamic state detection». En: *Phys. Rev. E* 100 (2 2019). DOI: [10.1103/PhysRevE.100.022314](https://doi.org/10.1103/PhysRevE.100.022314).
- [86] M. Aktas, E. Akbas y A. Fatmaoui. «Persistence homology of networks: methods and applications». En: *Appl. Net. Sci.* 4.1 (2019). DOI: [10.1007/s41109-019-0179-3](https://doi.org/10.1007/s41109-019-0179-3).
- [87] F. Battiston, A. Barrat, G. Bianconi, G. Ferraz de Arruda, B. Franceschiello, I. Iacopini, S. Kéfi, V. Latora, Y. Moreno, M. Murray, T. Peixoto, F. Vaccarino y G. Petri. «The physics of higher-order interactions in complex systems». En: *Nat. Phys.* 17.10 (2021). DOI: [10.1038/s41567-021-01371-4](https://doi.org/10.1038/s41567-021-01371-4).
- [88] J. Berwald, M. Gidea y M. Vejdemo-Johansson. *Automatic recognition and tagging of topologically different regimes in dynamical systems*. 2013. DOI: [10.48550/ARXIV.1312.2482](https://arxiv.org/abs/1312.2482).
- [89] G. Carlsson. «Topological methods for data modelling». En: *Nat. Rev. Phys.* 2 (2020). DOI: [10.1038/s42254-020-00249-3](https://doi.org/10.1038/s42254-020-00249-3).

- [90] A. Zomorodian y G. Carlsson. «The theory of multidimensional persistence». En: *Proceedings of the twenty-third annual symposium on Computational geometry* (2007). DOI: [10.1145/1247069.1247105](https://doi.org/10.1145/1247069.1247105).
- [91] E. Carlsson, G. Carlsson y V. De Silva. «An algebraic topological method for feature identification». En: *Inter. Jour. of Comp. Geom. and Appl.* 16.04 (2006). DOI: [10.1142/S021819590600204X](https://doi.org/10.1142/S021819590600204X).
- [92] P. Christian, C. Chan, A. Hsu, F. Özal, D. Psaltis e I. Natarajan. «Topological data analysis of black hole images». En: *Phys. Rev. D* 106 (2 2022). DOI: [10.1103/PhysRevD.106.023017](https://doi.org/10.1103/PhysRevD.106.023017).
- [93] C. Hugenii. «The pendulum clock». En: *Trans RJ Blackwell, The Iowa State University Press, Ames* (1673). English translation: The Pendulum Clock, Iowa State University Press, Ames, 1986.
- [94] K. Czolczynski, P. Perlikowski, A. Stefanski y T. Kapitaniak. «Clustering and synchronization of n Huygens' clocks». En: *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications* 388.24 (2009). DOI: [10.1016/j.physa.2009.08.033](https://doi.org/10.1016/j.physa.2009.08.033).
- [95] Il. Blekhman. *Synchronization in science and technology*. ASME press, 1988.
- [96] H. Fujisaka y T. Yamada. «Stability Theory of Synchronized Motion in Coupled-Oscillator Systems:» en: *Progress of Theoretical Physics* 69.1 (1983). DOI: [10.1143/PTP.69.32](https://doi.org/10.1143/PTP.69.32).
- [97] L. Pecora y T. Carroll. «Synchronization in chaotic systems». En: *Phys. Rev. Lett.* 64 (8 1990). DOI: [10.1103/PhysRevLett.64.821](https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.64.821).
- [98] R. Femat y G. Solís-Perales. «On the chaos synchronization phenomena». En: *Phys. Lett. A* 262.1 (1999). DOI: [10.1016/S0375-9601\(99\)00667-2](https://doi.org/10.1016/S0375-9601(99)00667-2).
- [99] N. Rulkov, M. Sushchik, L. Tsimring y H. Abarbanel. «Generalized synchronization of chaos in directionally coupled chaotic systems». En: *Phys. Rev. E* 51 (2 1995). DOI: [10.1103/PhysRevE.51.980](https://doi.org/10.1103/PhysRevE.51.980).
- [100] M. Rosenblum, A. Pikovsky y J. Kurths. «From Phase to Lag Synchronization in Coupled Chaotic Oscillators». En: *Phys. Rev. Lett.* 78 (22 1997). DOI: [10.1103/PhysRevLett.78.4193](https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.78.4193).
- [101] C. Li, W. Sun y J. Kurths. «Synchronization between two coupled complex networks». En: *Phys. Rev. E* 76 (4 2007). DOI: [10.1103/PhysRevE.76.046204](https://doi.org/10.1103/PhysRevE.76.046204).
- [102] C. Wu. *Synchronization in complex networks of nonlinear dynamical systems*. World scientific, 2007.
- [103] Y. Tang, Q. Qian, H. Gao y J. Kurths. «Synchronization in complex networks and its application – A survey of recent advances and challenges». En: *Annual Reviews in Control* 38.2 (2014). DOI: [10.1016/j.arcontrol.2014.09.003](https://doi.org/10.1016/j.arcontrol.2014.09.003).
- [104] J. Gómez-Gardeñes, Y. Moreno y A. Arenas. «Paths to Synchronization on Complex Networks». En: *Phys. Rev. Lett.* 98 (3 2007). DOI: [10.1103/PhysRevLett.98.034101](https://doi.org/10.1103/PhysRevLett.98.034101).

