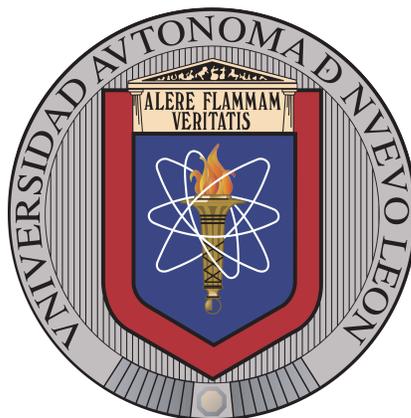


UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE CIENCIAS FÍSICO MATEMÁTICAS



ANÁLISIS TOPOLÓGICO DE DATOS PARA EL
RECONOCIMIENTO DE PATRONES EN CANTOS DE
AVES

POR

CARLOS RAFAEL VEGA HERRERA

COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE

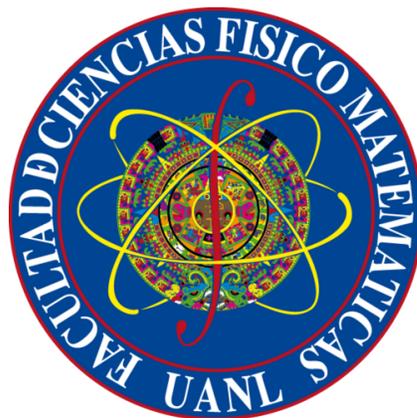
MAESTRÍA EN CIENCIAS
CON ORIENTACIÓN EN MATEMÁTICAS.

SAN NICOLÁS DE LOS GARZA, NUEVO LEÓN

DICIEMBRE 2024

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE CIENCIAS FÍSICO MATEMÁTICAS



ANÁLISIS TOPOLÓGICO DE DATOS PARA EL
RECONOCIMIENTO DE PATRONES EN CANTOS DE
AVES

POR

CARLOS RAFAEL VEGA HERRERA

COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRÍA EN CIENCIAS
CON ORIENTACIÓN EN MATEMÁTICAS.

SAN NICOLÁS DE LOS GARZA, NUEVO LEÓN

DICIEMBRE 2024

DECLARACIÓN DE AUTENTICIDAD

Declaro solemnemente que el documento que enseguida presento es fruto de mi propio trabajo, y hasta donde estoy enterada, no contiene material previamente publicado o escrito por alguien más, excepto aquellos materiales o ideas que por ser de otras personas les he dado el debido reconocimiento y los he citado cumplidamente en la bibliografía o las referencias. Declaro además que tampoco contiene material que haya sido aceptado para el otorgamiento de cualquier otro grado o diploma de alguna universidad o institución.

Carlos Rafael Vega Herrera

Universidad Autónoma de Nuevo León

Los miembros del Comité de Tesis recomendamos que la Tesis “Análisis topológico de datos para el reconocimiento de patrones en cantos de aves”, realizada por el alumno Carlos Rafael Vega Herrera, con número de matrícula 1354571, sea aceptada para su defensa como opción al grado de Maestría en Ciencias con Orientación en Matemáticas.

El Comité de Tesis

Dr. Francisco Hernández Cabrera

Director

Dr. Francisco Javier Almaguer Martínez

Co-Director

Dr. José Arturo Berrones Santos

Revisor

Vo. Bo.

Dr. Omar Jorge Ibarra Rojas

Coordinar del Posgrado en Ciencias con

Orientación en Matemáticas

San Nicolás de los Garza, Nuevo León, diciembre 2024

*Dedico este trabajo a mi madre, María de Jesús Herrera Romero,
por su amor incondicional y apoyo constante a lo largo de mi vida.
A mi hermano, Juan Evodio Vega Herrera, quien fue una inspiración
para interesarme en las ciencias.*

*A mis amigos y seres queridos que siempre creyeron en mí
y me brindaron su apoyo,
en especial a Fernando Ortiz y Rodrigo Rodríguez.*

*A el Doctor Francisco Hernández Cabrera, por su guía,
motivación y apoyo para alcanzar este logro.*

Gracias a todos ustedes, este sueño se ha hecho realidad.

ÍNDICE GENERAL

Agradecimientos	xv
Resumen	xvi
1. Introducción	1
1.1. Antecedentes o historia del arte	1
1.2. Justificación o motivación	12
1.3. Hipótesis	13
1.4. Objetivos	14
1.4.1. Objetivo general	14
1.4.2. Objetivos específicos	14
2. Marco Teórico	16
2.1. Aves	16
2.1.1. Aves Paseriformes	16
2.1.2. Siringe	16
2.1.3. Oscinos y Suboscinos	17

2.1.4.	Fuentes Sonoras en la Siringe	18
2.1.5.	Rufous-crowned Sparrow (<i>Aimophila ruficeps</i>)	19
2.1.6.	Bioacústica y Monitoreo de Especies	21
2.1.7.	Producción y Control del Canto en Aves	21
2.2.	Topología	23
2.2.1.	Esencia de la topología	23
2.2.2.	Propiedades de una topología	24
2.2.3.	Conjuntos abiertos y cerrados	24
2.2.4.	Ejemplo	25
2.2.5.	Invariantes topológicas	26
2.2.6.	Conjuntos Clopen	28
2.2.7.	Conjuntos que no son abiertos ni cerrados	29
2.2.8.	Dependencia de la Topología	29
2.2.9.	Conceptos Topológicos	30
2.2.10.	Análisis de espacios y homeomorfismos	31
2.2.11.	Principales herramientas del análisis topológico de datos	32
2.3.	Topología algebraica	33
2.3.1.	Espacio Vectorial y Base del Espacio Vectorial	33
2.3.2.	Span	36
2.3.3.	¿Qué es un Simplejo?	37

2.3.4. Complejo Simplicial	38
2.3.5. Ejemplo.	38
2.3.6. Aplicación en Topología Algebraica	39
2.3.7. Espacios Vectoriales Generados por Simplejos	39
2.3.8. Definición de Complejo Simplicial Abstracto	39
2.3.9. Espacios Vectoriales Generados por Simplejos	40
2.3.10. Mapeo Frontera y Construcción del Espacio Homológico	41
2.3.11. Homología Persistente y Construcción de Complejos Simpliciales	49
2.4. Análisis Topológico de Datos (TDA)	55
2.4.1. Homología Persistente en Análisis Topológico de Datos	56
2.4.2. Números de Betti y grupos de homología	57
2.4.3. Delay Embedding	58
2.4.4. Complejo Vietoris-Rips	59
2.4.5. Diagramas de Persistencia y Barcodes	60
2.4.6. Distancias entre diagramas de persistencia	62
2.4.7. Caso Especial: Arrays de 3 Dimensiones (x, y, z)	64
2.4.8. Distancia de Diagramas de Persistencia por Incrementos de Épsilon	65
2.5. Análisis espectral	66
2.5.1. Ondas Sonoras	66
2.5.2. Ruido	66

2.5.3. Filtros	67
2.5.4. Transformada de Fourier de Tiempo Corto (STFT)	67
2.5.5. Sonogramas y Análisis de Frecuencia	68
2.6. clustering jerárquico	69
2.6.1. Métodos de enlace(Linkage) utilizados en el clustering jerárquico	69
2.6.2. Métricas de distancia	72
3. Metodología	76
3.1. Especificaciones técnicas	76
3.2. Tratamiento de la base de datos	77
3.3. Preparación y Transformación de Archivos de Audio	77
3.3.1. Cargar y Convertir Archivos de Audio	77
3.4. Filtrado de las señales de audio	78
3.4.1. Selección de segmentos significativos del audio	78
3.5. Matriz concatenada	80
3.6. Matriz concatenada	82
3.7. Modificación con desplazamiento progresivo del espacio embebido . .	84
3.7.1. Ecuación Matemática del Ajuste	85
3.7.2. Ejemplo	85
3.7.3. Implicaciones	86
3.8. Homología persistente	88

4. Resultados	89
4.1. Clustering	89
4.2. Similitudes entre aves	91
5. Conclusión	97
5.1. Estado actual	98
5.2. Perspectiva a futuro	98

ÍNDICE DE FIGURAS

1.1. Ejemplo de similitud en los espectrogramas de los cantos tipo B y D del Canyon Wren en diferentes ubicaciones.	2
1.2. Ejemplos de vocalizaciones de <i>Calliphlox evelynae</i> y <i>C. e. lyrura</i> , mostrando las diferencias en los llamados de interacción agonística y variantes de sonidos específicos.	4
1.3. Patrones de divergencia acústica y morfológica en <i>Troglodytes aedon</i> a lo largo de un rango geográfico. Se muestran las variaciones en las vocalizaciones y características morfológicas de las subespecies.	5
1.4. Distribución geográfica de los tipos de canto de <i>Zonotrichia atricapilla</i> con gráficos de pastel que representan la frecuencia relativa de los cinco tipos de cantos comunes y los tipos de cantos más raros en cada sitio de muestreo.	7
1.5. Espectrograma representativo de un canto de <i>Geothlypis trichas</i> , mostrando los trinos repetidos y las mediciones clave realizadas, incluyendo la frecuencia máxima, mínima, duración de la frase, ancho de banda, y duraciones de las notas.	8
1.6. Relación entre la frecuencia pico media de los cantos de aves y la temperatura media anual. Los puntos representan especies individuales, y la línea de regresión Lowess (en gris) ilustra la tendencia general.	9

1.7. Toroide.	10
1.8. Diagrama de persistencia del toroide.	10
1.9. Disposición de los sitios activos de la proteína de unión a maltosa (MBP) dentro del complejo de Vietoris-Rips a un valor de filtración de $t = 0.150$. Los sitios activos (círculos rojos) se encuentran cercanos al bucle más persistente.	12
2.1. Variedades de aves passeriformes. Imagen tomada de ecologiaverde.com . 17	17
2.2. Vista esquemática ventro-lateral de la siringe de un ave oscina, mostrando los principales músculos involucrados en la producción de cantos. Los músculos (o grupos de músculos) tienen tareas bien definidas, como controlar la frecuencia de la vocalización y el cierre activo de la luz de la siringe. Los músculos principales incluyen: vS, músculo siringealis ventralis; dS, músculo siringealis dorsalis; TL, músculo traqueolateralis; vTB, músculo traqueobronchialis ventralis; B, bronquios. 18	18
2.3. Secciones ventrales de la siringe. (a) Siringe traqueobronquial con dos fuentes sonoras, común en los oscinos (<i>Toxostoma rufum</i>), donde las válvulas vocales se forman por la aducción de los labios lateral y medial. (b) Siringe traqueal (<i>Streptopelia risoria</i>), con una válvula vocal formada por las membranas timpánicas laterales. (c) Siringe bronquial (<i>Steatornis caripensis</i>), que presenta una asimetría en la longitud de los bronquios.	19
2.4. Rufous-crowned Sparrow (<i>Aimophila ruficeps</i>). Imagen de Ron Knight. 20	20
2.5. Modelo de aleteo de los labios de la siringe, mostrando los modos coordinados de movimiento. (a) Movimiento lateral de los labios en el modelo de aleteo. (b) Propagación de la onda hacia arriba a lo largo de los labios.	22

2.6. Descomposición del complejo simplicial K en sus componentes: $C_2(K)$ con el triángulo σ ; $C_1(K)$ con las aristas α, β, γ ; y $C_0(K)$ con los vértices a, b, c	41
2.7. Ejemplo de mapeo frontera: $\partial_2(\sigma)$	43
2.8. Ejemplo de huecos de dimensión 0 y 1. La figura a) muestra dos conjuntos de puntos rodeados por círculos, representando dos componentes no conexas. La figura b) muestra un anillo más denso rodeado por dos círculos, indica 1 hueco de dimension 1.	57
3.1. Filtrado del audio	79
3.2. Análisis de Fourier	79
3.3. Segmentación del audio en ventanas	79
3.4. audio 3d	81
3.5. Audio normalizado	81
3.6. Representación tridimensional (x, y, z) obtenida del delay embedding (arriba). (b) Gráfico de audio original en 2D (tiempo vs amplitud) (abajo).	87
3.7. Diagrama de persistencia para los grupos de homología H_0, H_1 y H_2 (izquierda). Además, se muestra el barcode de persistencia (derecha).	87
4.1. Matriz de similitud de trinos de aves, mostrando el porcentaje de similitud entre diferentes aves.	90
4.2. Mapa de calor agrupado de los trinos de aves, mostrando las similitudes y los grupos formados mediante análisis de clustering jerárquico.	94
4.3. Tabla de similitudes entre aves.	95

4.4. Tabla de similitudes entre aves. 96

AGRADECIMIENTOS

Quiero expresar mi más sincero agradecimiento a todas las personas e instituciones que hicieron posible la realización de esta tesis.

Agradezco a mi asesor de tesis, el Doctor Francisco Hernández Cabrera, por su invaluable guía, paciencia y apoyo durante todo el proceso. Su experiencia y dedicación fueron fundamentales para el desarrollo de este trabajo.

A mi comité de tesis, integrado por el Dr. Francisco Javier Almaguer Martínez y el Dr. José Arturo Berrones Santos, quienes con sus comentarios y sugerencias enriquecieron significativamente este proyecto. Gracias por su tiempo y compromiso en revisar este trabajo.

A Rodrigo Rodríguez Gutiérrez, quien no solo fue un apoyo académico invaluable, sino también una fuente constante de motivación y amistad.

A la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas de la Universidad Autónoma de Nuevo León, por proporcionarme las herramientas y el entorno académico necesario para alcanzar mis metas. Agradezco a todos mis profesores por compartir sus conocimientos y por inspirarme a seguir aprendiendo.

Quiero expresar mi gratitud al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por la beca otorgada durante mis estudios de maestría, la cual me permitió dedicarme de lleno a mi formación académica y a esta investigación.

Gracias a todos por formar parte de este logro.

RESUMEN

Este trabajo presenta un enfoque innovador basado en el Análisis Topológico de Datos (TDA) para estudiar los patrones acústicos en los cantos de aves, específicamente en la especie *Aimophila ruficeps*. Este trabajo se motiva por la importancia de los cantos en la comunicación de las aves y su relación con factores evolutivos y ecológicos. A diferencia de técnicas tradicionales como espectrogramas y transformadas de Fourier, el TDA permite capturar características topológicas que permanecen invariantes bajo transformaciones, ofreciendo una comprensión más profunda de la estructura de los datos acústicos. La metodología incluye el preprocesamiento de los datos de audio, su segmentación en trinos individuales y el uso de diagramas de persistencia para identificar patrones característicos. También se emplean técnicas de clustering jerárquico para agrupar especies con similitudes acústicas. Los resultados demuestran la capacidad de este enfoque para identificar estructuras relevantes en los cantos y representar la diversidad acústica entre especies, contribuyendo al entendimiento de la biodiversidad y su conservación. Este trabajo resalta el potencial del TDA como herramienta avanzada para el análisis de datos bioacústicos y la identificación de patrones complejos que no pueden ser detectados con métodos tradicionales.

CAPÍTULO 1

INTRODUCCIÓN

El estudio del canto de las aves ha fascinado a biólogos y científicos durante décadas, debido a su complejidad y diversidad. Los cantos de las aves no solo desempeñan un papel crucial en la comunicación entre individuos, sino que también están sujetos a una serie de presiones evolutivas y ambientales. Comprender cómo se desarrollan y evolucionan estos patrones acústicos es esencial para profundizar en nuestro conocimiento sobre la biología y la ecología de las aves.

1.1 ANTECEDENTES O HISTORIA DEL ARTE

William Thorpe, pionero en la investigación del canto de las aves en la década de 1950, descubrió que los polluelos de pinzón criados sin exposición a machos adultos desarrollaban cantos anormales. Sin embargo, cuando se los exponía a grabaciones de aves silvestres, cantaban cantos específicos de la especie, lo que demostraba la necesidad de aprender a una edad temprana Thorpe (1958).

En su estudio, Peter Marler (1970) investiga el aprendizaje vocal en el gorrion corona blanca (*Zonotrichia leucophrys*), destacando su capacidad para imitar vocalizaciones en su entorno natural, en contraste con otros animales, como los primates no humanos. Los machos de esta especie aprenden sus canciones a partir de la inter-

acción con adultos, desarrollando dialectos locales en función del ambiente acústico Marler (1970).

El estudio de Benedict et al. (2013) examina el canto del cucarachero barranquero (*Catherpes mexicanus*), proporcionando una descripción detallada de su vocalización en Colorado y otros lugares. Los machos poseen un repertorio de cinco tipos de canto, mientras que las hembras utilizan un solo tipo y cantan con poca frecuencia. Se observa una alta tasa de superposición, 94 por ciento en los tipos de canto entre machos.

La Figura 1.1 en muestra ejemplos de espectrogramas de dos tipos de cantos del Canyon Wren (*Catherpes mexicanus*) registrados en seis ubicaciones diferentes a lo largo del rango de la especie, como se indica con áreas sombreadas en gris en el mapa. Los cantos tipo B y tipo D se mantienen relativamente conservados en distintas regiones geográficas, desde Colorado hasta lugares como Arizona, México y California.

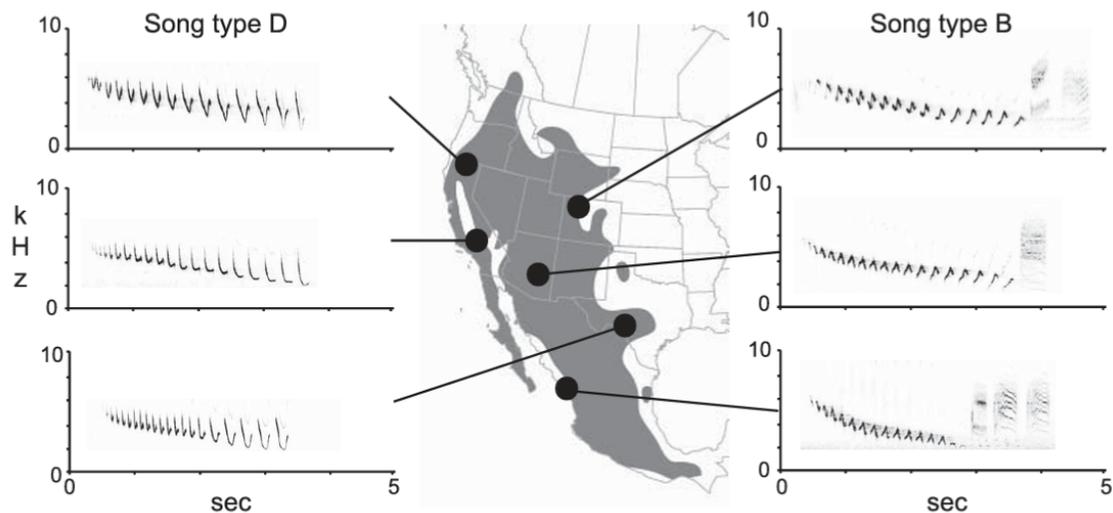


FIGURA 1.1: Ejemplo de similitud en los espectrogramas de los cantos tipo B y D del Canyon Wren en diferentes ubicaciones.

Los resultados indican que el repertorio del cucarachero barranquero es relativamente pequeño en comparación con otras especies, sugiriendo que factores ecológicos,

como la baja densidad poblacional y la falta de migración, contribuyen a esta característica. Este estudio es fundamental para entender cómo la ecología y la historia de vida influyen en la diversidad del canto de las aves Benedict *et al.* (2013).

El estudio de Feo *et al.* (2014) investiga la divergencia morfológica y genética entre dos subespecies de picaflor endémicas de las Bahamas: *Calliphlox evelynae evelynae* y *Calliphlox evelynae lyrura*. La investigación incluye análisis de vocalizaciones, canciones, y sonidos mecánicos, así como la variación morfológica en ambos taxones.

La Figura 1.2 muestra ejemplos de vocalizaciones de *Calliphlox evelynae* y *C. e. lyrura*, destacando las diferencias en los llamados generales y de regaño emitidos durante interacciones conflictivas. Se analizan las estructuras de las sílabas y los patrones de repetición, incluyendo variantes como el llamado "spurt" de los machos de *evelynae* y el sonido "cheep" de los polluelos. Estas diferencias vocales resaltan la importancia de las vocalizaciones en la comunicación y el comportamiento territorial, y sugieren un posible papel en la especiación entre estas subespecies.

Los resultados indican que las dos subespecies son diferentes en morfología y sonido, y que los machos de *lyrura* pueden ser identificados por su canto y características físicas únicas. Se realizaron grabaciones de campo y análisis genéticos, revelando que estas poblaciones son monofiléticas y se separaron hace aproximadamente 0.69 millones de años.

El estudio concluye que *Calliphlox evelynae lyrura* debe ser considerada como una especie separada, dado su estatus como linaje evolutivo único, lo que resalta la importancia de la divergencia acústica y morfológica en la especiación aviar Feo *et al.* (2014).