- [105] O. Rössler. «Chaotic Behavior in Simple Reaction Systems». En: *Zeitschrift für Naturforschung A* 31.3-4 (1976). DOI: [doi:10.1515/zna-1976-3-408](https://doi.org/10.1515/zna-1976-3-408). URL: [10.1515/zna-1976-3-408](https://doi.org/10.1515/zna-1976-3-408).
- [106] V. Vera-Ávila, R. Sevilla-Escoboza, A. Lozano-Sánchez, R. Rivera-Durón y J. Buldú. «Experimental datasets of networks of nonlinear oscillators: Structure and dynamics during the path to synchronization». En: *Data in Brief* 28 (2020). DOI: [10.1016/j.dib.2019.105012](https://doi.org/10.1016/j.dib.2019.105012).
- [107] R. Sevilla-Escoboza y J. Buldú. «Synchronization of networks of chaotic oscillators: Structural and dynamical datasets». En: *Data in Brief* 7 (2016). DOI: [10.1016/j.dib.2016.03.097](https://doi.org/10.1016/j.dib.2016.03.097).
- [108] E. Forero-Ortiz, G. Tirabassi, C. Masoller y A. Pons. «Inferring the connectivity of coupled chaotic oscillators using Kalman filtering». En: *Sci. Rep.* 11.1 (2021). DOI: [10.1038/s41598-021-01444-7](https://doi.org/10.1038/s41598-021-01444-7).
- [109] J. Almendral, I. Leyva e I. Sendiña-Nadal. «Unveiling the Connectivity of Complex Networks Using Ordinal Transition Methods». En: *Entropy* 25.7 (2023). DOI: [10.3390/e25071079](https://doi.org/10.3390/e25071079).
- [110] R. Aristides, H. Cerdeira, C. Masoller y G. Tirabassi. «Inferring the connectivity of coupled oscillators from event timing analysis». En: *Chaos, Sol. and Frac.* 182 (2024). DOI: [10.1016/j.chaos.2024.114837](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2024.114837).
- [111] F. Rodrigues, T. Peron, P. Ji y J. Kurths. «The Kuramoto model in complex networks». En: *Phys. Rep.* 610 (2016). DOI: [10.1016/j.physrep.2015.10.008](https://doi.org/10.1016/j.physrep.2015.10.008).
- [112] Y. Kuramoto. «Chemical Turbulence». En: *Chem. Osc., Wav., and Turb.* Springer, 1984. DOI: [10.1007/978-3-642-69689-3_7](https://doi.org/10.1007/978-3-642-69689-3_7).
- [113] Florian Dörfler y Francesco Bullo. «On the Critical Coupling for Kuramoto Oscillators». En: *SIAM* 10.3 (2011). DOI: [10.1137/10081530X](https://doi.org/10.1137/10081530X).
- [114] J. Lachaux, E. Rodriguez, J. Martinerie y F. Varela. «Measuring phase synchrony in brain signals». En: *Hum. Bra. Mapp.* 8.4 (1999). DOI: [10.1002/\(SICI\)1097-0193\(1999\)8:4<194::AID-HBM4>3.0.CO;2-C](https://doi.org/10.1002/(SICI)1097-0193(1999)8:4<194::AID-HBM4>3.0.CO;2-C).
- [115] G. Cui, X. Li y H. Touyama. «Emotion recognition based on group phase locking value using convolutional neural network». En: *Sci. Rep.* 13.1 (2023). DOI: [10.1038/s41598-023-30458-6](https://doi.org/10.1038/s41598-023-30458-6).
- [116] A. Kraskov, H. Stögbauer y P. Grassberger. «Estimating mutual information». En: *Phys. Rev. E* 69 (6 2004). DOI: [10.1103/PhysRevE.69.066138](https://doi.org/10.1103/PhysRevE.69.066138).
- [117] F. Mormann, K. Lehnertz, P. David y C. Elger. «Mean phase coherence as a measure for phase synchronization and its application to the EEG of epilepsy patients». En: *Physica D* 144.3 (2000). DOI: [10.1016/S0167-2789\(00\)00087-7](https://doi.org/10.1016/S0167-2789(00)00087-7).
- [118] E. Ott. «Strange attractors and chaotic motions of dynamical systems». En: *Rev. Mod. Phys.* 53 (4 1981). DOI: [10.1103/RevModPhys.53.655](https://doi.org/10.1103/RevModPhys.53.655).
- [119] J. de Pedro-Carracedo, D. Fuentes-Jimenez, A. Ugena y A. Gonzalez-Marcos. «Phase Space Reconstruction from a Biological Time Series: A Photoplethysmographic Signal Case Study». En: *Appl. Sci.* 10.4 (2020). DOI: [10.3390/app10041430](https://doi.org/10.3390/app10041430).

- [120] D. A. Najera-Flores y M. Todd. «State-space reconstruction from partial observables using an invertible neural network with structure-preserving properties for nonlinear structural dynamics». En: *Nonl. Dyn.* 112.20 (2024). DOI: [10.1007/s11071-024-09642-4](https://doi.org/10.1007/s11071-024-09642-4).
- [121] M. Kennel, R. Brown y H. Abarbanel. «Determining embedding dimension for phase-space reconstruction using a geometrical construction». En: *Phys. Rev. A* 45 (6 1992). DOI: [10.1103/PhysRevA.45.3403](https://doi.org/10.1103/PhysRevA.45.3403).
- [122] L. Cao. «Practical method for determining the minimum embedding dimension of a scalar time series». En: *Physica D* 110.1 (1997). DOI: [10.1016/S0167-2789\(97\)00118-8](https://doi.org/10.1016/S0167-2789(97)00118-8).
- [123] H. Zhu y J. Huang. «A New Method for Determining the Embedding Dimension of Financial Time Series Based on Manhattan Distance and Recurrence Quantification Analysis». En: *Entropy* 24.9 (2022). DOI: [10.3390/e24091298](https://doi.org/10.3390/e24091298).
- [124] A. Albano, A. Passamante y M. Farrell. «Using higher-order correlations to define an embedding window». En: *Physica D* 54.1 (1991). DOI: [10.1016/0167-2789\(91\)90110-U](https://doi.org/10.1016/0167-2789(91)90110-U).
- [125] A. Fraser y H. Swinney. «Independent coordinates for strange attractors from mutual information». En: *Phys. Rev. A* 33 (2 1986). DOI: doi.org/10.1103/PhysRevA.33.1134.
- [126] D. Kugiumtzis. «State space reconstruction parameters in the analysis of chaotic time series — the role of the time window length». En: *Physica D* 95.1 (1996). DOI: [10.1016/0167-2789\(96\)00054-1](https://doi.org/10.1016/0167-2789(96)00054-1).
- [127] L. Guzman-Vargas, A. Zabaleta-Ortega y A. Guzman-Saenz. «Simplicial complex entropy for time series analysis». En: *Sci. Rep.* 13 (1 2023). DOI: [10.1038/s41598-023-49958-6](https://doi.org/10.1038/s41598-023-49958-6).
- [128] D. Loiseaux, M. Carrière y A. Blumberg. «A Framework for Fast and Stable Representations of Multiparameter Persistent Homology Decompositions». En: *Advances in Neural Information Processing Systems*. Ed. por A. Oh, T. Naumann, A. Globerson, K. Saenko, M. Hardt y S. Levine. Vol. 36. Curran Associates, Inc., 2023. DOI: [10.48550/arXiv.2306.11170](https://arxiv.org/abs/2306.11170).
- [129] A. Bayani, F. Nazarimehr, S. Jafari, K. Kovalenko, G. Contreras-Aso, K. Alfaro-Bittner, R. Sánchez-García y S. Boccaletti. «The transition to synchronization of networked systems». En: *Nat. Comm.* 15.1 (2024). DOI: [10.1038/s41467-024-48203-6](https://doi.org/10.1038/s41467-024-48203-6).
- [130] A. Zabaleta-Ortega, C. Masoller y L. Guzmán-Vargas. «Topological data analysis of the synchronization of a network of Rössler chaotic electronic oscillators». En: *Chaos* 33.11 (2023). DOI: <https://doi.org/10.1063/5.0167523>.
- [131] A. Zabaleta-Ortega, C. Masoller y L. Guzmán-Vargas. «Unveiling synchronization transitions in networks of coupled oscillators through persistent homology of local structures». En: *Sci. Rep.* 12 (2025). DOI: [10.1038/srep\[EnPreparacion\]](https://doi.org/10.1038/srep[EnPreparacion]).