Sosa-López y Mennill (2014) analizaron la variación acústica y morfológica en el complejo de especies de *Troglodytes aedon* a través de América. A partir de 786 grabaciones y 401 muestras morfológicas, los autores descubrieron diferencias significativas en el canto y la morfología entre varias subespecies. Sus hallazgos indican que

al menos cuatro subespecies podrían ser especies distintas basadas en divergencias

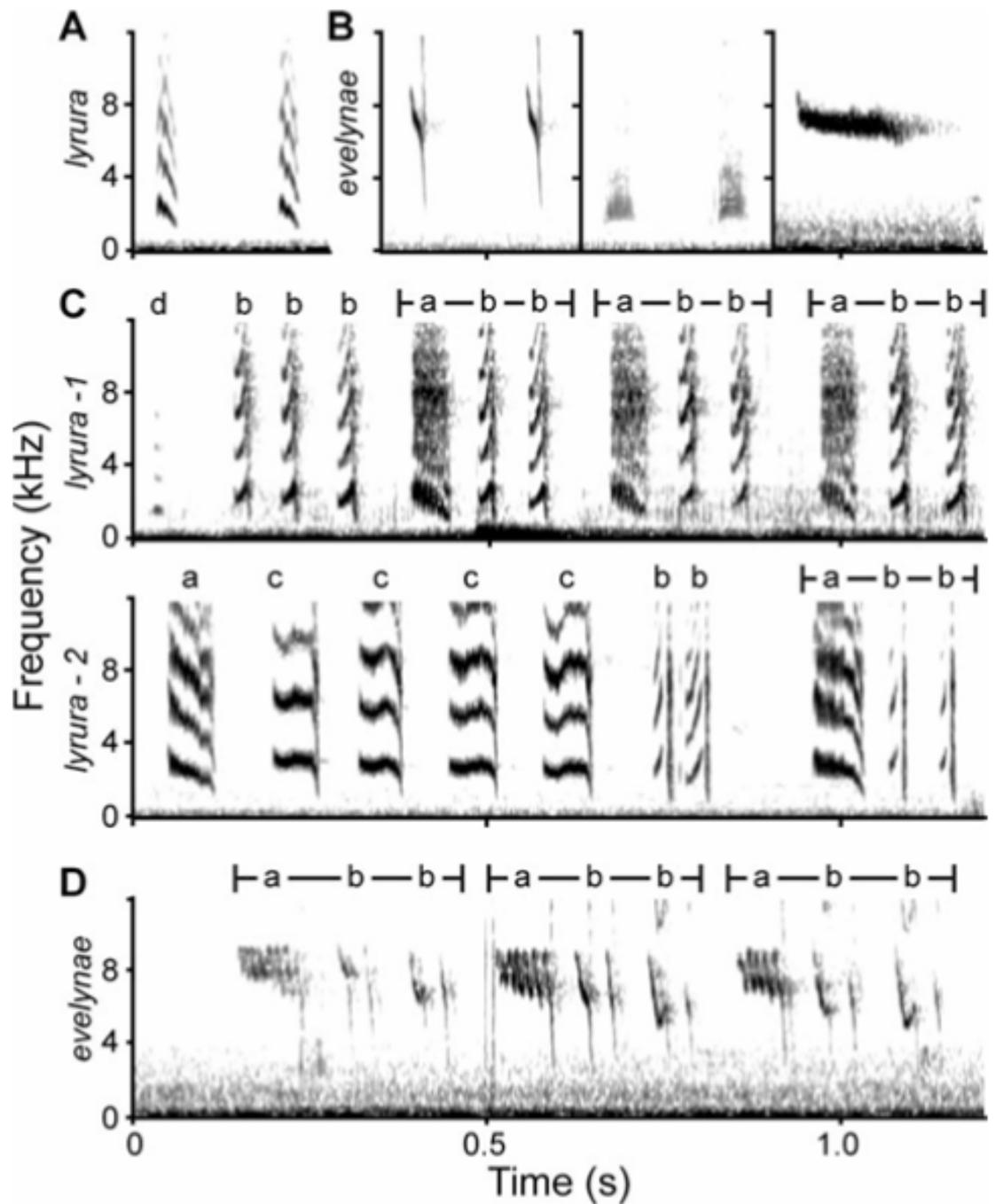


FIGURA 1.2: Ejemplos de vocalizaciones de *Calliphlox evelynae* y *C. e. lyrura*, mostrando las diferencias en los llamados de interacción agonística y variantes de sonidos específicos.

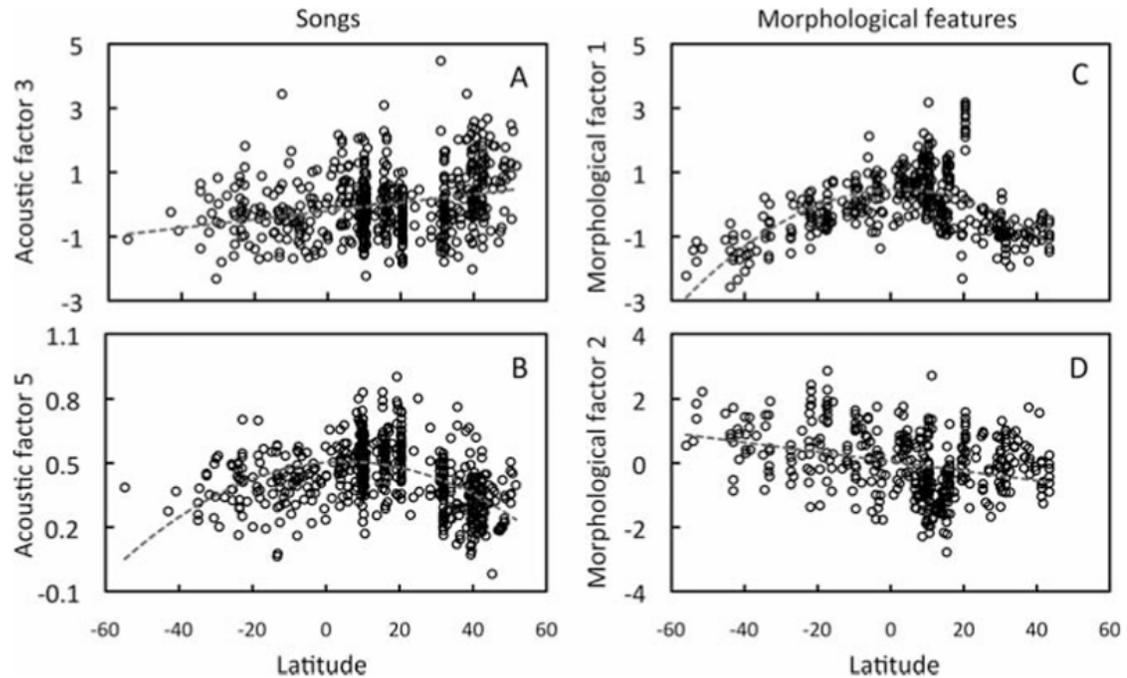


FIGURA 1.3: Patrones de divergencia acústica y morfológica en *Troglodytes aedon* a lo largo de un rango geográfico. Se muestran las variaciones en las vocalizaciones y características morfológicas de las subespecies.

en sus vocalizaciones. Este estudio subraya la relevancia de los rasgos acústicos en la identificación de límites de especies en aves Sosa-López y Mennill (2014).

La Figura 1.3 describe patrones de divergencia acústica y morfológica a lo largo de un amplio rango geográfico en el complejo de especies *Troglodytes aedon* (House Wren). Se comparan las vocalizaciones y características morfológicas de diferentes subespecies, destacando cómo estas diferencias se alinean (o no) con las fronteras de subespecies reconocidas. Los gráficos muestran variaciones significativas en los componentes acústicos y morfológicos, ilustrando las relaciones evolutivas y posibles implicaciones taxonómicas para este grupo de aves.

El estudio de Shizuka et al. (2016) examina la variación geográfica en los cantos del gorrión gorridorado (*Zonotrichia atricapilla*), analizando la influencia de la ecología y el aprendizaje del canto en la formación de dialectos. Utilizando grabaciones

de campo de dos períodos (1996-1998 y 2006-2013), los autores identificaron 13 tipos de canto distintos, con más del 90 por ciento de los individuos cantando uno de cinco tipos predominantes.

La Figura 1.4 muestra la distribución geográfica de los tipos de canto del gorrión gorradorado (*Zonotrichia atricapilla*) en su rango reproductivo, indicando la frecuencia de los diferentes tipos de cantos en cada sitio de muestreo.

Los resultados muestran que la estructura de los dialectos abarca distancias significativas (de 500 a 1,700 km), similar a la de otras especies migratorias. Además, se observó poca variación en la composición de los dialectos en cuatro poblaciones muestreadas a lo largo de 15 años, lo que sugiere que estas estructuras son estables a través de generaciones. El estudio aporta evidencias que apoyan la hipótesis de que el tamaño del rango del dialecto está correlacionado con la distancia de migración y plantea nuevas oportunidades para investigar la relación entre ecología y dialectos en el canto de aves Shizuka *et al.* (2016).

Bolus (2014) examina la variación geográfica en los cantos del Mascarita común (*Geothlypis trichas*), que presenta tres grupos genéticamente distintos: oriental, occidental y suroccidental. El estudio identifica diferencias significativas en características acústicas, como frecuencia y duración de las notas, entre estos grupos. A pesar de que las subespecies en latitudes similares muestran comportamientos migratorios parecidos, sus cantos difieren notablemente.

La Figura 1.5 muestra un espectrograma representativo del canto de *Geothlypis trichas*, destacando las frases repetidas y las mediciones clave como las frecuencias máxima y mínima, la duración de las frases y el ancho de banda.

Los resultados sugieren que la evolución del canto está influenciada por procesos como el aislamiento y la selección, lo que puede reforzar la separación genética. Este estudio aporta una comprensión más profunda de cómo los factores ecológicos y evolutivos interactúan en la diversidad del canto aviar Bolus (2014).

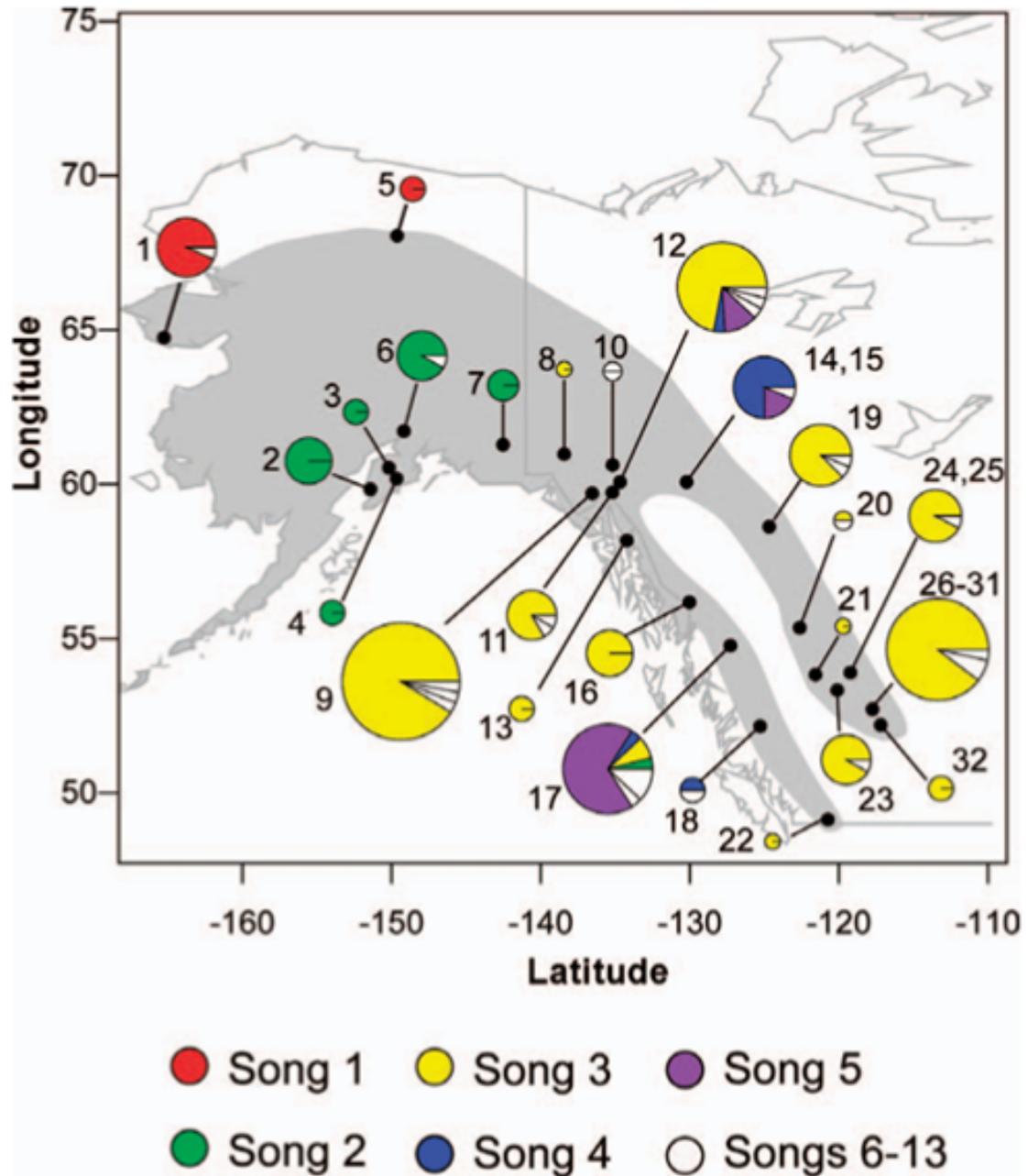


FIGURA 1.4: Distribución geográfica de los tipos de canto de *Zonotrichia atricapilla* con gráficos de pastel que representan la frecuencia relativa de los cinco tipos de cantos comunes y los tipos de cantos más raros en cada sitio de muestreo.

Mikula et al. (2020) analizan la variación global en la frecuencia del canto de las aves passeriformes, concluyendo que sus hallazgos no respaldan la hipótesis de adaptación acústica, pero sugieren que la selección sexual influye en la evolución de

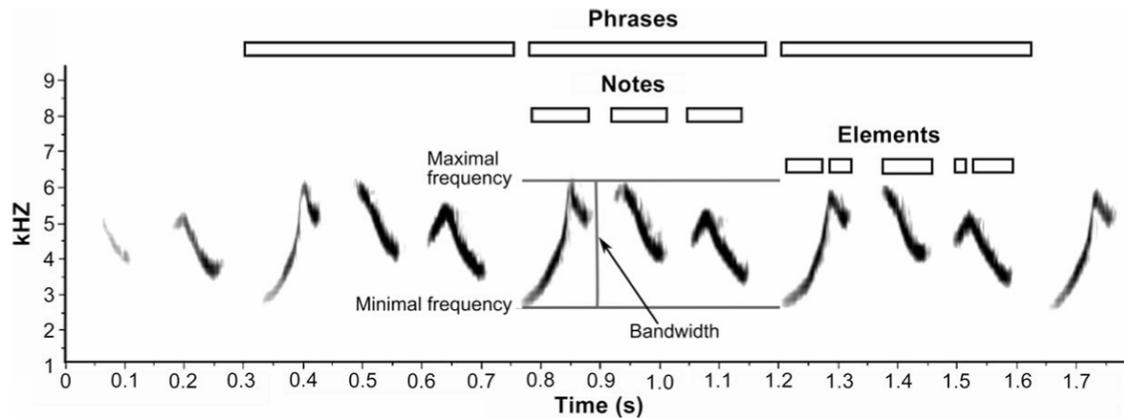


FIGURA 1.5: Espectrograma representativo de un canto de *Geothlypis trichas*, mostrando los trinos repetidos y las mediciones clave realizadas, incluyendo la frecuencia máxima, mínima, duración de la frase, ancho de banda, y duraciones de las notas.

la frecuencia del canto. Al estudiar 5,085 especies, encontraron que las aves tienden a cantar a frecuencias más bajas en hábitats cerrados y más altas en hábitats abiertos. Además, la masa corporal y el dimorfismo sexual explican gran parte de la variación en la frecuencia, indicando que las especies más grandes suelen emitir sonidos más bajos. Los resultados resaltan la necesidad de considerar la selección sexual y la historia filogenética en la investigación de la comunicación acústica en aves. Mikula *et al.* (2020).

En este estudio, Pearse *et al.* (2018) analizan la evolución macroevolutiva y macroecológica del canto de los passerinos (aves cantoras), utilizando un conjunto de datos de 578 especies y técnicas de aprendizaje automático para extraer y analizar canciones. Contrario a las expectativas, no encontraron vínculos significativos entre rasgos de historia de vida (como monogamia y dimorfismo sexual) y la evolución de la frecuencia o complejidad del canto. Sin embargo, se identificaron restricciones morfológicas, mostrando que la masa corporal de los pájaros estaba negativamente correlacionada con la frecuencia del canto.

Los factores biogeográficos y climáticos, como la productividad primaria neta, la temperatura y la riqueza de especies regional, se asociaron de manera signifi-

cativa con la evolución y distribución actual de las características del canto. La investigación sugiere que la historia evolutiva, la morfología y los procesos ecológicos contemporáneos influyen en la diversidad del canto en estas aves Pearse *et al.* (2018).

La Figura 1.6 analiza la relación entre la frecuencia pico media de los cantos de aves y la temperatura media anual a nivel global. Los puntos representan especies individuales y están atenuados para mostrar densidad en áreas con datos superpuestos. La figura incluye una línea de regresión Lowess en color gris, proporcionando una visión general de la tendencia. Este gráfico revela que, en general, la frecuencia de canto tiende a variar en función de la temperatura ambiental, un fenómeno que puede estar relacionado con la adaptación acústica a diferentes hábitats.

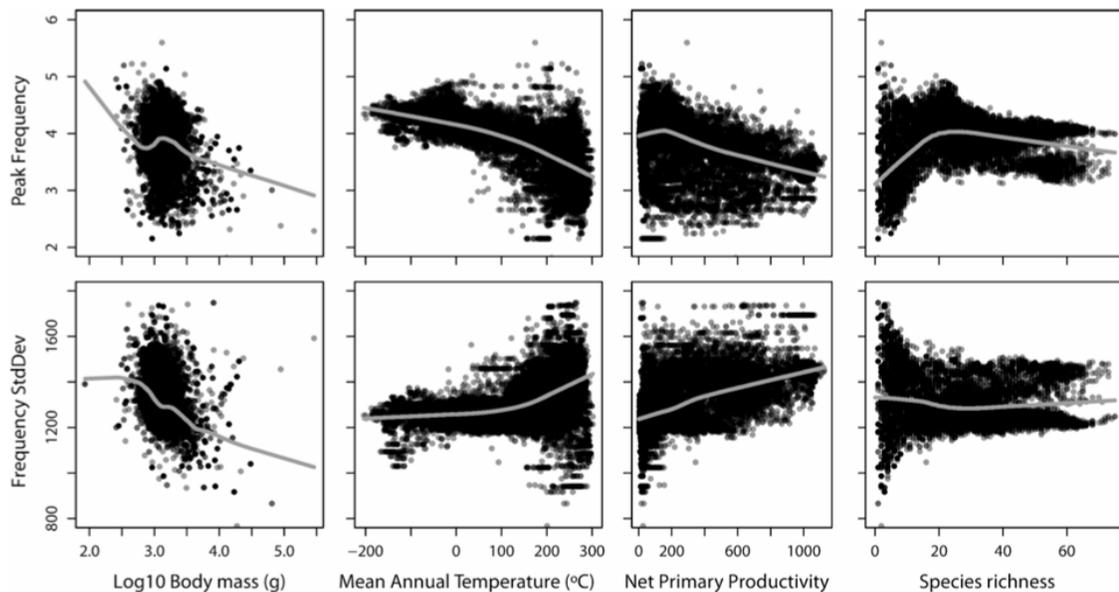


FIGURA 1.6: Relación entre la frecuencia pico media de los cantos de aves y la temperatura media anual. Los puntos representan especies individuales, y la línea de regresión Lowess (en gris) ilustra la tendencia general.

La topología, una rama de las matemáticas que estudia las propiedades de los espacios que permanecen invariantes bajo deformaciones continuas, ha proporcionado nuevas herramientas para el análisis de datos complejos. En particular, el Análisis Topológico de Datos (TDA) ha emergido como una técnica poderosa para estudiar la

estructura y organización de datos de alta dimensionalidad. El TDA permite identificar características persistentes a través de múltiples escalas, lo cual es crucial para capturar la variabilidad y complejidad inherente de los datos bioacústicos Amézquita *et al.* (2020).

Li *et al.* (2017) investigaron la aplicación de la homología persistente para analizar la morfología ramificada de las plantas. Propone que, a diferencia de los métodos tradicionales que se centran en características específicas, la homología persistente permite capturar la complejidad de las estructuras vegetales en su totalidad. La metodología se basa en la creación de diagramas de persistencia, que representan la formación y desaparición de componentes conectados a diferentes escalas.

Este enfoque facilita la comparación de las estructuras de ramificación entre diferentes especies de plantas, lo que puede contribuir a un entendimiento más profundo de la evolución y la adaptación de las plantas a su entorno. En conclusión, el estudio destaca el potencial de la homología persistente como una herramienta poderosa en la morfología vegetal, abriendo nuevas vías para la investigación en biología y botánica Li *et al.* (2017).

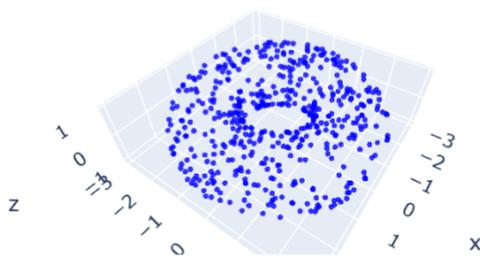


FIGURA 1.7: Toroide.

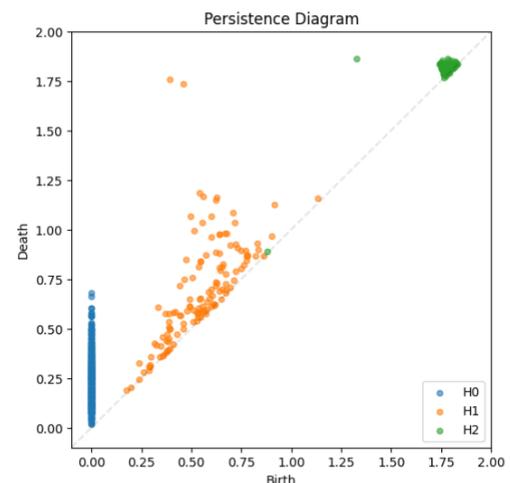


FIGURA 1.8: Diagrama de persistencia del toroide.

En la Figura 1.7, se presenta una visualización de la estructura del toroide,

donde se muestran los puntos en un espacio tridimensional. Además, en la Figura 1.8, se ilustra el diagrama de persistencia del toroide, el cual captura las características topológicas a través de diferentes escalas. Estas herramientas permiten identificar y estudiar las estructuras persistentes de la forma con mayor detalle.

El artículo de Kovacev-Nikolic et al. (2015) explora un método innovador que combina homología persistente y distancia dinámica para estudiar las conformaciones de la proteína de unión a maltosa (MBP). A través de la homología persistente, se analizan las características topológicas en función de un parámetro, utilizando herramientas como diagramas de persistencia y persistence landscapes para detectar cambios conformacionales significativos entre las formas cerradas y abiertas de la proteína. Los hallazgos indican que los residuos del sitio activo y de la vía alostérica están próximos a un bucle persistente en el cálculo de Vietoris-Rips, lo que no se observa en modelos tradicionales. Además, se aplica un modelo de Support Vector Machine (SVM) para diferenciar claramente las conformaciones de la MBP, sugiriendo que este enfoque podría ser valioso en el diseño de biosensores y en la investigación de interacciones proteína-ligando Kovacev-Nikolic *et al.* (2016).

El artículo de Hernández-Cabrera et al. (2023) presenta un método llamado S-SPAM para identificar patrones de mutaciones en el virus SARS-CoV-2. Utilizando Topological Data Analysis (TDA) y Machine Learning, los autores analizan la variabilidad en la proteína Spike (S) del virus y cómo se relaciona con la respuesta inmune del huésped. Encontraron que la mutación D614G está relacionada con un aumento en los casos de infección, mientras que S477N se asocia con un incremento en las muertes. Además, se observó una alta variabilidad en la región NTD de la proteína S, lo que podría influir en la respuesta inmune y en la virulencia del virus. Este estudio ayuda a entender cómo las mutaciones afectan la propagación del SARS-CoV-2 Hernández-Cabrera *et al.* (2024).

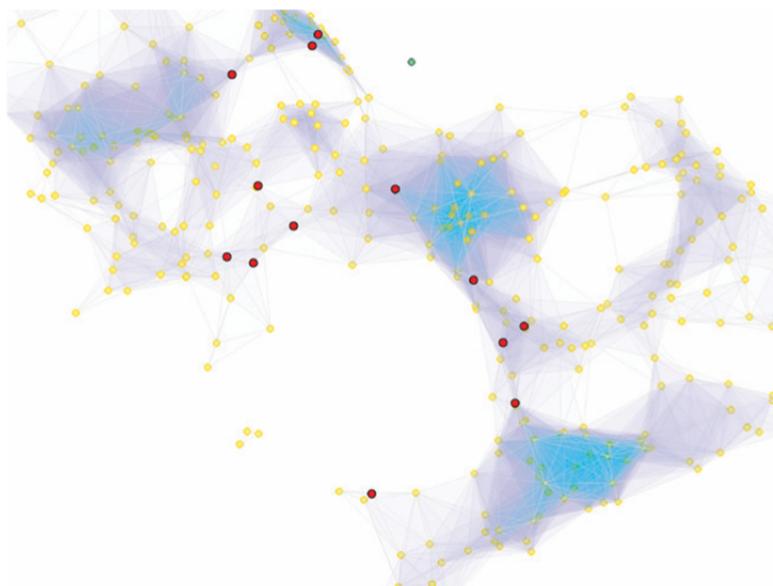


FIGURA 1.9: Disposición de los sitios activos de la proteína de unión a maltosa (MBP) dentro del complejo de Vietoris-Rips a un valor de filtración de $t = 0.150$. Los sitios activos (círculos rojos) se encuentran cercanos al bucle más persistente.

1.2 JUSTIFICACIÓN O MOTIVACIÓN

El estudio del canto de las aves ha revelado la complejidad y diversidad de los patrones acústicos que utilizan para la comunicación. Sin embargo, la comprensión de cómo estos patrones se desarrollan, evolucionan y se adaptan a diferentes entornos sigue siendo un desafío significativo. La hipótesis de la adaptación acústica, que sugiere que las especies en hábitats densos emiten sonidos de baja frecuencia que se propagan mejor en dichos entornos, ha sido ampliamente debatida. Estudios recientes han cuestionado esta hipótesis, sugiriendo que otros factores, como la selección sexual y las restricciones morfológicas, desempeñan un papel más crítico en la determinación de la frecuencia de los cantos Mikula *et al.* (2020). A pesar de los avances en el Análisis Topológico de Datos (TDA) y la homología persistente, aplicar estas técnicas a datos bioacústicos presenta varios desafíos. Los datos de cantos de aves son ruidosos y complejos, lo que dificulta la identificación de patrones consistentes y

significativos. Además, la relación entre las características topológicas de los datos y las propiedades biológicas relevantes, como la morfología y la ecología de las aves, no está completamente comprendida.

El desarrollo del TDA ha abierto nuevas posibilidades para el análisis de patrones en los cantos de aves, ofreciendo una perspectiva novedosa sobre cómo las especies utilizan señales acústicas para la comunicación.

Finalmente, aunque se han utilizado técnicas de procesamiento de señales como la transformada de Fourier y los espectrogramas para analizar los cantos de aves, estas técnicas pueden ser insuficientes para capturar toda la complejidad y variabilidad de los datos bioacústicos. El desarrollo y aplicación de métodos más avanzados, como el TDA y la homología persistente, son necesarios para superar estas limitaciones y proporcionar una comprensión más completa de los patrones de canto y sus determinantes evolutivos.

1.3 HIPÓTESIS

EL análisis topológico de datos permitirá identificar patrones característicos en cantos de aves de la especie *Aimophila ruficeps*.

Se plantea que la implementación de métodos de Análisis Topológico de Datos (TDA) y técnicas como el delay embedding, permitirá mejorar la identificación y análisis de patrones acústicos en los cantos de aves, específicamente en la especie *Aimophila ruficeps*. Se espera que estos métodos revelen características topológicas que no se capturan mediante análisis convencionales como espectrogramas.

1.4 OBJETIVOS

1.4.1 OBJETIVO GENERAL

Desarrollar un enfoque innovador para el análisis de los cantos de aves, enfocándose en la especie *Aimophila ruficeps*, utilizando métodos de Análisis Topológico de Datos y delay embedding, para mejorar la identificación de patrones acústicos.

1.4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1.4.2.1 REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA Y BUSQUEDA DE BASES DE DATOS

Busqueda bibliografica para encontrar la base de datos. Establecer marco teórico en base a la bibliografía y colección de audios utilizando bases de datos confiables y de acceso publico.

1.4.2.2 PREPROCESO DE LOS DATOS DE AUDIO

Establecer un método para cargar, normalizar y filtrar archivos de audio de cantos de aves, asegurando la calidad y homogeneidad de los datos.

1.4.2.3 SEGMENTAR Y ANALIZAR EL AUDIO

Dividir el audio en ventanas temporales correspondientes a trinos individuales y aplicar TDA para identificar y cuantificar la homología persistente, revelando estructuras relevantes en el canto de la especie *Aimophila ruficeps*.

1.4.2.4 COMPARAR PATRONES ACÚSTICOS

Crear una matriz de similitud utilizando las distancias de Wasserstein y mostrar los resultados mediante un clúster jerárquico para comparar y visualizar las variaciones acústicas en los cantos de aves.

1.4.2.5 CONTRIBUIR A LA COMPRESIÓN DE LA DIVERSIDAD ACÚSTICA

Proporcionar una representación topológica de los cantos de aves que permita la identificación de patrones consistentes y variaciones dentro de la misma especie, contribuyendo así a la comprensión más profunda de los factores que influyen en la variabilidad acústica de los cantos de aves y a la conservación y estudio de la biodiversidad aviar.

CAPÍTULO 2

MARCO TEÓRICO

2.1 AVES

2.1.1 AVES PASERIFORMES

Los passeriformes, también conocidos como aves canoras, representan uno de los órdenes más diversos y numerosos de aves. Este grupo incluye aproximadamente la mitad de las especies de aves del mundo, caracterizándose por su capacidad para emitir una amplia variedad de cantos complejos y melodiosos. La estructura de sus cantos y la forma en que aprenden y utilizan estos sonidos han sido objeto de numerosos estudios, ya que ofrecen un modelo excelente para investigar la comunicación animal y la evolución del lenguaje Thorpe (1958).

2.1.2 SIRINGE

La siringe es el órgano vocal de las aves, ubicado en la base de la tráquea, donde se bifurca en los bronquios. A diferencia de las cuerdas vocales de los mamíferos, la siringe permite a las aves producir una gran variedad de sonidos mediante



FIGURA 2.1: Variedades de aves passeriformes. Imagen tomada de ecologiaverde.com.

la modulación del flujo de aire y la tensión de las membranas vocales. Este órgano es especialmente complejo en los passeriformes, lo que les permite realizar sus característicos cantos elaborados y melodiosos Mindlin y Laje (2005).

2.1.3 OSCINOS Y SUBOSCINOS

Dentro de los passeriformes, se distinguen dos subórdenes principales: los oscinos y los suboscinos. Los oscinos, o aves cantoras verdaderas, poseen una siringe más compleja y están mejor adaptados para la producción de cantos variados y sofisticados. Los suboscinos, aunque también son capaces de producir cantos, generalmente tienen una siringe menos desarrollada y sus vocalizaciones son menos complejas. Esta diferenciación es clave para entender la evolución y la diversidad de los cantos en

las aves paseriformes Mindlin y Laje (2005).

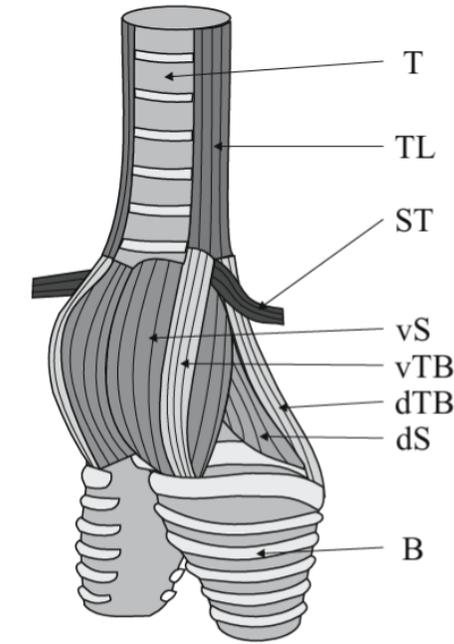


FIGURA 2.2: Vista esquemática ventro-lateral de la siringe de un ave oscina, mostrando los principales músculos involucrados en la producción de cantos. Los músculos (o grupos de músculos) tienen tareas bien definidas, como controlar la frecuencia de la vocalización y el cierre activo de la luz de la siringe. Los músculos principales incluyen: vS, músculo siringealis ventralis; dS, músculo siringealis dorsal; TL, músculo traqueolateralis; vTB, músculo traqueobronchialis ventralis; B, bronquios.

2.1.4 FUENTES SONORAS EN LA SIRINGE

La siringe de las aves puede clasificarse en diferentes tipos según su ubicación y estructura: Siringe traqueobronquial: Este tipo de siringe se encuentra en la mayoría de las aves paseriformes y está ubicada en la unión entre la tráquea y los bronquios. Su estructura permite una gran modulación del sonido, produciendo una amplia variedad de cantos. Siringe traqueal: Ubicada en la tráquea, este tipo de siringe se encuentra en algunas aves no paseriformes. Aunque menos versátil que la siringe traqueobronquial, también permite la producción de una variedad de sonidos. Siringe

bronquial: Situada en los bronquios, este tipo de siringe es menos común y generalmente produce sonidos más simples y menos modulados Mindlin y Laje (2005).

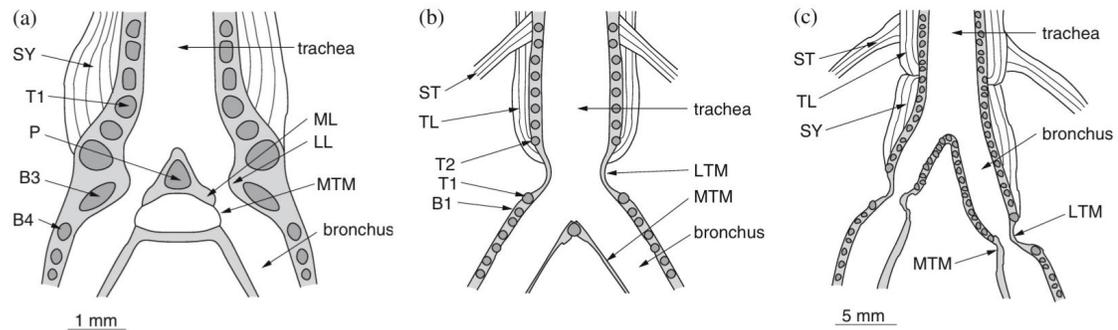


FIGURA 2.3: Secciones ventrales de la siringe. (a) Siringe traqueobronquial con dos fuentes sonoras, común en los oscinos (*Toxostoma rufum*), donde las válvulas vocales se forman por la aducción de los labios lateral y medial. (b) Siringe traqueal (*Streptopelia risoria*), con una válvula vocal formada por las membranas timpánicas laterales. (c) Siringe bronquial (*Steatornis caripensis*), que presenta una asimetría en la longitud de los bronquios.

2.1.5 RUFIOUS-CROWNED SPARROW (*AIMOPHILA RUFICEPS*)

El gorrión coronirrufo (*Aimophila ruficeps*) es una especie de ave paseriforme conocida por su canto distintivo. Esta especie se encuentra principalmente en el suroeste de Estados Unidos y México, habitando áreas de matorrales y regiones áridas. Los estudios sobre su canto han revelado que, al igual que otras aves paseriformes, el gorrión coronirrufo muestra una considerable variabilidad en sus vocalizaciones, lo que lo convierte en un modelo interesante para el estudio de la comunicación acústica y la adaptación a diferentes ambientes.

El éxito reproductivo de esta especie varía con las fluctuaciones de las precipitaciones anuales, las cuales están influenciadas por el fenómeno ENSO (El Niño-Oscilación del Sur). Durante los años más húmedos, como los influenciados por El

Niño, los gorriones coronirrufo muestran una mayor producción de crías debido a la disponibilidad de alimento y la menor depredación temprana de nidos. En cambio, en años secos como los influenciados por La Niña, la producción de crías disminuye significativamente. Esta variabilidad en el éxito reproductivo refleja un equilibrio entre procesos mediados por la disponibilidad de recursos y la presión de los depredadores Morrison y Bolger (2002).

El artículo de Bolger explora el impacto de eventos climáticos extremos en el éxito reproductivo de aves paseriformes en regiones costeras semiáridas del sur de California. Específicamente, examina cómo los diferentes niveles de precipitación afectan el esfuerzo y rendimiento reproductivo de cuatro especies de aves, incluyendo el Gorrión Coronirrufo (*Aimophila ruficeps*). El estudio comparó datos de un año con precipitaciones normales (2001) con un año extremadamente seco (2002), observando una disminución significativa en el éxito reproductivo durante este último, relacionada con la reducción de presas de artrópodos debido a la baja productividad primaria. Los resultados sugieren una relación casi lineal entre la lluvia y el éxito reproductivo, destacando la vulnerabilidad de estas poblaciones de aves ante el aumento en la frecuencia de años secos como consecuencia del cambio climático Bolger *et al.* (2005).



FIGURA 2.4: Rufous-crowned Sparrow (*Aimophila ruficeps*). Imagen de Ron Knight.

2.1.6 BIOACÚSTICA Y MONITOREO DE ESPECIES

La bioacústica es el estudio de los sonidos producidos por los organismos vivos y su aplicación en la ecología y la conservación. En el contexto del monitoreo de especies, la bioacústica se enfoca en la grabación y análisis de los cantos de aves para identificar y monitorear poblaciones de especies. Las aves utilizan sus vocalizaciones para diversas funciones, como la defensa del territorio y el cortejo, lo que hace que el análisis de sus vocalizaciones sea esencial para comprender su comportamiento y ecología Mindlin y Laje (2005).

Tradicionalmente, el análisis de los cantos de aves se ha realizado utilizando técnicas de procesamiento de señales, como la transformada de Fourier y los espectrogramas. Estas técnicas permiten visualizar y analizar las frecuencias y duraciones de los sonidos, facilitando la identificación de patrones vocales característicos de diferentes especies. Sin embargo, estos métodos pueden enfrentar limitaciones cuando se trata de distinguir entre cantos de especies similares o en ambientes ruidosos Mindlin y Laje (2005).

2.1.7 PRODUCCIÓN Y CONTROL DEL CANTO EN AVES

La producción del canto en las aves es un proceso complejo que involucra la coordinación de múltiples sistemas fisiológicos. La siringe, el órgano vocal de las aves, es capaz de generar sonidos mediante la modulación del flujo de aire y la tensión de las membranas vocales. Este proceso es controlado por el cerebro de las aves, que envía señales neuronales precisas para ajustar los parámetros necesarios para producir los sonidos deseados Mindlin y Laje (2005).

El control neuronal del canto implica una interacción compleja entre diversas regiones del cerebro de las aves. Estudios han demostrado que ciertas áreas cerebrales están específicamente involucradas en el aprendizaje y la producción del canto, lo que

ha llevado a una mejor comprensión de los mecanismos neurobiológicos subyacentes. La capacidad de las aves para aprender y modificar sus cantos en respuesta a su entorno es un área de investigación activa y relevante para el estudio de la evolución del lenguaje y la comunicación en animales Mindlin y Laje (2005).

Los movimientos de los labios de la siringe se pueden modelar en términos de las separaciones de sus bordes inferiores y superiores mediante las siguientes ecuaciones:

$$a_1 = a_{10} + x + \tau y \quad (2.1)$$

$$a_2 = a_{20} + x - \tau y \quad (2.2)$$

Aquí, a_1 y a_2 representan la mitad de la separación entre los bordes inferiores y superiores de los labios, respectivamente. Las variables x y y modelan los desplazamientos, mientras que τ es el tiempo que tarda una onda mucosa en propagarse a través de la altura de los labios. Estos modelos simplifican los movimientos complejos en dos modos básicos: uno que desplaza lateralmente los labios y otro que propaga una onda hacia arriba a lo largo de los mismos.

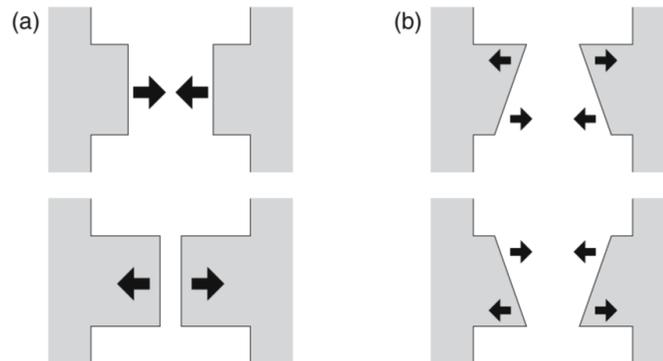


FIGURA 2.5: Modelo de aleteo de los labios de la siringe, mostrando los modos coordinados de movimiento. (a) Movimiento lateral de los labios en el modelo de aleteo. (b) Propagación de la onda hacia arriba a lo largo de los labios.

Estos movimientos coordinados permiten que los labios ganen energía del flujo de aire. El perfil convergente de los labios crea una presión promedio cercana a

la presión bronquial, mientras que un perfil divergente reduce esta presión a valores atmosféricos. Esto genera fuerzas que contrarrestan las pérdidas de energía por disipación, facilitando la producción de sonido.

2.2 TOPOLOGÍA

La topología es una rama de las matemáticas que estudia las propiedades de los espacios que se mantienen invariantes bajo deformaciones continuas, como el estiramiento, torsión o doblado, siempre y cuando no se rompan o se peguen las partes del objeto. Es decir, la topología se interesa en las características de las figuras y los espacios que no cambian aunque estos sean modificados de forma suave.

Un ejemplo clásico es el de una taza de café y una dona: en términos topológicos, son equivalentes, porque se puede transformar uno en el otro mediante una deformación continua sin cortar ni pegar. Ambos objetos tienen un agujero (el asa de la taza y el hueco de la dona), lo que los hace indistinguibles desde el punto de vista topológico.

2.2.1 ESENCIA DE LA TOPOLOGÍA

La **esencia de la topología** se refiere a proporcionar una estructura a un conjunto de puntos, representado como X . Esta estructura nos permite describir la **cercanía** y la **convergencia** en el conjunto X .