- [132] R. Vera-Ávila V. and Rivera-Durón, M. Soriano-García, R. Sevilla-Escoboza y J. Buldú. «Electronic implementation of simplicial complexes». En: *Chaos, Solitons and Fractals* 183 (2024). DOI: [10.1016/j.chaos.2024.114915](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2024.114915).
- [133] V. Vera-Ávila, R. Rivera-Durón, O. Orozco-López, M. Soriano-García, R. Sevilla-Escoboza y J. Buldú. «Experimental datasets on synchronization in simplicial complexes». En: *Data in Brief* 57 (2024). DOI: [10.1016/j.dib.2024.111145](https://doi.org/10.1016/j.dib.2024.111145).

Capítulo 8

PUBLICACIONES Y PRESENTACIONES EVENTOS ACADEMÍCOS

Publicaciones

Como resultado de investigación asociada a este proyecto doctoral se publicaron los siguientes trabajos:

1. Topological data analysis of the synchronization of a network of Rössler chaotic electronic oscillators. *Chaos*. DOI: <https://doi.org/10.1063/5.0167523>
2. Unveiling synchronization transitions in networks of coupled oscillators through persistent homology of local structures. *Scientific Reports* DOI: [10.1038/srep\[EnPreparacion\]](https://doi.org/10.1038/srep[EnPreparacion]).

Además, participamos en los siguientes eventos:

Presentaciones en Congresos

1. “Retos y oportunidades de la Ingeniería Ambiental”. Universidad de Córdoba. Ponencia: “Cambio Climático: Una Perspectiva Numérica desde Homología Simplicial para el Análisis Sistemas Complejos”. Tipo de Contribución: Charla. Lugar: Montería, Colombia. Fecha: 04/06/2025.
2. “3ra. Jornada de Divulgación de la Ciencia y la Investigación”. Institución: Escuela Superior de Cómputo del Instituto Politécnico Nacional (ESCOM-IPN, México); Ponencia: Entropía multiescala de complejos simpliciales (MS-SCAE) aplicada al análisis de interlatido cardíaco. Tipo de Contribución: Charla. Lugar: Ciudad de México, México. Fecha: 06/06/2025.

Presentaciones en Escuelas

- 1.** “School on Synchronization: from collective motion to brain dynamics”. Institución: Instituto de Física Teórica de la Universidade Estadual Paulista. Ponencia: “Topological data analysis applied to the synchronization study in complex time series”. Tipo de Contribución: Poster. Lugar: Montería, Colombia. Fecha: 03/02/2025-14/02/2025.
- 2.** “ENREDANDO 2024 - ESCUELA IBEROAMERICANA DE REDES Y SISTEMAS COMPLEJOS”. Institución: Universidad Nacional de Colombia. Ponencia: “Análisis Topológico de Datos Aplicado al Análisis de Transiciones de Sincronización en Redes con Dinámica Tipo Rössler y Kuramoto”. Tipo de Contribución: Charla. Lugar: Bogotá, Colombia. Fecha: 29/07/2024-02/08/2024.

Presentaciones de Divulgación

- 1.** “Seminario del Programa de Doctorado en Ciencias Agrarias”. Institución: Universidad de Córdoba. Ponencia: “Cambio Climático: Una Perspectiva desde Sistemas Complejos”. Tipo de Contribución: Charla. Lugar: Montería, Colombia. Fecha: 22/04/2025.
- 2.** “Seminario del Programa de Doctorado en Ciencias Agrarias”. Institución: Universidad de Córdoba. Ponencia: “Análisis Topológico de Datos Aplicado al Estudio de Interdependencias en Series de Tiempo Complejas”. Tipo de Contribución: Charla. Lugar: Montería, Colombia. Fecha: 25/04/2024.
- 3.** “Jornada Académica de Ingeniería en Industrias Alimentarias: Tendencias y Desafíos en el Desarrollo de Productos Agroalimentarios”. Institución: Tecnológico de San Felipe del Progreso. Ponencia: “Efectos del Cambio Climático en la Producción Agrícola”. Tipo de Contribución: Charla. Lugar: Estado de México, México. Fecha: 16/05/2022.

representando nuestro aporte en literatura al estudio de sistemas complejos de dinámica no lineal durante el desarrollo de esta etapa.