Dado un conjunto X , una **topología** \mathcal{T} sobre X es una colección de subconjuntos de X que satisfacen ciertas condiciones específicas.

Conjunto X : Este es el conjunto principal que estamos considerando, y contiene todos los puntos que forman el espacio que estamos estudiando.

Colección \mathcal{T} : La topología \mathcal{T} es un conjunto de subconjuntos de X . No todos los subconjuntos de X tienen que estar en \mathcal{T} , solo los que cumplen ciertas reglas. Estos subconjuntos son los que llamamos conjuntos abiertos en el contexto de la topología.

Propósito de \mathcal{T} : La colección \mathcal{T} nos permite definir qué significa que los puntos estén cerca o se comporten de cierta manera dentro del espacio X , sin necesidad de usar conceptos como la distancia (como haríamos en geometría).

- **Cercanía:** La estructura topológica define cómo se entiende que dos puntos están “cerca” el uno del otro, sin necesidad de usar una distancia específica.
- **Convergencia:** También establece cuándo una secuencia de puntos converge hacia un punto en X , determinando el comportamiento de las secuencias y cómo se aproximan a otros puntos en el espacio.

Montañez (2020)

2.2.2 PROPIEDADES DE UNA TOPOLOGÍA

1. \emptyset (el conjunto vacío) y X deben estar en \mathcal{T} .
2. La unión de cualquier colección de elementos de \mathcal{T} también debe estar en \mathcal{T} .
3. La intersección de cualquier colección finita de elementos de \mathcal{T} también debe estar en \mathcal{T} .

2.2.3 CONJUNTOS ABIERTOS Y CERRADOS

- Los elementos de \mathcal{T} se llaman **conjuntos abiertos**.

- Los complementos de estos conjuntos abiertos se llaman **conjuntos cerrados**.

La estructura completa, es decir, el par (X, \mathcal{T}) , se conoce como un **espacio topológico**.

Consideremos el conjunto $X = \{a, b, c\}$. Una posible topología \mathcal{T} sobre X es:

$$\mathcal{T} = \{\emptyset, \{a\}, \{a, b\}, X\}$$

2.2.4 EJEMPLO

Verificar que esta colección \mathcal{T} cumple con las propiedades de una topología:

1. **Propiedad 1:** \emptyset y X deben estar en \mathcal{T} .

En nuestro ejemplo, $\emptyset \in \mathcal{T}$ y $X = \{a, b, c\} \in \mathcal{T}$, así que se cumple la primera propiedad.

2. **Propiedad 2:** La unión de cualquier colección de elementos de \mathcal{T} debe estar en \mathcal{T} .

Algunas uniones:

- $\{a\} \cup \{a, b\} = \{a, b\} \in \mathcal{T}$
- $\emptyset \cup \{a\} = \{a\} \in \mathcal{T}$
- $\{a\} \cup X = \{a, b, c\} = X \in \mathcal{T}$

Todas las uniones posibles están en \mathcal{T} , así que se cumple la segunda propiedad.

3. **Propiedad 3:** La intersección de cualquier colección finita de elementos de \mathcal{T} debe estar en \mathcal{T} .

Algunas intersecciones:

- $\{a\} \cap \{a, b\} = \{a\} \in \mathcal{T}$
- $\emptyset \cap \{a\} = \emptyset \in \mathcal{T}$

- $\{a, b\} \cap X = \{a, b\} \in \mathcal{T}$

Todas las intersecciones posibles están en \mathcal{T} , así que se cumple la tercera propiedad.

Por lo tanto, $\mathcal{T} = \{\emptyset, \{a\}, \{a, b\}, X\}$ es una topología válida sobre X .

La topología se encarga de estudiar las características de un espacio que no cambian bajo deformaciones continuas, como estiramientos o torsiones, siempre que no se corten o peguen las partes del espacio.

2.2.5 INVARIANTES TOPOLÓGICAS

- **Espacio X :** Es el conjunto de puntos que estamos analizando, y en este contexto, queremos estudiar ciertas propiedades de este espacio.
- **Invariantes topológicas:** Son características que no cambian cuando transformamos el espacio X mediante un *homeomorfismo* (una transformación continua con una inversa continua). Ejemplos de estas propiedades incluyen el número de agujeros, componentes conexas, y otros aspectos estructurales.
- **Homeomorfismo:** Es una función que transforma un espacio en otro sin romperlo ni unir partes separadas. Dos espacios que son homeomorfos se consideran equivalentes en términos topológicos.
- **Propiedades cualitativas:** Estas son las características que permanecen invariantes. Por ejemplo, si un espacio tiene un agujero, cualquier espacio que sea homeomorfo a él también tendrá un agujero.
- **Objetos equivalentes:** En topología, si dos espacios son homeomorfos, entonces se consideran equivalentes y comparten las mismas propiedades topológicas. Esto significa que, aunque los espacios puedan parecer diferentes en forma,

tienen la misma estructura fundamental, como el número de huecos o componentes.

En resumen, la topología se interesa en cómo los espacios pueden ser transformados sin cambiar ciertas propiedades esenciales. Se centra en identificar y clasificar estas características invariantes que describen la estructura fundamental del espacio.

2.2.5.1 EJEMPLO DE HOMEOMORFISMO

Un ejemplo clásico de homeomorfismo es la relación entre un círculo y una elipse. Como ejemplo un círculo perfecto y una elipse alargada. Podemos transformar el círculo en la elipse estirándolo o comprimiéndolo sin romperlo ni pegarlo. Esta transformación es continua, y su inversa también es continua, por lo que estas dos formas son homeomorfas.

Propiedad Invariante: El hecho de que ambas formas tienen un solo agujero central no cambia bajo esta transformación. Esta es una característica cualitativa que permanece constante.

2.2.5.2 EJEMPLO DE INVARIANTES TOPOLÓGICAS

■ Número de Componentes Conexas:

- Considerando un conjunto de puntos en un plano que forman dos círculos separados. Aquí, el número de componentes conexas es 2 porque los círculos no están conectados.
- Si transformamos los círculos en elipses o incluso los deformamos de otra manera sin unirlos, el número de componentes conexas seguirá siendo 2.

■ Número de Agujeros (Huecos):

- Imagina una dona (un toroide) con un solo agujero en el centro. Si deformamos la dona estirándola o torciéndola, el número de agujeros no cambia: sigue siendo 1.
- Este número de agujeros es un invariante topológico.

2.2.5.3 EJEMPLO DE CONJUNTOS ABIERTOS Y CERRADOS

En el espacio real \mathbb{R} con la topología estándar:

- **Conjuntos Abiertos:** El intervalo $(0, 1)$ es un conjunto abierto, ya que no incluye sus puntos extremos 0 y 1.
- **Conjuntos Cerrados:** El intervalo $[0, 1]$ es un conjunto cerrado, ya que incluye todos sus puntos extremos.

En topología, los términos *abierto* y *cerrado* pueden parecer contradictorios al principio, pero tienen un significado preciso que depende de la estructura de la topología que estemos utilizando.

2.2.6 CONJUNTOS CLOPEN

Un conjunto se dice que es *clopen* cuando es simultáneamente un conjunto abierto y cerrado. Los términos abierto y cerrado son opuestos, sin embargo, en el contexto de la topología, esto es posible.

2.2.6.1 EJEMPLO DE UN CONJUNTO CLOPEN

Un espacio topológico muy simple: el conjunto $X = \{0, 1\}$ con la topología $T = \{\emptyset, \{0\}, \{1\}, X\}$. Aquí, tanto el conjunto $\{0\}$ como el conjunto $\{1\}$ son clopen porque:

- Son *abiertos* porque pertenecen a la colección de la topología T .
- Son *cerrados* porque sus complementos (en relación a X) también pertenecen a T .

En este caso, los conjuntos $\{0\}$ y $\{1\}$ cumplen con las condiciones para ser considerados tanto abiertos como cerrados.

2.2.7 CONJUNTOS QUE NO SON ABIERTOS NI CERRADOS

En algunos espacios topológicos, es posible encontrar conjuntos que no son ni abiertos ni cerrados. Esto ocurre cuando un conjunto no cumple con las definiciones de abierto o cerrado según la topología específica.

2.2.7.1 EJEMPLO DE UN CONJUNTO QUE NO ES ABIERTO NI CERRADO

Un espacio topológico más complejo, como el conjunto de los números reales \mathbb{R} con la topología estándar. Un ejemplo de un conjunto que no es ni abierto ni cerrado sería el intervalo semiabierto $[0, 1)$. En este caso:

- $[0, 1)$ no es abierto porque incluye el punto 0, que es un extremo cerrado.
- $[0, 1)$ no es cerrado porque no incluye el punto 1, que es un extremo abierto.

2.2.8 DEPENDENCIA DE LA TOPOLOGÍA

La clasificación de un conjunto como abierto, cerrado, o clopen depende completamente de la topología definida en el espacio. Esto significa que un conjunto podría ser abierto en una topología pero cerrado en otra, o incluso tener propiedades diferentes dependiendo de las reglas específicas que rigen esa topología.

2.2.9 CONCEPTOS TOPOLÓGICOS

2.2.9.1 CUBIERTA ABIERTA

Definición: Una cubierta abierta de un espacio topológico X es una colección $U = \{U_i\}_{i \in I}$ de conjuntos abiertos de X , donde I es un conjunto tal que $X = \bigcup_{i \in I} U_i$.

Ejemplo: Una esfera como el globo terráqueo. Para cubrir la esfera con mapas planos (similares a los de navegación), se necesitan varios mapas, cada uno representando una parte del globo, como América del Norte, Europa, Asia, etc. Estos mapas representan conjuntos abiertos que cubren la superficie completa del globo. La colección de estos mapas es una *cubierta abierta* del globo, porque al unir todas estas regiones abiertas, se cubre toda la esfera.

2.2.9.2 FUNCIÓN CONTINUA

Definición: Es una función f de X a Y , donde X y Y son espacios topológicos, y para todo elemento V de la topología en Y , la preimagen de V es un conjunto abierto en X .

Ejemplo: Un trozo de goma o plastilina. Si se estira o deforma suavemente este trozo sin rasgarlo ni crear agujeros, se está realizando una transformación continua. En términos de funciones, una función f que toma un punto en un círculo (espacio X) y lo mueve suavemente a un punto en un óvalo (espacio Y). Mientras la deformación se haga de manera suave y sin rupturas, la función f es continua.

2.2.9.3 HOMEOMORFISMO

Definición: Es una función f biyectiva entre dos espacios topológicos X y Y , donde f y f^{-1} son continuas.

Ejemplo: Una dona de goma y lo transformas en una taza de café de goma, estirando y deformando el material sin romperlo. Esta transformación se puede hacer de manera continua y reversible, por lo que la dona y la taza de café son *homeomorfos*. La función f que transforma la dona en la taza es un homeomorfismo. La estructura topológica de ambos objetos es la misma, ya que no se crean ni se destruyen agujeros durante la transformación.

2.2.10 ANÁLISIS DE ESPACIOS Y HOMEOMORFISMOS

Con estos conceptos, podemos analizar espacios topológicos y encontrar aquellos que sean **homeomorfos**, es decir, que puedan representarse de manera más sencilla sin perder sus propiedades esenciales. Al ser homeomorfos, los espacios compartirán las mismas cualidades topológicas.

2.2.10.1 INVARIANTES TOPOLÓGICOS

Las invariantes topológicas son propiedades que no cambian bajo homeomorfismos. Estas propiedades ayudan a clasificar y comparar espacios topológicos.

1. **Cardinalidad:** Se refiere al número de elementos en un conjunto. Por ejemplo, si consideramos dos conjuntos con la misma cantidad de puntos, tienen la misma cardinalidad. Es una propiedad básica que nos permite contar elementos sin tener en cuenta su disposición.
2. **Número de componentes conexos:** Esta propiedad describe cuántas partes

del espacio son conexas. Un conjunto es conexo si no se puede dividir en dos conjuntos no vacíos que estén separados. Por ejemplo, un círculo es un único componente conexo, pero dos círculos separados forman dos componentes conexos.

3. **Compacidad:** Un espacio es compacto si cada conjunto de recubrimientos abiertos tiene un subrecubrimiento finito. Intuitivamente, esto significa que el espacio es finito en cierto sentido y no se extiende infinitamente. Por ejemplo, un intervalo cerrado y acotado en la recta real, como $[0, 1]$, es compacto.
4. **Metrizabilidad:** Un espacio es metrizable si se puede definir una métrica (una función de distancia) que describa la proximidad de puntos en ese espacio. Por ejemplo, el espacio euclidiano es metrizable porque podemos definir la distancia entre dos puntos usando la métrica euclidiana.
5. **Separación:** Se refiere a las propiedades que describen cómo los conjuntos en un espacio pueden ser separados. Por ejemplo, un espacio es *Hausdorff* si para cada par de puntos distintos hay vecindades separadas que los contienen. Esto es importante en el análisis de la continuidad y en la estructura de espacios.
6. **Grupo de Homología:** Este es un concepto del álgebra topológica que mide la estructura de un espacio de manera algebraica. Describe agujeros en diferentes dimensiones. Por ejemplo, un círculo tiene un agujero de dimensión 1, mientras que una esfera tiene un agujero de dimensión 2.

2.2.11 PRINCIPALES HERRAMIENTAS DEL ANÁLISIS TOPOLÓGICO DE DATOS

El análisis topológico de datos ofrece varias herramientas y métodos importantes que nos permiten entender mejor la forma y estructura de los datos.

- **Algoritmo Mapper:** Es una técnica que simplifica y visualiza la estructura de datos complejos. Divide los datos en grupos y los conecta en un grafo, ayudando a identificar patrones o estructuras ocultas en los datos.
- **Cálculo de Euler:** Una métrica que se utiliza para caracterizar la forma y estructura de un espacio, calculada como la diferencia entre el número de vértices, aristas y caras en un espacio. Por ejemplo, un cubo tiene un cálculo de Euler de 2, lo que nos da información sobre su estructura geométrica.
- **Cellular Sheaves:** Son estructuras matemáticas que manejan datos distribuidos en un espacio, permitiendo hacer cálculos globales basados en información local. Son útiles en la teoría de grafos y en problemas que involucran datos distribuidos.
- **Homología Persistente:** Una técnica que estudia cómo las topologías (como agujeros o componentes conexos) de un espacio cambian a través de diferentes escalas. Es muy utilizada para analizar datos que cambian con el tiempo o que tienen diferentes resoluciones, como la forma de un objeto en imágenes.

2.3 TOPOLOGÍA ALGEBRAICA

2.3.1 ESPACIO VECTORIAL Y BASE DEL ESPACIO VECTORIAL

Un **espacio vectorial** es un conjunto de elementos llamados *vectores*, junto con dos operaciones: suma de vectores y multiplicación de un vector por un escalar. Estas operaciones deben cumplir ciertas propiedades, como asociatividad, conmutatividad de la suma, y la existencia de un elemento neutro (el vector cero). En otras palabras un **espacio vectorial** es un conjunto de vectores con operaciones de suma y multiplicación por escalares que cumplen ciertas propiedades.

2.3.1.1 DEFINICIÓN FORMAL

Un conjunto V es un espacio vectorial sobre un campo F (como \mathbb{R} o \mathbb{C}) si se definen dos operaciones:

1. **Suma de vectores:** Para cualquier $\mathbf{u}, \mathbf{v} \in V$, existe un vector $\mathbf{u} + \mathbf{v} \in V$.
2. **Multiplicación por un escalar:** Para cualquier $c \in F$ y $\mathbf{v} \in V$, existe un vector $c\mathbf{v} \in V$.

Estas operaciones deben satisfacer ciertas propiedades, como:

- $\mathbf{u} + \mathbf{v} = \mathbf{v} + \mathbf{u}$ (Conmutatividad de la suma)
- $c(\mathbf{u} + \mathbf{v}) = c\mathbf{u} + c\mathbf{v}$ (Distributividad)
- Existencia de un vector cero $\mathbf{0} \in V$ tal que $\mathbf{v} + \mathbf{0} = \mathbf{v}$ para todo $\mathbf{v} \in V$

2.3.1.2 EJEMPLO 1: ESPACIO VECTORIAL EN \mathbb{R}^2

Considera \mathbb{R}^2 , el conjunto de todos los pares ordenados (x, y) donde $x, y \in \mathbb{R}$. La suma de vectores y la multiplicación por un escalar se definen como:

- **Suma:** $(x_1, y_1) + (x_2, y_2) = (x_1 + x_2, y_1 + y_2)$
- **Multiplicación por un escalar:** $c \cdot (x, y) = (cx, cy)$

Ejemplos de vectores en \mathbb{R}^2 son $(1, 0)$, $(0, 1)$, $(2, -3)$, etc.

2.3.1.3 BASE DE UN ESPACIO VECTORIAL

Una **base** de un espacio vectorial V es un conjunto de vectores linealmente independientes que generan todo V . Esto significa que cualquier vector en V se

puede escribir como una combinación lineal única de los vectores de la base. En otras palabras una **base** de un espacio vectorial es un conjunto mínimo de vectores que genera todo el espacio mediante combinaciones lineales.

2.3.1.4 EJEMPLO 2: BASE EN \mathbb{R}^2

En \mathbb{R}^2 , una base común es el conjunto $\{(1, 0), (0, 1)\}$:

- $(1, 0)$ es el vector que apunta en la dirección del eje x .
- $(0, 1)$ es el vector que apunta en la dirección del eje y .

Cualquier vector $(x, y) \in \mathbb{R}^2$ se puede escribir como:

$$(x, y) = x \cdot (1, 0) + y \cdot (0, 1)$$

Por ejemplo, el vector $(3, 4)$ se puede expresar como:

$$(3, 4) = 3 \cdot (1, 0) + 4 \cdot (0, 1)$$

2.3.1.5 EJEMPLO 3: ESPACIO VECTORIAL EN \mathbb{R}^3

En \mathbb{R}^3 , el conjunto de vectores (x, y, z) con $x, y, z \in \mathbb{R}$ es un espacio vectorial.

Una base común es:

$$\{(1, 0, 0), (0, 1, 0), (0, 0, 1)\}$$

Cualquier vector en \mathbb{R}^3 se puede escribir como una combinación lineal de estos vectores base. Por ejemplo, el vector $(2, -1, 3)$ se puede expresar como:

$$(2, -1, 3) = 2 \cdot (1, 0, 0) - 1 \cdot (0, 1, 0) + 3 \cdot (0, 0, 1)$$

2.3.2 SPAN

En álgebra lineal, el término **span** se refiere al conjunto de todas las combinaciones lineales posibles de un conjunto de vectores dados. Dicho de otra manera, el span de un conjunto de vectores es el espacio vectorial más pequeño que contiene a todos esos vectores.

2.3.2.1 DEFINICIÓN FORMAL

Si tienes un conjunto de vectores $\{\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \dots, \mathbf{v}_n\}$ en un espacio vectorial, el span de estos vectores se denota como:

$$\text{Span}\{\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \dots, \mathbf{v}_n\} = \{a_1\mathbf{v}_1 + a_2\mathbf{v}_2 + \dots + a_n\mathbf{v}_n \mid a_1, a_2, \dots, a_n \in \mathbb{R}\}$$

Aquí, a_1, a_2, \dots, a_n son coeficientes escalares que pueden ser cualquier número real (o cualquier elemento de un campo en el caso más general).

2.3.2.2 COMBINACIÓN LINEAL

- **Combinación Lineal:** Una combinación lineal de los vectores $\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \dots, \mathbf{v}_n$ es cualquier vector que se pueda formar sumando múltiplos de estos vectores. Por ejemplo, si tienes dos vectores en el plano \mathbf{v}_1 y \mathbf{v}_2 , todas las combinaciones posibles de ellos llenarán un área plana si los vectores no son colineales.
- **Generar un Espacio:** El span es el conjunto de todos los vectores que puedes obtener tomando combinaciones lineales de $\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \dots, \mathbf{v}_n$. Si los vectores son linealmente independientes, pueden generar todo el espacio vectorial, como \mathbb{R}^2 o \mathbb{R}^3 .

2.3.2.3 EJEMPLOS

1. Ejemplo en \mathbb{R}^2

- Si tienes dos vectores $\mathbf{v}_1 = (1, 0)$ y $\mathbf{v}_2 = (0, 1)$, el span de $\{\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2\}$ es todo el plano \mathbb{R}^2 . Esto se debe a que cualquier vector en el plano se puede escribir como una combinación lineal de \mathbf{v}_1 y \mathbf{v}_2 .
- Por ejemplo, el vector $(3, 4)$ se puede escribir como $3\mathbf{v}_1 + 4\mathbf{v}_2 = 3(1, 0) + 4(0, 1) = (3, 4)$.

2. Ejemplo en \mathbb{R}^3

- Si tienes un solo vector $\mathbf{v} = (1, 2, 3)$ en \mathbb{R}^3 , el span de $\{\mathbf{v}\}$ es la línea recta que pasa por el origen y el punto $(1, 2, 3)$. Esto se debe a que solo puedes generar puntos a lo largo de esa línea tomando múltiplos de \mathbf{v} .
- Si agregas otro vector $\mathbf{u} = (0, 1, 0)$, el span de $\{\mathbf{v}, \mathbf{u}\}$ será un plano en \mathbb{R}^3 siempre que los vectores no sean colineales.

2.3.3 ¿QUÉ ES UN SIMPLEJO?

Un *simplejo* es un objeto geométrico básico que generaliza el concepto de puntos, líneas y triángulos a dimensiones superiores. Por ejemplo:

- **0-simplejo:** Un simplejo de dimensión 0 es un punto.
- **1-simplejo:** Un simplejo de dimensión 1 es un segmento de línea (el segmento que conecta dos puntos).
- **2-simplejo:** Un simplejo de dimensión 2 es un triángulo (la región plana formada por tres puntos no colineales y los segmentos que los conectan).
- **3-simplejo:** Un simplejo de dimensión 3 es un tetraedro (el volumen definido por cuatro puntos no coplanares).

2.3.4 COMPLEJO SIMPLICIAL

Un *complejo simplicial* es una colección de simplejos conectados de manera específica. Se puede construir un espacio geométrico uniendo puntos, líneas, triángulos, y tetraedros, de forma que las intersecciones entre ellos siempre sean simples (otro simplejo de menor dimensión).

2.3.5 EJEMPLO.

1. Espacio Vectorial de 0-Simplejos (Puntos):

- Considera un conjunto de puntos $S = \{s_1, s_2, s_3\}$. El espacio vectorial asociado a estos puntos está generado por vectores que representan combinaciones lineales de s_1, s_2 , y s_3 .
- Matemáticamente, podemos escribir: $V_0 = \text{Span}\{s_1, s_2, s_3\}$, donde Span indica el espacio generado por estos puntos.

2. Espacio Vectorial de 1-Simplejos (Segmentos):

- Si los puntos están conectados por líneas (segmentos), podemos formar un conjunto de 1-simplejos: {segmento s_1s_2 , segmento s_2s_3 }.
- El espacio vectorial asociado se genera por estos segmentos, permitiendo estudiar cómo se conectan los puntos y forman ciclos o estructuras lineales.

3. Espacio Vectorial de 2-Simplejos (Triángulos):

- Si los segmentos forman triángulos, el espacio vectorial de 2-simplejos se genera por estos triángulos. Por ejemplo, $V_2 = \text{Span}\{\text{triángulo } s_1s_2s_3\}$.
- Esto nos ayuda a analizar superficies y determinar si hay “huecos” en el espacio, como en la superficie de una esfera o en un anillo.

2.3.6 APLICACIÓN EN TOPOLOGÍA ALGEBRAICA

Al usar estos espacios vectoriales generados por simplejos, podemos definir objetos algebraicos llamados *grupos de homología*, que capturan las propiedades de conexión y los huecos en el espacio. Esto es fundamental en el análisis de homología persistente, donde queremos entender la forma y estructura de datos de alta dimensión de manera robusta al ruido.

2.3.7 ESPACIOS VECTORIALES GENERADOS POR SIMPLEJOS

Cuando analizamos un complejo simplicial, nos interesa estudiar cómo estos simplejos están conectados y cómo generan "huecos" en diferentes dimensiones. Para hacer esto, usamos el concepto de *espacios vectoriales generados por simplejos*:

- Cada conjunto de simplejos de una dimensión específica (por ejemplo, todos los 1-simplejos o todos los 2-simplejos) se puede asociar con un espacio vectorial.
- Los vectores en este espacio representan combinaciones lineales de los simplejos. Esto nos permite usar herramientas del álgebra lineal para estudiar propiedades geométricas y topológicas del complejo simplicial.

2.3.8 DEFINICIÓN DE COMPLEJO SIMPLICIAL ABSTRACTO

Dado un conjunto $S = \{s_1, s_2, \dots, s_n\}$, un **complejo simplicial abstracto** es un conjunto de subconjuntos de S tal que si $\sigma \in K$, entonces todo subconjunto de σ también está en K . Los elementos de K se llaman **simplejos** y, dado $\sigma \in K$, donde σ cuenta con n elementos, se dice que es un $(n - 1)$ -simplejo.

2.3.8.1 EJEMPLO DE COMPLEJO SIMPLICIAL

Sea $S = \{A, B, C, D\}$. Podemos definir un complejo simplicial K como:

$$K = \{\{A\}, \{B\}, \{C\}, \{A, B\}, \{B, C\}, \{A, C, D\}\}$$

Aquí, K es una colección de subconjuntos de S que cumple la condición de cierre: si un conjunto está en K , todos sus subconjuntos también deben estar en K .

SIMPLEJOS Y DIMENSIÓN:

- $\{A\}, \{B\}, \{C\}, \{D\}$ son simplejos de dimensión 0 (vértices).
- $\{A, B\}$ y $\{B, C\}$ son simplejos de dimensión 1 (aristas).
- $\{A, C, D\}$ es un simplejo de dimensión 2 (triángulo).

La dimensión de un simplejo se define como el número de elementos menos uno. Por ejemplo, un conjunto con 3 elementos como $\{A, C, D\}$ es de dimensión 2.

DIMENSIÓN DEL COMPLEJO SIMPLICIAL La dimensión del complejo simplicial K es la dimensión del simplejo de mayor dimensión. En este caso, $\dim(K) = 2$ porque el simplejo $\{A, C, D\}$ tiene 3 elementos.

2.3.9 ESPACIOS VECTORIALES GENERADOS POR SIMPLEJOS

Si K representa el espacio X , lo siguiente es generar los espacios vectoriales $C_i(K; F)$ con $i \in \{0, 1, \dots, \dim(K)\}$ sobre un campo F . Por ejemplo:

- $C_0(K; \mathbb{R})$: Espacio generado por los vértices $\{A, B, C, D\}$.
- $C_1(K; \mathbb{R})$: Espacio generado por las aristas $\{A, B\}$ y $\{B, C\}$.

Estos espacios se utilizan para definir operadores y estudiar propiedades algebraicas, como los grupos de homología.

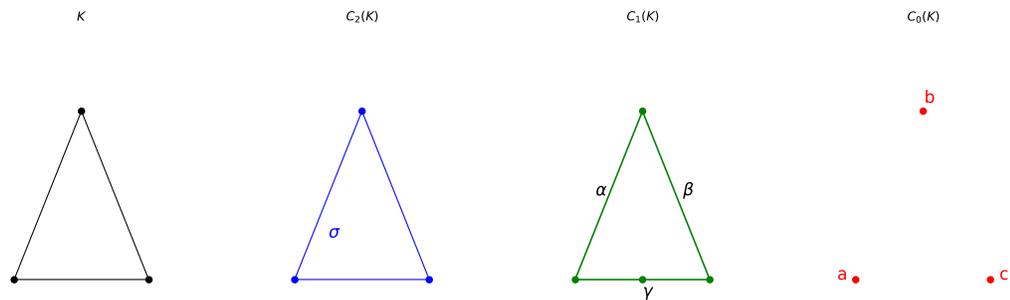


FIGURA 2.6: Descomposición del complejo simplicial K en sus componentes: $C_2(K)$ con el triángulo σ ; $C_1(K)$ con las aristas α, β, γ ; y $C_0(K)$ con los vértices a, b, c .

2.3.10 MAPEO FRONTERA Y CONSTRUCCIÓN DEL ESPACIO HOMOLÓGICO

El **mapeo frontera** es una función lineal que actúa sobre los elementos de $C_i(K)$, los cuales representan combinaciones lineales de i -simplejos, y los lleva a $C_{i-1}(K)$, que contiene combinaciones lineales de $(i-1)$ -simplejos. Formalmente, este mapeo se denota como:

$$\partial_i : C_i(K) \rightarrow C_{i-1}(K).$$

Si σ es un i -simplejo, entonces el mapeo $\partial_i(\sigma)$ descompone σ en su *frontera*, que es la suma de los $(i-1)$ -simplejos que conforman sus caras:

$$\partial_i(\sigma) = \sum_{\alpha \subset \sigma, \alpha \in C_{i-1}(K)} \alpha.$$

2.3.10.1 EJEMPLO DE MAPEO FRONTERA

El mapeo frontera (∂_i) es una operación que descompone un simplicio en sus componentes de dimensión menor. A continuación, se presenta un ejemplo aplicado a un triángulo.

Consideremos un triángulo con vértices a , b , y c , y las siguientes componentes:

- **Simplicio 2D:** El triángulo completo, denotado como $\sigma = \{a, b, c\}$.
- **Simplicios 1D:** Las aristas del triángulo, denotadas como $f = \{a, b\}$, $g = \{b, c\}$, $h = \{a, c\}$.
- **Simplicios 0D:** Los vértices a , b , y c .

El mapeo frontera ∂_2 aplicado al triángulo σ devuelve la **suma formal de sus aristas** (con orientación):

$$\partial_2(\sigma) = f + g + h = \{a, b\} + \{b, c\} + \{a, c\}.$$

2.3.10.2 INTERPRETACIÓN DEL MAPEO

- σ (2-simplicio) representa el triángulo completo.
- Su frontera es una combinación formal (suma orientada) de sus tres aristas (f, g, h).
- Cada arista se define como una relación entre dos vértices.

2.3.10.3 EJEMPLO

Para un triángulo en \mathbb{R}^2 :

- Vértices: $a = (0, 0)$, $b = (1, 0)$, $c = (0, 1)$.
- Las aristas son vectores que conectan los vértices:

$$f = b - a = (1, 0),$$

$$g = c - b = (-1, 1),$$

$$h = a - c = (0, -1).$$

El mapeo frontera descompone el triángulo completo en sus aristas, definiendo así su contorno.

La figura 2.7 muestra el triángulo completo (σ), sus aristas (f, g, h) y vértices (a, b, c), junto con la representación del mapeo frontera.

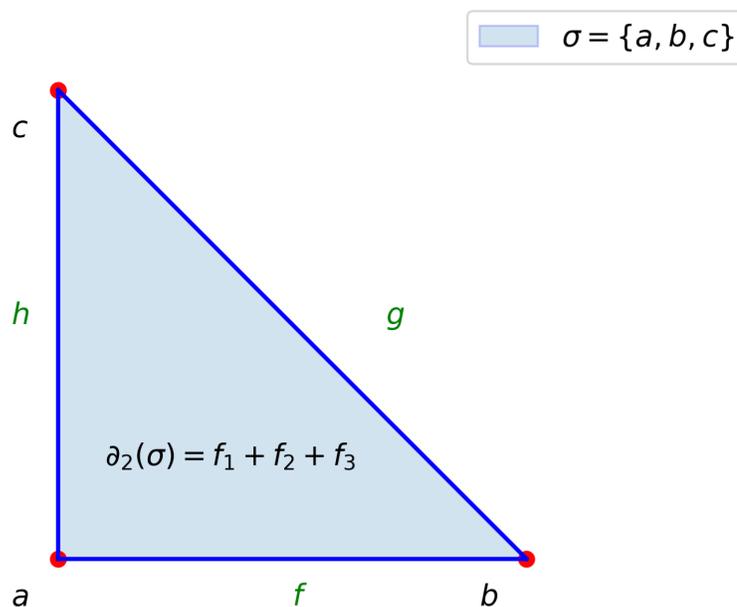


FIGURA 2.7: Ejemplo de mapeo frontera: $\partial_2(\sigma)$.

El mapeo frontera es fundamental en la construcción de grupos de homología, ya que permite descomponer simplicios de dimensión k en sus fronteras de dimensión $k - 1$.

2.3.10.4 PROPIEDAD FUNDAMENTAL DEL MAPEO FRONTERA

La **propiedad fundamental del mapeo frontera** establece que la composición de dos mapeos frontera consecutivos es igual a 0. Matemáticamente, para un complejo simplicial K :

$$\partial_i \circ \partial_{i+1} = 0$$

Esto significa que la frontera de una frontera es siempre nula. Esto implica que la imagen de ∂_{i+1} está contenida en el núcleo de ∂_i :

$$\text{img}(\partial_{i+1}) \subseteq \ker(\partial_i).$$

Para ilustrar esto, consideremos un ejemplo concreto en un complejo simplicial.

Supongamos que tenemos un triángulo $\sigma = \{a, b, c\}$, cuyas aristas son:

- $f = \{a, b\}$
- $g = \{b, c\}$
- $h = \{c, a\}$

El mapeo frontera $\partial_2(\sigma)$ descompone el triángulo σ en la suma de sus aristas orientadas:

$$\partial_2(\sigma) = f + g + h$$

Ahora, consideremos $f = \{a, b\}$, una de las aristas, y apliquemos el mapeo frontera ∂_1 sobre ella:

$$\partial_1(f) = b - a$$

De manera similar:

$$\partial_1(g) = c - b$$

$$\partial_1(h) = a - c$$

Si tomamos $\partial_1(\partial_2(\sigma))$, obtenemos:

$$\partial_1(\partial_2(\sigma)) = \partial_1(f) + \partial_1(g) + \partial_1(h)$$

Sustituyendo los valores de ∂_1 :

$$\partial_1(\partial_2(\sigma)) = (b - a) + (c - b) + (a - c)$$

Agrupando términos:

$$\partial_1(\partial_2(\sigma)) = b - b + c - c + a - a = 0$$

Este cálculo muestra que **la frontera de una frontera es 0**, es decir, la suma de los vértices de un triángulo (con orientación adecuada) se cancela.

2.3.10.5 DEFINICIÓN DEL NÚCLEO (*Ker*)

En álgebra lineal y topología algebraica, el núcleo (*Ker*) de una transformación lineal es el subconjunto que contiene los elementos mapeados al elemento neutro (como el 0 en un espacio vectorial). Matemáticamente, se define como:

$$\text{Ker}(T) = \{v \in V \mid T(v) = 0\},$$

donde $T : V \rightarrow W$ es una transformación lineal entre los espacios vectoriales V y W . En otras palabras, el núcleo es el conjunto de vectores en el dominio V que son anulados por la transformación T .

Propiedades del Núcleo

- **Subespacio:** $\text{Ker}(T)$ siempre es un subespacio del dominio V .

- **Relación con el rango:** La dimensión del núcleo está relacionada con el rango de T mediante el **teorema de rango-nulidad**:

$$\dim(V) = \dim(\text{Ker}(T)) + \dim(\text{Im}(T)),$$

donde $\text{Im}(T)$ es la imagen de T .

Ejemplo en Espacios Vectoriales

Sea $T : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^2$ definido por:

$$T(x, y, z) = (x + y, y + z).$$

El núcleo (Ker) es el conjunto de vectores $(x, y, z) \in \mathbb{R}^3$ tales que:

$$T(x, y, z) = (0, 0).$$

Esto implica:

$$x + y = 0 \quad \text{y} \quad y + z = 0.$$

Resolviendo el sistema de ecuaciones:

$$x = -y, \quad z = -y.$$

Por lo tanto, el núcleo es el subespacio generado por el vector $(-1, 1, -1)$:

$$\text{Ker}(T) = \text{span}\{(-1, 1, -1)\}.$$

RELACIÓN CON LA HOMOLOGÍA En topología algebraica, el núcleo $\text{Ker}(\partial_k)$ del mapeo frontera ∂_k representa los k -ciclos, es decir, combinaciones lineales de k -simplejos que no tienen frontera:

$$\partial_k(\sigma) = 0 \implies \sigma \in \text{Ker}(\partial_k).$$

Esto significa que los k -ciclos son los candidatos a representar *huecos* en el espacio, siempre que no sean k -fronteras (es decir, no estén en $\text{Im}(\partial_{k+1})$).

En términos simples:

- $\text{Ker}(T)$ identifica los elementos que no tienen efecto bajo T , es decir, los que son mapeados a 0.
- En homología, $\text{Ker}(\partial_k)$ identifica los k -simplejos que cierran sobre sí mismos (como un ciclo), lo cual es crucial para detectar los huecos topológicos en un espacio.

EJEMPLO: RELACIÓN CON HOMOLOGÍA Considere un complejo simplicial simple que consta de:

- Tres vértices: a, b, c ,
- Tres aristas: $f = \{a, b\}, g = \{b, c\}, h = \{c, a\}$,
- Un triángulo relleno: $\sigma = \{a, b, c\}$.

1. Cálculo de $\text{Ker}(\partial_1)$ Los 1-ciclos son combinaciones lineales de aristas cuya frontera es cero. Para las aristas:

$$\partial_1(f) = b - a, \quad \partial_1(g) = c - b, \quad \partial_1(h) = a - c.$$

Un 1-ciclo es, por ejemplo:

$$f + g + h, \quad \text{porque } \partial_1(f + g + h) = 0.$$

2. Cálculo de $\text{Im}(\partial_2)$ El triángulo $\sigma = \{a, b, c\}$ tiene como frontera:

$$\partial_2(\sigma) = f + g + h.$$

Esto muestra que $f + g + h$ también es una 1-frontera.

3. Cociente Homológico El grupo de homología H_1 está dado por:

$$H_1 = \frac{\text{Ker}(\partial_1)}{\text{Im}(\partial_2)}.$$

Dado que $f + g + h \in \text{Ker}(\partial_1) \cap \text{Im}(\partial_2)$, concluimos que:

$$H_1 = 0.$$

Interpretación La ausencia de un grupo homológico no trivial ($H_1 = 0$) indica que no hay un hueco 1-dimensional en este espacio, ya que el triángulo está completamente relleno.

2.3.10.6 CONSTRUCCIÓN DEL ESPACIO HOMOLÓGICO

El **espacio homológico** se define como el cociente entre el núcleo de ∂_i y la imagen de ∂_{i+1} :

$$H_k(K) = \frac{\ker(\partial_k)}{\text{img}(\partial_{k+1})}.$$

Los elementos de $\ker(\partial_k)$ se denominan *k-ciclos*, mientras que los de $\text{img}(\partial_{k+1})$ son conocidos como *k-fronteras*.

2.3.10.7 INTERPRETACIÓN GEOMÉTRICA

Desde una perspectiva geométrica:

- Los *k-ciclos* representan estructuras de dimensión *k* en el espacio.
- Los *k-fronteras* son los *k-ciclos* que delimitan un $(k + 1)$ -simplejo.
- Los *k-ciclos* que no son *k-fronteras* representan **huecos** o características topológicas de dimensión *k* en el espacio.

Por ejemplo:

- En dimensión 1 (H_1), los ciclos no fronterizos representan *anillos* o bucles.
- En dimensión 2 (H_2), los ciclos no fronterizos representan cavidades o superficies cerradas.

2.3.10.8 DIMENSIÓN DE LOS HUECOS

La cantidad de huecos de dimensión p se calcula como:

$$B_p(K) = \dim(\ker(\partial_p)) - \dim(\text{img}(\partial_{p+1})).$$

Esto indica que el número de p -ciclos que no son p -fronteras es igual a la diferencia entre el número total de p -ciclos y el número de p -fronteras.

2.3.10.9 REPRESENTACIÓN VISUAL

Esta construcción se ilustra en la Figura 2.8, donde los elementos de $\ker(\partial_p)$ se denominan p -ciclos y los de $\text{img}(\partial_{p+1})$ son p -fronteras. Por lo tanto, los p -ciclos que no son p -fronteras representan los huecos de dimensión p en el espacio.

2.3.11 HOMOLOGÍA PERSISTENTE Y CONSTRUCCIÓN DE COMPLEJOS SIMPLICIALES

Para analizar datos mediante *homología persistente*, es necesario representar el espacio de datos mediante *grupos de homología* que capturen características topológicas invariantes. Este proceso requiere la construcción de *complejos simpliciales* con propiedades específicas que reflejen la estructura del espacio del cual provienen los datos. A continuación, se describe el proceso:

CONSTRUCCIÓN DE COMPLEJOS SIMPLICIALES La construcción de un complejo simplicial parte de dos problemas fundamentales:

- **Definir un complejo simplicial a partir de los datos:** Esto implica identificar la relación entre los puntos para formar vértices, aristas, triángulos y simplicios de mayor dimensión.

- **Asegurar que los complejos simpliciales reflejen las propiedades del espacio de origen:** Es decir, que las características topológicas capturadas sean representativas del espacio subyacente.

ESPACIO MÉTRICO Para construir complejos simpliciales, se requiere que el espacio de datos sea un *espacio métrico*, definido por un conjunto X y una métrica d . La métrica es una función $d : X \rightarrow \mathbb{R}$ que satisface las siguientes propiedades:

- **No negatividad:** $d(x, y) \geq 0$, y $d(x, y) = 0$ si y solo si $x = y$.
- **Simetría:** $d(x, y) = d(y, x)$.
- **Desigualdad triangular:** $d(x, z) \leq d(x, y) + d(y, z)$, para cualquier $x, y, z \in X$.

El conjunto (X, d) es entonces un espacio métrico, donde la métrica d mide la distancia entre los puntos en el conjunto.

USO DE LA MÉTRICA PARA CONSTRUIR COMPLEJOS La métrica d permite definir conjuntos abiertos en el espacio métrico, que son esenciales para construir complejos simpliciales. Los conjuntos abiertos tienen la forma:

$$B(x, \epsilon) = \{y \in X \mid d(x, y) < \epsilon\},$$

donde $\epsilon > 0$ es un parámetro que define el radio del conjunto abierto.

Estos conjuntos abiertos permiten establecer las relaciones entre los puntos de X , que posteriormente son utilizados para definir los simplicios en el complejo simplicial.

CLASIFICACIÓN DE COMPLEJOS SIMPLICIALES Existen diferentes tipos de complejos simpliciales que pueden construirse según el contexto y los datos disponibles:

- **Nervios:** Construidos a partir de una cobertura de conjuntos abiertos en el espacio métrico.
- **Witness Complexes:** Utilizan un subconjunto reducido del espacio de puntos para aproximar la estructura simplicial.
- **Flag Complexes (o Clique Complexes):** Se basan en el grafo de vecindad de los puntos, donde los cliques del grafo definen los simplicios.

APLICACIÓN EN HOMOLOGÍA PERSISTENTE La construcción de complejos simpliciales es el primer paso en el análisis de homología persistente. A medida que el parámetro ϵ varía, los complejos simpliciales evolucionan, permitiendo capturar información sobre la topología del espacio en diferentes escalas. Esta evolución es analizada mediante herramientas algebraicas para identificar características invariantes, como componentes conexas, ciclos y vacíos de mayor dimensión.

Esta metodología constituye la base para aplicar técnicas de homología persistente en datos reales.

2.3.11.1 NERVIOS

Los nervios, en este contexto, son un tipo de complejos simpliciales generados a partir de una buena cubierta \mathcal{V} de un espacio topológico X . Una buena cubierta es una colección finita de subconjuntos $M, N, \dots \in \mathcal{V}$ que cumplen las siguientes condiciones:

- Cada conjunto $M \in \mathcal{V}$ es contráctil, es decir, se puede deformar continuamente en un punto dentro del conjunto M . En términos topológicos, un conjunto contráctil tiene homología trivial.
- La intersección $M \cap N \neq \emptyset$ de cualquier par de conjuntos también es contráctil, asegurando que las intersecciones tengan una estructura topológica simple y manejable.

Con estas condiciones, el complejo simplicial correspondiente al nervio de \mathcal{V} se construye de la siguiente forma:

1. Los conjuntos $M \in \mathcal{V}$ se representan como 0-simplejos (vértices en el complejo).
2. Se agrega un n -simplejo (segmento, triángulo, tetraedro, etc.) si existe un subconjunto $\sigma \subseteq \mathcal{V}$ de $n + 1$ elementos tal que:

$$\bigcap_{M \in \sigma} M \neq \emptyset.$$

Esto significa que los conjuntos M tienen una intersección no vacía.

Entre los tipos más comunes de nervios se encuentran los siguientes:

- **Cech:** Este complejo simplicial se genera considerando bolas abiertas centradas en los puntos de un espacio métrico. Si las bolas tienen intersección no vacía, los vértices correspondientes se conectan formando un simplejo.
- **Delaunay:** Este nervio utiliza triangulaciones geométricas en un conjunto de puntos, conectando aquellos puntos que son vértices de una celda de Voronoi.
- **Alpha:** Es una variante de los complejos de Cech que reduce el número de intersecciones consideradas utilizando propiedades geométricas de las bolas.

Los nervios son una herramienta fundamental en topología computacional porque permiten construir representaciones simpliciales de espacios topológicos a partir de datos discretos, como nubes de puntos. Estas representaciones son esenciales para estudiar propiedades invariantes de los espacios, como la homología y la persistencia topológica, con aplicaciones en ciencia de datos, análisis de formas y más.

2.3.11.2 ČECH COMPLEX

El complejo de Čech, definido a una escala $\epsilon > 0$, es una construcción topológica utilizada para estudiar las propiedades de un espacio a partir de un conjunto de puntos en un espacio métrico. Su construcción se realiza de la siguiente manera:

1. **Generación de vecindades:** Para cada punto $s \in S$, donde $S \subset X$ representa un subconjunto finito de puntos en el espacio X , se genera una vecindad $V_\epsilon(s)$, definida como:

$$V_\epsilon(s) = \{x \in X \mid d(s, x) \leq \epsilon\},$$

donde $d(s, x)$ es la métrica o distancia entre s y x . En esencia, $V_\epsilon(s)$ es una bola de radio ϵ centrada en s .

2. **Definición de la colección de vecindades:** La colección de todas estas vecindades se denota como:

$$\mathcal{V} = \{V_\epsilon(s) \subset X \mid s \in S\}.$$

Esta colección forma una buena cubierta del subconjunto S , ya que cada $V_\epsilon(s)$ es una bola centrada en s que contiene todos los puntos de X a una distancia menor o igual a ϵ .

3. **Cálculo del nervio de la cubierta:** Se construye el complejo simplicial asociado al nervio $N(\mathcal{V})$ de la cubierta \mathcal{V} . Este complejo simplicial se define de la siguiente manera:

- Cada bola $V_\epsilon(s)$ corresponde a un 0-simplejo (vértice).
- Si un subconjunto de $n + 1$ bolas $V_\epsilon(s_1), V_\epsilon(s_2), \dots, V_\epsilon(s_{n+1})$ tiene intersección no vacía:

$$\bigcap_{i=1}^{n+1} V_\epsilon(s_i) \neq \emptyset,$$

entonces se incluye un n -simplejo en $N(\mathcal{V})$.

El complejo de Čech permite capturar la estructura topológica del espacio X mediante las relaciones de intersección entre las bolas $V_\epsilon(s)$. Esto lo hace particularmente útil en topología persistente, donde se estudian cómo cambian las características topológicas (como agujeros y conectividad) a medida que se varía el radio ϵ .

Relación con los nervios: El complejo de Čech es un ejemplo particular de un nervio construido a partir de una buena cubierta de X . Su uso permite representar el espacio topológico original mediante un complejo simplicial, lo cual facilita el análisis computacional de propiedades topológicas.

2.3.11.3 COMPLEJO DE VIETORIS-RIPS

El **Complejo de Vietoris-Rips** es una herramienta fundamental en el Análisis Topológico de Datos (TDA) para modelar la estructura de un espacio métrico S a partir de un conjunto de puntos. Este complejo permite construir representaciones aproximadas del espacio utilizando relaciones de proximidad entre los puntos, lo cual es particularmente útil en el análisis de datos discretos.

DEFINICIÓN FORMAL Dado un conjunto de puntos S en un espacio métrico (X, d) y un parámetro de escala $\epsilon > 0$, el complejo de Vietoris-Rips se define como:

$$VR_\epsilon(S) = \{\sigma \subseteq S : d(x, y) \leq 2\epsilon \forall x, y \in \sigma\}.$$

Esto significa que el complejo de Vietoris-Rips incluye todos los subconjuntos de S cuyos puntos están mutuamente conectados bajo la condición de que la distancia entre cualquier par de puntos sea menor o igual a 2ϵ .

CONSTRUCCIÓN

1. **Puntos (0-simplejos):** Cada punto en S es un 0-simplejo.

2. **Lados (1-simplejos):** Dos puntos $s_i, s_j \in S$ forman un 1-simplejo (arista) si $d(s_i, s_j) \leq 2\epsilon$.
3. **Triángulos (2-simplejos):** Tres puntos $s_i, s_j, s_k \in S$ forman un 2-simplejo (triángulo) si están mutuamente conectados, es decir, todos los pares de puntos satisfacen $d(s_i, s_j) \leq 2\epsilon$.
4. **n -simplejos:** Un conjunto de $n + 1$ puntos forma un n -simplejo si cada par de puntos está conectado.

El complejo de Vietoris-Rips permite estudiar las propiedades topológicas del espacio subyacente a S , como la conectividad y los agujeros, mediante una construcción combinatoria. Al variar el parámetro ϵ , se pueden observar cambios en estas propiedades, lo que proporciona información clave sobre la estructura del espacio.

Esta construcción es ampliamente utilizada en la homología persistente para analizar datos discretos en campos como biología, ciencias sociales y aprendizaje automático, donde se busca capturar características invariantes del espacio representado por el conjunto de datos.

El complejo de Vietoris-Rips es computacionalmente eficiente y fácil de implementar, lo que lo hace una opción popular en estudios topológicos aplicados.

2.4 ANÁLISIS TOPOLÓGICO DE DATOS (TDA)

El Análisis Topológico de Datos (TDA) es una técnica emergente que utiliza herramientas de la topología algebraica para estudiar la forma y estructura de los datos. Esta técnica es particularmente útil para analizar datos complejos y ruidosos, proporcionando una robustez que supera a muchas técnicas tradicionales de análisis de datos. El TDA permite la identificación de características topológicas que persisten a través de múltiples escalas en los datos, lo cual es esencial para capturar la estructura de datos de alta dimensionalidad y variabilidad Amézquita *et al.* (2020).

2.4.1 HOMOLOGÍA PERSISTENTE EN ANÁLISIS TOPOLÓGICO DE DATOS

La homología persistente es una herramienta dentro del TDA que se utiliza para estudiar la forma de los datos mediante la construcción de complejos simpliciales y el análisis de los ciclos que persisten a través de diferentes escalas. Un complejo simplicial es una colección de simplejos (puntos, aristas, triángulos, etc.) que se utilizan para aproximar la estructura de los datos. Los grupos de homología se utilizan para contar y clasificar estos ciclos en diferentes dimensiones, proporcionando una representación compacta y significativa de la topología de los datos Amézquita *et al.* (2020).

Para aplicar la homología persistente, se construye una serie de complejos simpliciales a partir de los datos para diferentes valores de un parámetro de escala. Luego, se calculan los grupos de homología para cada complejo simplicial, identificando los ciclos que persisten a través de múltiples escalas. Los resultados se visualizan en un diagrama de persistencia, donde cada punto representa un ciclo y sus coordenadas indican las escalas en las que aparece y desaparece. Los ciclos que persisten a través de un amplio rango de escalas se consideran características topológicas significativas de los datos Amézquita *et al.* (2020).

El análisis de homología persistente se basa en la idea de que podemos descomponer un espacio X y reconstruirlo como una combinación de bloques finitos llamados **simplejos**. Los simplejos forman un conjunto finito de elementos del espacio, y el conjunto que contiene a todos los simplejos se denomina **complejo simplicial**, representado por K . Este complejo simplicial actúa como un esqueleto que representa el espacio X y mantiene las propiedades importantes del espacio original.

El análisis de homología persistente nos permite estudiar estas propiedades mediante **grupos de homología**, denotados como $H_0, H_1, \dots, H_n, \dots$. La información proporcionada por estos grupos incluye el número de ciclos de dimensión n en el

espacio, calculado como $B_n(K) = \dim(H_n)$.

Por ejemplo:

- H_0 nos informa sobre el número de componentes conexas en el espacio. En la 2.8 (a), $B_0(K) = \dim(H_0)$ indica 2 componentes desconectadas.
- H_1 nos proporciona el número de huecos o ciclos de dimensión 1. En la 2.8 (b), $B_1(K) = \dim(H_1)$ indica 1 hueco.

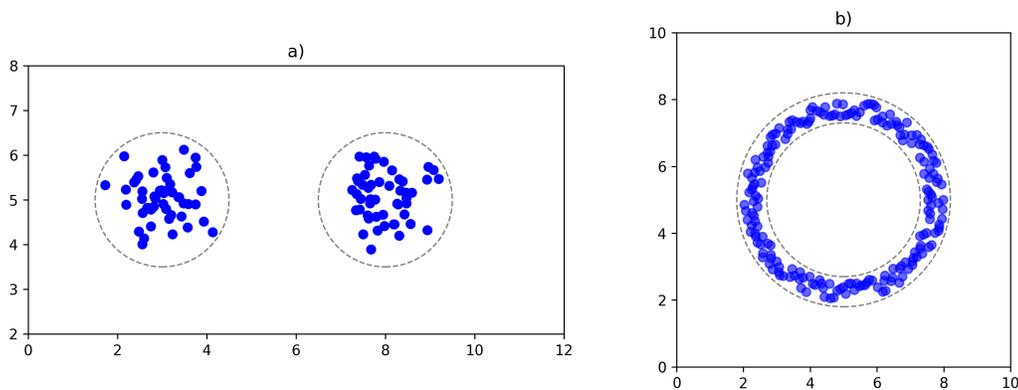


FIGURA 2.8: Ejemplo de huecos de dimensión 0 y 1. La figura a) muestra dos conjuntos de puntos rodeados por círculos, representando dos componentes no conexas. La figura b) muestra un anillo más denso rodeado por dos círculos, indica 1 hueco de dimension 1.

2.4.2 NÚMEROS DE BETTI Y GRUPOS DE HOMOLOGÍA

Los números de Betti y los grupos de homología son conceptos clave en la homología persistente. Los números de Betti (k) indican el número de k -ciclos independientes en un espacio topológico, es decir, el número de componentes conectadas (0), el número de agujeros o bucles (1), y así sucesivamente. Estos números proporcionan una medida cuantitativa de las características topológicas en diferentes dimensiones Amézquita *et al.* (2020).

Los grupos de homología, por otro lado, son estructuras algebraicas que capturan la información de los ciclos en un espacio topológico. Para una dimensión k , el k -ésimo grupo de homología H_k se define como el conjunto de k -ciclos, módulo los k -bordes. Los números de Betti son los rangos de estos grupos de homología, proporcionando una conexión directa entre la topología y el álgebra Amézquita *et al.* (2020). El uso de la homología persistente en el análisis de cantos de aves permite identificar patrones acústicos que son robustos frente a variaciones y ruido, mejorando la precisión y fiabilidad de la clasificación de especies. Esta técnica proporciona una herramienta poderosa para el monitoreo de la biodiversidad, ofreciendo nuevas oportunidades para la conservación y el estudio de las poblaciones de aves Amézquita *et al.* (2020).

2.4.3 DELAY EMBEDDING

Mencionar que en serie de tiempo primero se debe transformar a nube de puntos, a diferencia de imágenes. El Delay Embedding es una técnica crucial para el análisis de series temporales mediante el Análisis Topológico de Datos (TDA). El Teorema de Embedding de Takens establece que, bajo ciertas condiciones, se puede reconstruir la dinámica de un sistema mediante la creación de un espacio de fases a partir de una sola variable observada en el tiempo. Este espacio de fases se construye utilizando vectores de retardo, que transforman la serie temporal original en una nube de puntos Ravishanker y Chen (2019).

La elección de los parámetros d y τ es crucial. El parámetro τ puede seleccionarse utilizando diferentes enfoques, como el análisis de la función de autocorrelación para determinar el primer mínimo significativo. La dimensión d puede determinarse mediante el método de los falsos vecinos más cercanos, que evalúa si la estructura local en el espacio embebido se mantiene consistente al aumentar la dimensión Ravishanker y Chen (2019).

El Delay Embedding garantiza la preservación de las propiedades topológicas de la serie temporal, permitiendo la aplicación de técnicas de TDA para analizar su estructura. Esto es especialmente útil para identificar patrones y dinámicas en datos complejos, como las vocalizaciones de aves, donde los patrones acústicos pueden analizarse de manera más efectiva mediante la transformación de la serie temporal en un espacio de fases de mayor dimensión Ravishanker y Chen (2019).

Ecuación de Delay Embedding Ecuación

$$\mathbf{x}(t) = [x(t), x(t + \tau), x(t + 2\tau), \dots, x(t + (D - 1)\tau)]$$

Definición de Parámetros $\mathbf{x}(t)$ Vector de delay embedding. τ Retraso de tiempo. D Dimensión del espacio, que determina el número de componentes en el vector.

Ejemplo Para $t = 0$ y $\tau = 5$:

$$x(0) = [x(0), x(0 + 5), x(0 + 2(5))]$$

$$x(0) = [x(0), x(5), x(10)]$$

Resultado :

$$\begin{pmatrix} X : [0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9] \\ Y : [5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14] \\ Z : [10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19] \end{pmatrix}$$

2.4.4 COMPLEJO VIETORIS-RIPS

El complejo Vietoris-Rips es una construcción fundamental en el análisis topológico de datos, utilizada ampliamente en el cálculo de la homología persistente.

Se define a partir de un conjunto de puntos en un espacio métrico y un parámetro de escala ϵ . Para cualquier subconjunto de puntos, si la distancia entre cada par de puntos en el subconjunto es menor que ϵ , se forma un simplejo. El complejo Vietoris-Rips es la colección de todos estos simplejos para un dado ϵ Amézquita *et al.* (2020).

Este complejo es particularmente útil debido a su simplicidad y facilidad de implementación para cualquier nube de puntos. Sin embargo, el cálculo del complejo Vietoris-Rips puede ser computacionalmente intensivo, especialmente para grandes conjuntos de datos y altas dimensiones. A pesar de esto, su capacidad para capturar la estructura topológica esencial de los datos lo hace invaluable en el TDA Amézquita *et al.* (2020).

El proceso de construcción del complejo Vietoris-Rips comienza con un conjunto de puntos y un parámetro de escala. A medida que el parámetro de escala aumenta, se generan nuevos simplejos, reflejando la topología subyacente de los datos a diferentes escalas. Este proceso se visualiza mediante diagramas de persistencia, que muestran la aparición y desaparición de características topológicas a lo largo de múltiples escalas Amézquita *et al.* (2020).

2.4.5 DIAGRAMAS DE PERSISTENCIA Y BARCODES

En el análisis topológico de datos, los diagramas de persistencia y los códigos de barras (barcodes) son herramientas visuales fundamentales para representar la homología persistente. Ambos permiten visualizar las características topológicas de un conjunto de datos a lo largo de diferentes escalas, facilitando la identificación de patrones robustos.

2.4.5.1 DIAGRAMAS DE PERSISTENCIA

Un diagrama de persistencia es una representación gráfica en la que cada punto corresponde a una característica topológica (como un ciclo o un agujero) detectada en los datos. En el diagrama, el eje x representa el valor de nacimiento de la característica, es decir, el punto en el que aparece por primera vez, y el eje y representa el valor de muerte, es decir, el punto en el que desaparece. La distancia de un punto a la diagonal (donde $x=y$) indica la persistencia de la característica: cuanto más lejos esté de la diagonal, más significativa es la característica Amézquita *et al.* (2020)).

2.4.5.2 BARCODES

Los códigos de barras son una representación alternativa y complementaria a los diagramas de persistencia. En lugar de puntos, los códigos de barras utilizan líneas horizontales para representar las características topológicas. Cada línea comienza en el valor de nacimiento y termina en el valor de muerte de una característica. La longitud de la línea indica la persistencia de la característica. Esta representación es útil para identificar rápidamente características topológicas significativas y compararlas entre diferentes conjuntos de datos Amézquita *et al.* (2020).

2.4.5.3 RIPSER

Añadir que lenguaje y su versión y que maquina y sus caracteristica. Ripser.py es una biblioteca de Python diseñada para realizar cálculos de homología persistente de manera eficiente. Basada en la implementación de Ripser en C++, Ripser.py proporciona una interfaz intuitiva para realizar filtraciones de Vietoris-Rips y calcular diagramas de persistencia. La biblioteca ha sido optimizada para manejar grandes conjuntos de datos y ha integrado múltiples mejoras en la velocidad computacional Tralie *et al.* (2018).

Ripser.py ofrece dos interfaces: una interfaz funcional ligera y una interfaz orientada a objetos que se integra con el paradigma de transformadores de Scikit-Learn. Esta flexibilidad permite a los usuarios elegir la interfaz que mejor se adapte a sus necesidades, ya sea para un uso rápido y sencillo o para una integración más profunda en pipelines de aprendizaje automático Tralie *et al.* (2018).

Entre las características destacadas de Ripser.py se incluyen: Filtraciones Escasas: Ripser.py puede manejar matrices de distancia escasas utilizando la biblioteca `scipy.sparse`, lo que permite realizar cálculos eficientes en grandes conjuntos de datos Tralie *et al.* (2018).

Campos de Coeficientes: La biblioteca permite la especificación de campos de coeficientes arbitrarios, lo que es útil para detectar estructuras complejas en los datos Tralie *et al.* (2018).

Ciclos Representativos: Ripser.py puede devolver ciclos representativos asociados a diferentes clases de homología, lo que facilita la localización de características topológicas en el conjunto de datos original Tralie *et al.* (2018).

Ripser.py ha sido utilizada en diversas aplicaciones, desde la síntesis de videos en cámara lenta hasta el análisis de movimientos repetitivos en niños con trastorno del espectro autista, demostrando su versatilidad y eficacia en una amplia gama de problemas Tralie *et al.* (2018).

2.4.6 DISTANCIAS ENTRE DIAGRAMAS DE PERSISTENCIA

Las distancias entre diagramas de persistencia son métricas que cuantifican la disimilitud entre dos diagramas de persistencia, que son representaciones visuales utilizadas en el Análisis Topológico de Datos (TDA) para resumir las características topológicas de los datos, como la creación y desaparición de componentes conectados, túneles y cavidades. Estas distancias son importantes porque permiten comparar

diagramas de persistencia de diferentes conjuntos de datos, lo cual es esencial en aplicaciones donde se busca analizar patrones y clasificar estructuras topológicas en datos complejos Turner *et al.* (2014).

2.4.6.1 DISTANCIA DE WASSERSTEIN

La distancia de Wasserstein es una de las métricas más comunes para comparar diagramas de persistencia. Esta distancia mide la diferencia entre dos diagramas al minimizar la suma de las distancias elevadas a la potencia q entre los puntos correspondientes de cada diagrama. La distancia mide la cantidad mínima de "trabajo" necesario para transformar un diagrama en otro, permitiendo capturar diferencias detalladas entre los diagramas Turner *et al.* (2014).

La *distancia de Wasserstein* o *Wasserstein metric* se define como:

$$W_p[d](A, B) = \inf_{f \in F} \left[\sum_{x \in A} d(x, f(x)) \right]^{\frac{1}{p}}$$

donde:

- A y B son los dos conjuntos de puntos que se quieren comparar.
- $d(x, y)$ es una métrica que mide la distancia entre puntos x y y en el espacio métrico.
- $p \geq 1$ es un parámetro que especifica cómo se ponderan las distancias.
- f es una función que asigna a cada punto $x \in A$ un punto en B , es decir, una correspondencia entre los puntos de A y B .
- \inf denota el ínfimo (el menor valor posible) de la cantidad dentro de los corchetes al variar f en el conjunto de funciones admisibles F .

El cálculo de la distancia de Wasserstein implica:

1. Elegir una función de correspondencia f .
2. Calcular las distancias $d(x, f(x))$.
3. Sumar las distancias: $\sum_{x \in A} d(x, f(x))$.
4. Tomar la p -ésima raíz: $[\sum_{x \in A} d(x, f(x))]^{\frac{1}{p}}$.
5. Minimizar sobre todas las posibles correspondencias f .

2.4.7 CASO ESPECIAL: ARRAYS DE 3 DIMENSIONES (x, y, z)

Supongamos que los conjuntos P y Q matrices de 3 dimensiones, donde cada punto se representa como (x, y, z) . La distancia de Wasserstein en este caso se puede calcular usando la métrica euclidiana en el espacio tridimensional.

2.4.7.1 MÉTRICA EUCLIDIANA

La distancia euclidiana entre dos puntos (x_1, y_1, z_1) y (x_2, y_2, z_2) se define como:

$$d((x_1, y_1, z_1), (x_2, y_2, z_2)) = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2 + (z_2 - z_1)^2}$$

2.4.7.2 PASOS PARA CALCULAR LA DISTANCIA DE WASSERSTEIN

1. **Definir las matrices P y Q :**
 - $P = \{(x_i, y_i, z_i) \mid i = 1, \dots, n\}$
 - $Q = \{(x_j, y_j, z_j) \mid j = 1, \dots, m\}$
2. **Elegir una función de correspondencia f** que empareje puntos de P con puntos de Q .

3. Calcular las distancias euclidianas:

$$d((x_i, y_i, z_i), (x_j, y_j, z_j)) = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2 + (z_j - z_i)^2}$$

4. Suma de las distancias:

$$\text{Costo total} = \sum_i d((x_i, y_i, z_i), f((x_i, y_i, z_i)))$$

5. Tomar la p -ésima raíz:

$$W_p = \left(\sum_i d((x_i, y_i, z_i), f((x_i, y_i, z_i))) \right)^{\frac{1}{p}}$$

6. Optimizar la correspondencia f para minimizar el costo total.

2.4.7.3 DISTANCIA DE CUELLO DE BOTELLA

Otra distancia importante es la distancia de cuello de botella (o bottleneck distance), que es menos sensible a pequeños detalles en los diagramas. Esta métrica mide la distancia máxima entre puntos correspondientes bajo la asignación óptima, minimizando el valor más grande entre los puntos emparejados de los diagramas. Es particularmente útil cuando se quiere una medida más robusta y menos afectada por ruido o pequeñas variaciones Turner *et al.* (2014).

2.4.8 DISTANCIA DE DIAGRAMAS DE PERSISTENCIA POR INCREMENTOS DE ÉPSILON

El Método de Distancia de Diagramas de Persistencia por Incrementos de Épsilon utiliza la distancia de Wasserstein para comparar diagramas de persistencia mediante intervalos secuenciales de ϵ . En cada intervalo, se cuenta la presencia de las clases de homología H_0 , H_1 y H_2 , las cuales se representan en tres dimensiones (x, y, z) , donde:

- x : corresponde al valor del intervalo de ϵ ,
- y : a la cantidad de veces que se observa la homología H_1 ,
- z : a la cantidad de veces que se observa la homología H_2 .

Este método permite analizar variaciones topológicas y comparar estructuras de datos a través de una métrica cuantitativa.

2.5 ANÁLISIS ESPECTRAL

2.5.1 ONDAS SONORAS

Las ondas sonoras son perturbaciones que se propagan a través de un medio (como aire, agua o sólidos) y se perciben como sonido cuando alcanzan el oído humano o animal. En el contexto del canto de las aves, las ondas sonoras son generadas por la vibración de las membranas vocales en la siringe, moduladas por el flujo de aire. Estas ondas sonoras pueden analizarse para comprender la estructura y variabilidad de los cantos ?.

2.5.2 RUIDO

El ruido es cualquier componente no deseado en una señal sonora que interfiere con la percepción o análisis del sonido deseado. En el estudio de los cantos de aves, el ruido puede provenir de varias fuentes, como el ambiente natural (viento, agua, otros animales) o interferencias técnicas (equipos de grabación). La presencia de ruido complica el análisis de los cantos, por lo que es crucial emplear técnicas de filtrado y procesamiento de señales para minimizar su impacto Ravishanker y Chen (2019).

2.5.3 FILTROS

Los filtros son herramientas utilizadas en el procesamiento de señales para eliminar o reducir el ruido y otras componentes no deseadas de una señal. Existen diferentes tipos de filtros, como los filtros de paso bajo, que permiten el paso de frecuencias bajas y atenúan las altas; los filtros de paso alto, que hacen lo contrario; y los filtros de paso banda, que permiten el paso de un rango específico de frecuencias. En el análisis de los cantos de aves, los filtros son esenciales para mejorar la calidad de las grabaciones y facilitar la extracción de características relevantes ?.

2.5.4 TRANSFORMADA DE FOURIER DE TIEMPO CORTO (STFT)

La Transformada de Fourier de Tiempo Corto (STFT) es una herramienta fundamental en el análisis de señales, especialmente útil para obtener una representación conjunta en el dominio tiempo-frecuencia. A diferencia de la transformada de Fourier tradicional, que solo proporciona información sobre las frecuencias presentes en una señal, la STFT permite conocer cuándo ocurren estas frecuencias, lo cual es crucial para el análisis de señales no estacionarias. Funcionamiento de la STFT

La STFT de una señal $x(t)$ se obtiene multiplicando la señal por una ventana deslizante $w(t)$ y aplicando la transformada de Fourier a cada segmento temporal. Matemáticamente, se expresa como:

2.5.4.1 VENTANAS UTILIZADAS EN LA STFT

La elección de la función de ventana es crucial, ya que determina la resolución temporal y frecuencial del análisis. Las ventanas más comunes incluyen la rectangular, Hamming, Hanning, Bartlett y Blackman, cada una con sus propias características en términos de suavizado de los bordes de los segmentos temporales.

2.5.4.2 RESOLUCIÓN DE FRECUENCIA

Existe una relación inversa entre la resolución en frecuencia y la duración de la ventana. Una ventana más ancha proporciona mejor resolución en frecuencia pero peor resolución en tiempo. Esta compensación es una consecuencia del principio de incertidumbre aplicado a la STFT.

2.5.4.3 APLICACIONES Y LIMITACIONES

La STFT es ampliamente utilizada en el análisis de señales donde las frecuencias cambian con el tiempo, como en la música, el radar, el sonar y las señales biomédicas. No obstante, la principal limitación es la compensación entre la resolución temporal y frecuencial, lo que significa que no se puede obtener alta resolución en ambos dominios simultáneamente.

2.5.4.4 IMPLEMENTACIÓN DIGITAL

La STFT se implementa digitalmente utilizando técnicas como la Transformada Rápida de Fourier (FFT), lo que permite un análisis eficiente y preciso en aplicaciones prácticas mediante el uso de software y hardware digitales ?.

2.5.5 SONOGRAMAS Y ANÁLISIS DE FRECUENCIA

Una herramienta crucial en el estudio de los cantos de aves es el sonograma, que es una representación visual de la frecuencia de los sonidos a lo largo del tiempo. Los sonogramas permiten a los investigadores analizar la estructura temporal y frecuencial de los cantos, identificando patrones y variaciones que pueden ser característicos de diferentes especies o individuos ?.

La construcción de un sonograma implica dividir la señal de audio en pequeñas ventanas de tiempo y calcular el contenido frecuencial de cada ventana. Esto produce una representación bidimensional donde el eje horizontal representa el tiempo y el eje vertical representa la frecuencia. Los diferentes colores o intensidades en el sonograma indican la amplitud de las frecuencias presentes en cada ventana de tiempo, facilitando la identificación de patrones complejos en los cantos de las aves ?.

2.6 CLUSTERING JERÁRQUICO

El artículo “Clustering” (2017) describe el uso del clustering jerárquico en el análisis de datos biológicos, como la expresión génica, para descubrir relaciones significativas entre muestras. Este método agrupa elementos basándose en su similitud, representando los resultados mediante un dendrograma, lo cual permite visualizar las relaciones jerárquicas entre las muestras. El clustering jerárquico es especialmente útil para explorar patrones biológicos complejos y establecer grupos de datos relacionados sin necesidad de predefinir el número de clústeres, proporcionando una estructura flexible para interpretar datos complejos en función de su organización y similitud Altman y Krzywinski (2017).

2.6.1 MÉTODOS DE ENLACE(LINKAGE) UTILIZADOS EN EL CLUSTERING JERÁRQUICO

La biblioteca `scipy.cluster.hierarchy` se utiliza para análisis de agrupamiento jerárquico SciPy Development Team (2024).

2.6.1.1 SINGLE LINKAGE

La distancia entre dos clústeres u y v se define como la distancia mínima entre cualquier par de puntos, donde uno pertenece a u y el otro a v :

$$d(u, v) = \text{mín}(\text{dist}(u[i], v[j]))$$

Este método es también conocido como el "Nearest Point Algorithm" (algoritmo del punto más cercano). Se utiliza para encontrar la conexión más corta entre los clústeres, lo que puede dar lugar a la formación de clústeres alargados y delgados.

2.6.1.2 COMPLETE LINKAGE

La distancia entre dos clústeres u y v se define como la distancia máxima entre cualquier par de puntos, uno de u y el otro de v :

$$d(u, v) = \text{máx}(\text{dist}(u[i], v[j]))$$

También conocido como el "Farthest Point Algorithm" (algoritmo del punto más lejano), este método tiende a crear clústeres más compactos y redondeados.

2.6.1.3 AVERAGE LINKAGE

La distancia entre dos clústeres u y v se define como el promedio de todas las distancias entre pares de puntos, uno de u y el otro de v :

$$d(u, v) = \frac{1}{|u| \times |v|} \sum_{i,j} \text{dist}(u[i], v[j])$$

Este método se conoce como el algoritmo UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) y proporciona un equilibrio entre el enlace simple y el enlace completo.

2.6.1.4 WEIGHTED LINKAGE (ENLACE PONDERADO)

La distancia entre clústeres se define como el promedio de las distancias entre el clúster recién formado s y los clústeres v y t :

$$d(u, v) = \frac{\text{dist}(s, v) + \text{dist}(t, v)}{2}$$

También llamado WPGMA (Weighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), este método ajusta las distancias de manera uniforme.

2.6.1.5 CENTROID LINKAGE

La distancia se calcula entre los centroides de los clústeres s y t :

$$\text{dist}(s, t) = \|c_s - c_t\|_2$$

donde c_s y c_t son los centroides de los clústeres s y t , respectivamente. Es conocido como el algoritmo UPGMC (Unweighted Pair Group Method using Centroids).

2.6.1.6 MEDIAN LINKAGE (ENLACE DE LA MEDIANA)

Similar al enlace del centroid, pero usa el promedio de los centroides de los clústeres s y t para calcular la distancia del nuevo centroide. Este método se llama WPGMC (Weighted Pair Group Method using Centroids).

2.6.1.7 WARD'S LINKAGE

Utiliza un criterio de minimización de varianza. La fórmula es:

$$d(u, v) = \sqrt{\frac{|v| + |s|}{T}d(s, v)^2 + \frac{|v| + |t|}{T}d(v, t)^2 - \frac{|v|}{T}d(s, t)^2}$$

donde $T = |v| + |s| + |t|$, y $|*|$ es la cardinalidad de cada clúster. Este método tiende a minimizar la suma de las varianzas dentro de cada clúster

Estos métodos proporcionan diferentes formas de calcular las distancias entre clusters, lo que afecta la forma final de la jerarquía y los grupos formados.

Waskom

2.6.2 MÉTRICAS DE DISTANCIA

Métricas de distancia que son utilizadas para calcular las distancias entre observaciones en un espacio n-dimensional.

2.6.2.1 DISTANCIA EUCLIDIANA

La distancia Euclidiana es la longitud de la línea recta entre dos puntos en un espacio n-dimensional, calculada usando la norma L_2 .

$$d(u, v) = \sqrt{\sum_i (u_i - v_i)^2}$$

Es la métrica más comúnmente utilizada en el espacio Euclidiano.

2.6.2.2 DISTANCIA DE MINKOWSKI

Generaliza las distancias Euclidiana y de Manhattan, utilizando una norma L_p con un parámetro $p > 0$.

$$d(u, v) = \left(\sum_i |u_i - v_i|^p \right)^{1/p}$$

Para $p = 1$, se convierte en la distancia de Manhattan; para $p = 2$, se convierte en la distancia Euclidiana.

2.6.2.3 DISTANCIA DE MANHATTAN

También conocida como "distancia de bloques de la ciudad." o "distancia de L1", mide la distancia entre dos puntos a lo largo de los ejes.

$$d(u, v) = \sum_i |u_i - v_i|$$

Es útil cuando el movimiento solo puede ocurrir en direcciones ortogonales, como en una cuadrícula.

2.6.2.4 DISTANCIA EUCLIDIANA ESTANDARIZADA

Es la distancia Euclidiana ajustada por la varianza de cada componente.

$$d(u, v) = \sqrt{\sum_i \frac{(u_i - v_i)^2}{V[i]}}$$

Aquí, $V[i]$ es la varianza de la i -ésima componente.

2.6.2.5 DISTANCIA DE COSENO

Mide la disimilitud angular entre dos vectores, definida como uno menos el coseno del ángulo entre ellos.

$$d(u, v) = 1 - \frac{u \cdot v}{\|u\|_2 \|v\|_2}$$

Se utiliza comúnmente para comparar la orientación de vectores.

2.6.2.6 DISTANCIA DE CORRELACIÓN

Mide la disimilitud basada en la correlación lineal de los vectores.

$$d(u, v) = 1 - \frac{(u - \bar{u}) \cdot (v - \bar{v})}{\|u - \bar{u}\|_2 \|v - \bar{v}\|_2}$$

Aquí, \bar{u} y \bar{v} son las medias de los elementos de u y v , respectivamente.

2.6.2.7 DISTANCIA DE HAMMING

Calcula la proporción de elementos diferentes entre dos vectores de igual longitud.

$$d(u, v) = \frac{\text{número de posiciones donde } u_i \neq v_i}{\text{longitud del vector}}$$

Es útil para datos categóricos o booleanos.

2.6.2.8 DISTANCIA DE JACCARD

Mide la disimilitud entre dos conjuntos como la proporción de elementos diferentes.

$$d(u, v) = \frac{\text{número de elementos diferentes}}{\text{total de elementos}}$$

2.6.2.9 DISTANCIA DE JENSEN-SHANNON

Es una métrica basada en la divergencia de Kullback-Leibler, utilizada para comparar distribuciones de probabilidad.

$$d(p, q) = \sqrt{\frac{D(p||m) + D(q||m)}{2}}$$

Donde m es el promedio punto a punto de p y q .

2.6.2.10 DISTANCIA DE CHEBYSHEV

Mide la distancia máxima entre los componentes respectivos de dos vectores.

$$d(u, v) = \max_i |u_i - v_i|$$

2.6.2.11 DISTANCIA DE CANBERRA

Es la suma de las razones absolutas de las diferencias entre los elementos y sus sumas.

$$d(u, v) = \sum_i \frac{|u_i - v_i|}{|u_i| + |v_i|}$$

Sensible a valores pequeños y se usa en series temporales.

2.6.2.12 DISTANCIA DE BRAY-CURTIS

Mide la disimilitud entre dos muestras como la diferencia absoluta entre las sumas de las variables dividida por la suma total.

$$d(u, v) = \frac{\sum_i |u_i - v_i|}{\sum_i |u_i + v_i|}$$

2.6.2.13 DISTANCIA DE MAHALANOBIS

Considera la correlación entre variables y escala las distancias en función de la varianza-covarianza.

$$d(u, v) = \sqrt{(u - v)^T V^{-1} (u - v)}$$

Donde V^{-1} es la matriz de covarianza inversa.

2.6.2.14 OTRAS MÉTRICAS

Yule, Matching, Dice, Kulczynski, Rogers-Tanimoto, Russell-Rao, Sokal-Michener, Sokal-Sneath, que son métricas especializadas utilizadas para datos booleanos.

Waskom

CAPÍTULO 3

METODOLOGÍA

3.1 ESPECIFICACIONES TÉCNICAS

Para el desarrollo de los experimentos y análisis presentados en esta tesis, se utilizó un equipo con las siguientes especificaciones técnicas:

- **Procesador:** AMD Ryzen 3 5300U with Radeon Graphics, 2.60 GHz
- **RAM:** 32.0 GB.
- **Tipo de sistema:** Sistema operativo de 64 bits.
- **Sistema operativo:** Windows 11 Home Single Language, versión 23H2.

Además, se utilizó Python versión **3.12.0** y las siguientes librerías con sus respectivas versiones:

- **ripser:** 0.6.4
- **scipy:** 1.14.0
- **persim:** 0.3.2

- **numpy:** 1.26.4
- **matplotlib:** 3.9.1
- **pandas:** 2.2.2
- **seaborn:** 0.13.0

3.2 TRATAMIENTO DE LA BASE DE DATOS

Todo el procesamiento del audio se utilizó con librerías de python. Python fue elegido para el manejo de datos de audio debido a su versatilidad, facilidad de uso y la disponibilidad de bibliotecas especializadas como Librosa y NumPy, que facilitan desde el procesamiento básico hasta el análisis avanzado. Además, el amplio soporte de la comunidad lo convierten en una opción ideal para el análisis eficiente y reproducible en entornos académicos.

3.3 PREPARACIÓN Y TRANSFORMACIÓN DE ARCHIVOS DE AUDIO

El proceso de análisis comienza con la preparación y transformación de los archivos de audio, que son la base de este estudio. Para asegurar la homogeneidad y calidad de los datos, se sigue un procedimiento riguroso:

3.3.1 CARGAR Y CONVERTIR ARCHIVOS DE AUDIO

- **Cargar archivos:** El primer paso consiste en cargar los archivos de audio en formato WAV, el cual es preferido por su alta calidad y facilidad de manejo.

Si los archivos originales están en formato MP3, se procede a su conversión a WAV para asegurar que todos los archivos tengan un formato consistente.

- **Selección de canal:** En caso de que los archivos sean estéreo, se selecciona solo un canal de audio. Esto se hace para simplificar el análisis y evitar duplicidad de información, ya que la información en ambos canales suele ser similar.
- **Frecuencia de muestreo:** La frecuencia de muestreo, que es fundamental para la calidad y resolución del análisis, se obtiene directamente de los archivos. Las frecuencias comunes en este estudio son 48,000 Hz y 44,100 Hz, las cuales son estándar en grabaciones.

3.4 FILTRADO DE LAS SEÑALES DE AUDIO

Se analizaron las señales con la Fast Fourier Transform (FFT) para identificar las frecuencias correspondientes al canto de las aves y hacer un filtro pasabandas.

Se eligió un filtro pasa banda desde 1500 Hz hasta 12000 Hz. Un ejemplo de audio filtrado se muestra en la figura 3.1.

Los datos se normalizan para que todos los valores estén dentro del rango $[-1, 1]$.

3.4.1 SELECCIÓN DE SEGMENTOS SIGNIFICATIVOS DEL AUDIO

Para hacer un análisis más detallado, se segmentó el audio en ventanas de tiempo correspondientes a trinos individuales. A cada uno de estos segmentos se le aplicó TDA, utilizando la homología persistente tipo 1 (H_1). El valor del delay embedding para el TDA se calculó utilizando la media de la frecuencia (como se observa en la imagen 3.2) de cada segmento, obteniendo así el valor óptimo y facilitando la identificación de estructuras con mayor persistencia.

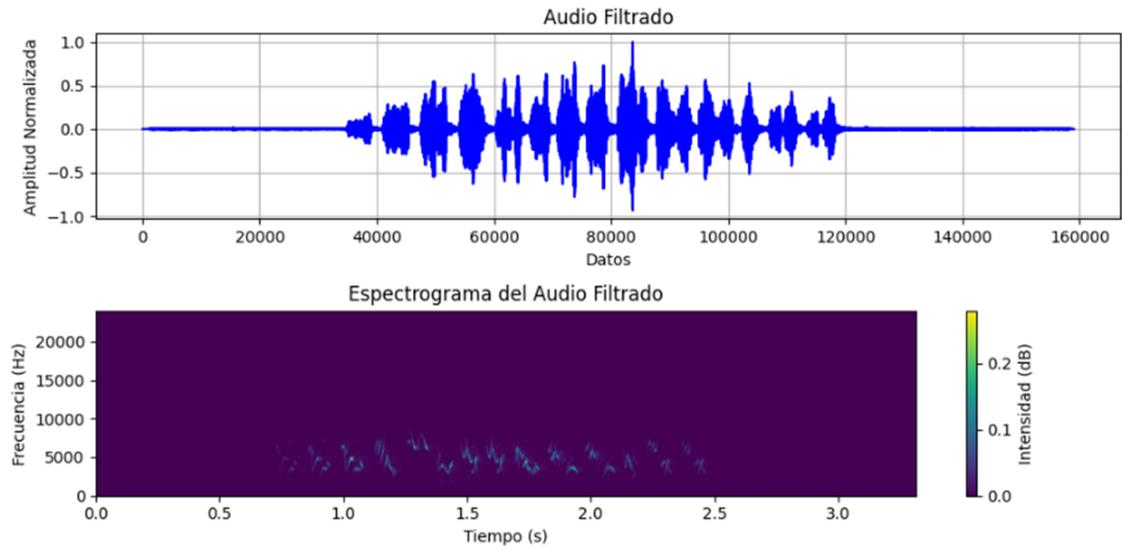


FIGURA 3.1: Filtrado del audio

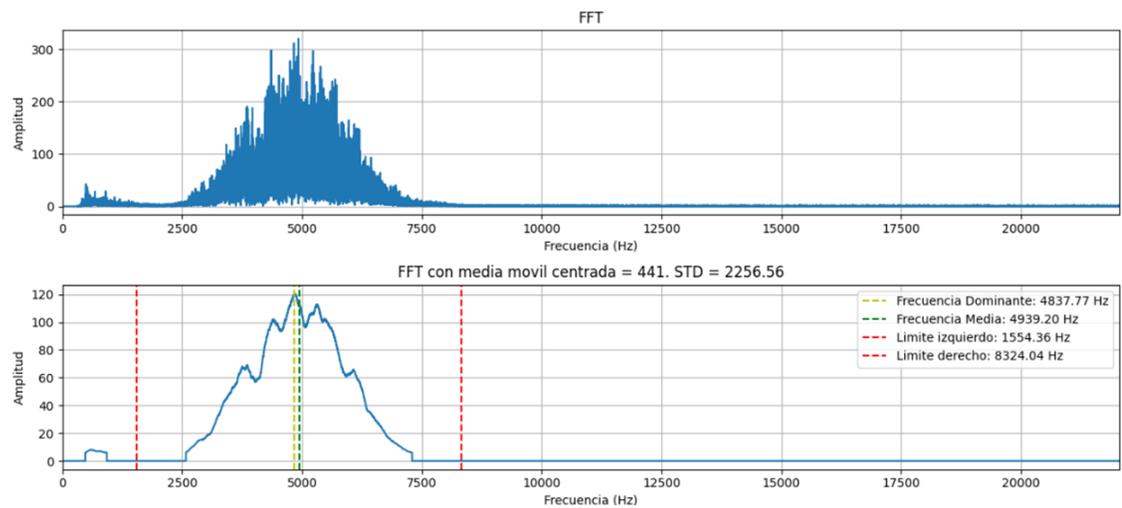


FIGURA 3.2: Análisis de Fourier

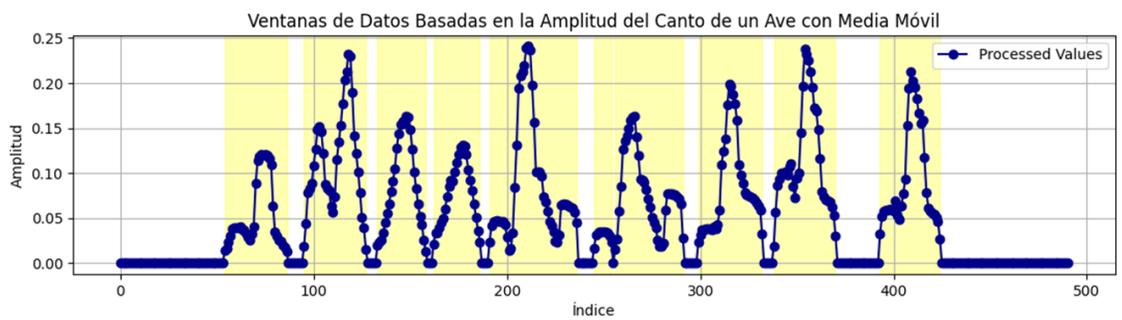


FIGURA 3.3: Segmentación del audio en ventanas

Con los valores de persistencia en cada segmento, se creó un gráfico temporal para definir las ventanas a utilizar en el análisis. Sólo se seleccionaron aquellas ventanas que superaron el umbral del 5% con respecto al valor más grande de persistencia, como se muestra en la imagen 3.3. Esto asegura que el análisis se enfoque en las partes más significativas del canto de las aves.

3.5 MATRIZ CONCATENADA

Se construyó una matriz concatenada a partir de cada dato generado el delay embedding en 3 dimensiones. La topología de esta matriz es similar a la del trino original, pero resalta las estructuras más persistentes (figura 3.4).

- **Normalización a [-1, 1]:** Se normalizan los datos de tal manera que todos los valores se encuentren dentro del rango $[-1, 1]$. Esto se logra dividiendo todos los elementos del arreglo por el valor máximo absoluto de la señal. Un ejemplo se ve en la figura 3.5.

- **Obtención del valor máximo absoluto del arreglo:**

$$M = \max(|x|)$$

- **Normalización del arreglo:**

$$x_{\text{norm}} = \frac{x}{M}$$

La normalización es crucial para evitar que los valores extremos dominen el análisis y para mejorar la estabilidad numérica de los algoritmos subsecuentes.

El siguiente paso es el filtrado del audio para eliminar ruidos y frecuencias no deseadas, centrándose en las frecuencias correspondientes al canto del ave.

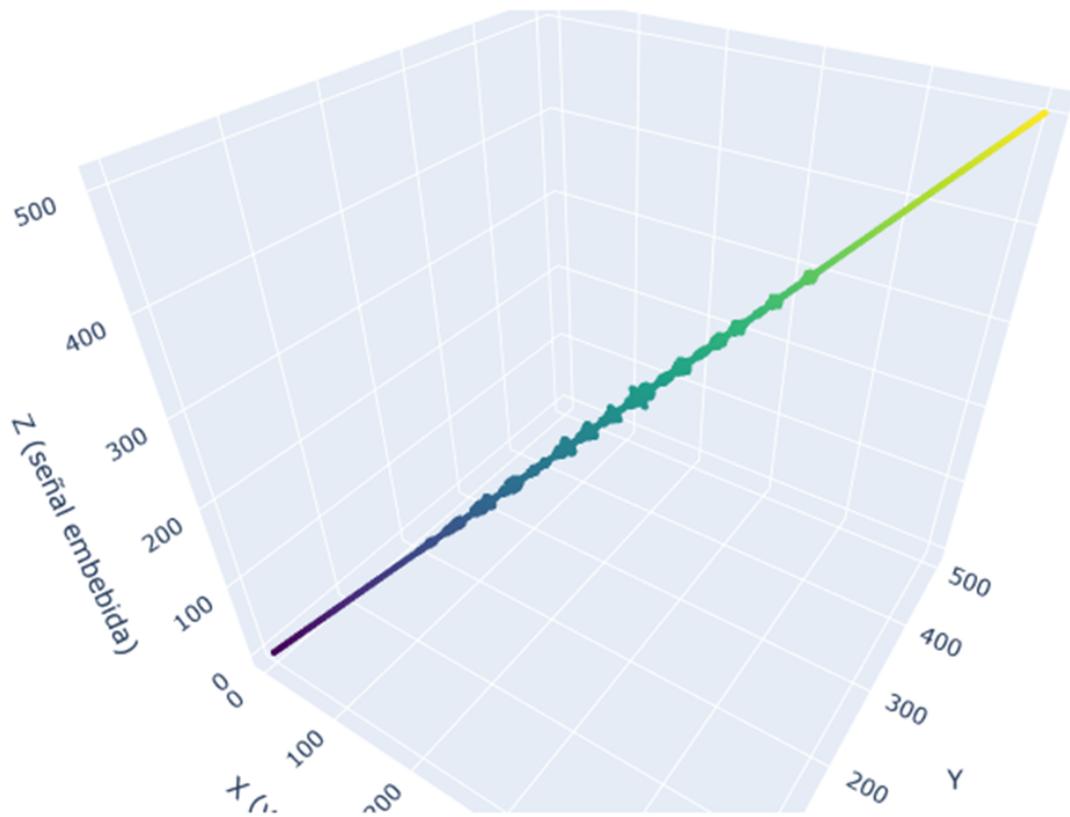


FIGURA 3.4: audio 3d

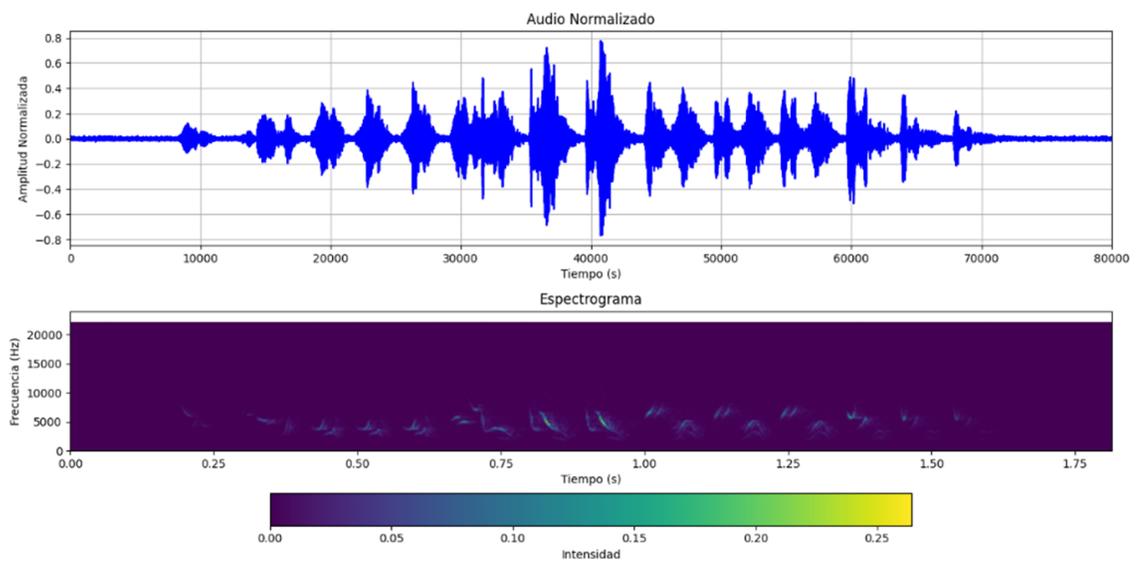


FIGURA 3.5: Audio normalizado

- **Análisis de Fourier:** Se aplica la Transformada Rápida de Fourier (FFT) a la señal completa para transformarla del dominio temporal al dominio frecuencial, permitiendo identificar las frecuencias presentes en la señal.
- **Cálculo de la Mediana de Frecuencia:** La mediana de frecuencia es el valor que divide la distribución acumulativa de la amplitud en dos partes iguales. Es decir, es la frecuencia para la cual la suma acumulativa de la amplitud es igual a la mitad de la suma total de la amplitud.

- **Cálculo de la amplitud acumulada:**

$$A_{\text{acumulada}}(i) = \sum_{j=1}^i A_j$$

donde A_j es la amplitud en la frecuencia j .

- **Cálculo de la mitad de la suma total de la amplitud:**

$$A_{\text{mitad}} = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N A_i$$

- **Encontrar el índice de la mediana de frecuencia:**

$$i_{\text{mediana}} = \text{mín} \{i \mid A_{\text{acumulada}}(i) \geq A_{\text{mitad}}\}$$

- **Frecuencia mediana:**

$$f_{\text{mediana}} = f_{i_{\text{mediana}}}$$

3.6 MATRIZ CONCATENADA

Se planea aplicar a cada dato discreto del audio *delay embedding* en 3 dimensiones, para formar una estructura tridimensional tubular con características similares al audio en dos dimensiones. Este proceso facilita la visualización de la dinámica interna de la señal.

- **Cálculo del valor óptimo de *delay embedding*:** Se determina utilizando la frecuencia de muestreo (f_s) y la mediana de la frecuencia (f_{mediana}):

$$T = \left\lfloor \frac{f_s \cdot \pi}{f_{\text{mediana}} \cdot n} \right\rfloor$$

donde n es un divisor positivo que reduce T para disminuir el tiempo de cómputo.

- **Tamaño de ventana para el *delay embedding*:**

$$m = (T \cdot 2) + 1$$

Este es el número mínimo de muestras necesarias para aplicar el *delay embedding*.

- **Número máximo de ventanas:**

$$n_{\text{mv}} = \left\lfloor \frac{\text{longitud de la señal}}{m} \right\rfloor$$

La señal se divide en n_{mv} ventanas de tamaño m .

- **Aplicación del *delay embedding*:** Para cada ventana, se construyen vectores de dimensión $d = 3$ usando un *delay* T :

$$X_t = (x_t, x_{t+T}, x_{t+2T})$$

con $t = 1, 2, \dots, N$, donde N es el número de muestras en la ventana.

- **Concatenación y desplazamiento incremental:** Cada matriz embebida X_i se desplaza incrementando su valor por $i \cdot t_m$, donde t_m es un valor de desplazamiento y i es el índice de la ventana:

$$X'_i = X_i + i \cdot t_m$$

La matriz concatenada X_c se forma uniendo todas las X'_i :

$$X_c = \bigcup_{i=1}^{n_{\text{mv}}} X'_i$$

- **Cálculo de la homología persistente de X_c :** Se aplica el cálculo de homología persistente a X_c , utilizando un umbral máximo de radio igual a 1 para construir los símlices del complejo de Vietoris-Rips. Esto permite identificar y cuantificar la topología del canto del ave, revelando características como ciclos y vacíos.
- **Parámetros utilizados:**
 - **Número de puntos en permutación aleatoria:**

$$\text{perm} = \left\lfloor \frac{2 \cdot n \cdot N}{1} \right\rfloor$$

Esto reduce el tamaño del complejo para que el cálculo sea más manejable.

- **Campo de coeficientes:** Se utiliza el campo finito $\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$.
- **Dimensión máxima de homología:** Se calcula hasta dimensión 2, incluyendo componentes conexas (H_0), ciclos (H_1) y vacíos (H_2).

3.7 MODIFICACIÓN CON DESPLAZAMIENTO PROGRESIVO DEL ESPACIO EMBEBIDO

El ajuste del espacio embebido se realiza mediante un desplazamiento progresivo aplicado a cada punto en un espacio de dimensión d (en este caso, 3 dimensiones). Consideremos un conjunto de puntos embebidos representado por un arreglo X .

1. El vector X_i corresponde al i -ésimo punto en el espacio embebido, que tiene dimensión d .
2. El desplazamiento aplicado a cada X_i está dado por $i \times \Delta \times \pi$, donde:
 - i : Índice del punto en la serie de tiempo embebida, variando desde 0 hasta el número total de puntos menos uno.

- Δ : Un parámetro de ventana que controla la magnitud del desplazamiento aplicado a cada punto.
- π : La constante matemática π que ajusta la escala del desplazamiento.

3.7.1 ECUACIÓN MATEMÁTICA DEL AJUSTE

La transformación aplicada a cada punto se describe como:

$$X_i \leftarrow X_i + i \times \Delta \times \pi \quad (3.1)$$

donde X_i es un vector en \mathbb{R}^3 , y el término $i \times \Delta \times \pi$ representa el desplazamiento aplicado uniformemente a todas las coordenadas de X_i .

1. Efecto del Ajuste:

- Este ajuste introduce un desplazamiento progresivo en el espacio embebido. Es decir, cada punto se desplaza más a medida que el índice i aumenta.
- El desplazamiento es lineal con respecto a i , lo que causa una separación gradual de los puntos a lo largo de la secuencia temporal.

2. Propósito del Ajuste:

- **Visualización:** Facilita la observación de patrones en los datos embebidos, separando los puntos para evitar la superposición.
- **Análisis de Dinámica Temporal:** Permite resaltar estructuras temporales mediante la introducción de variaciones controladas.

3.7.2 EJEMPLO

Supongamos que tenemos un conjunto de puntos embebidos en 3 dimensiones:

$$X = \begin{pmatrix} x_1 & y_1 & z_1 \\ x_2 & y_2 & z_2 \\ \vdots & \vdots & \vdots \\ x_n & y_n & z_n \end{pmatrix}$$

El ajuste aplicado a cada punto (x_i, y_i, z_i) es:

$$(x_i, y_i, z_i) \leftarrow (x_i + i \times \Delta \times \pi, y_i + i \times \Delta \times \pi, z_i + i \times \Delta \times \pi)$$

Aquí, el primer punto no se desplaza ($i = 0$), y los puntos sucesivos experimentan un desplazamiento que aumenta linealmente con i .

En la Figura 3.6 se observa la representación tridimensional obtenida mediante el delay embedding, mientras que en la Figura 3.7 se presenta diagrama de persistencia y barcode.

3.7.3 IMPLICACIONES

- **Espacio Modificado:** El espacio embebido se modifica, alterando las distancias relativas entre los puntos. Esto puede ser útil para ciertos análisis o visualizaciones.
- **Continuidad y Suavidad:** Dado que el desplazamiento es continuo con respecto a i , las transiciones entre puntos son suaves.

Este ajuste progresivo facilita el análisis y la visualización de los datos embebidos, resaltando patrones que podrían no ser evidentes de otra manera.

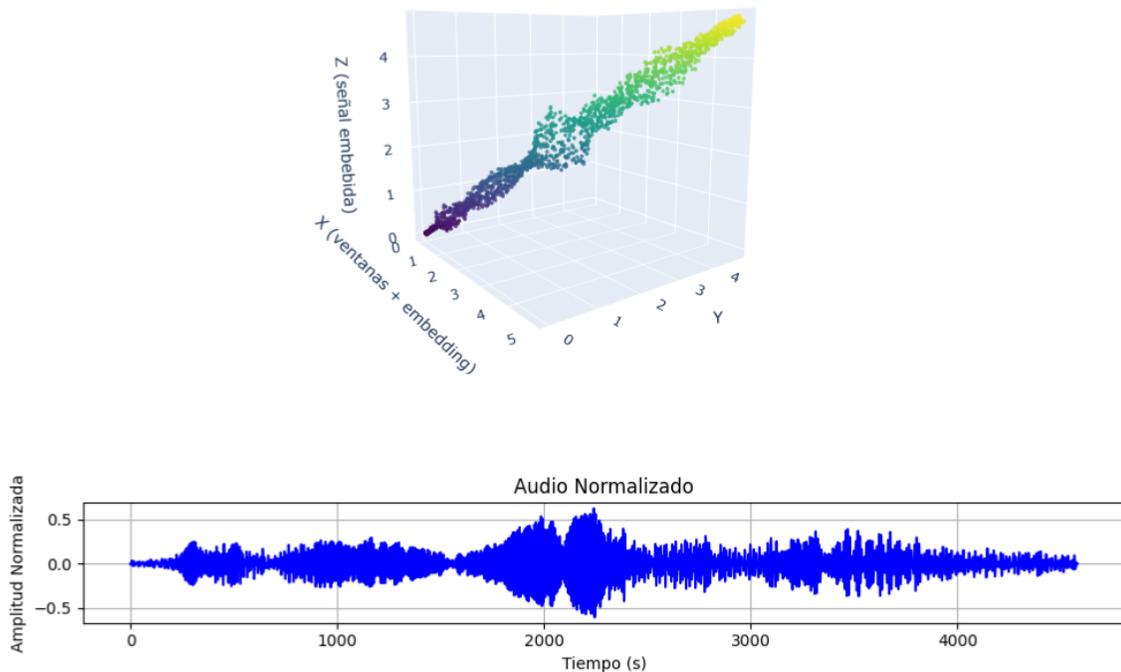


FIGURA 3.6: Representación tridimensional (x, y, z) obtenida del delay embedding (arriba). (b) Gráfico de audio original en 2D (tiempo vs amplitud) (abajo).

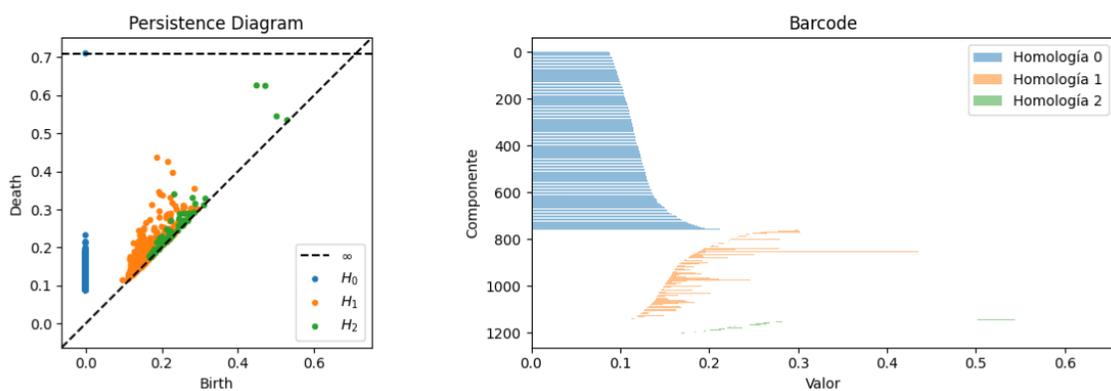


FIGURA 3.7: Diagrama de persistencia para los grupos de homología H_0 , H_1 y H_2 (izquierda). Además, se muestra el barcode de persistencia (derecha).

3.8 HOMOLOGÍA PERSISTENTE

Cálculo de la homología persistente de X_c : Se aplica el cálculo de homología persistente a X_c , utilizando un umbral máximo de radio igual a 1 para construir los símlices del complejo de Rips-Vietoris. Esto permite identificar y cuantificar la topología del canto del ave, revelando características como ciclos y vacíos.

Parámetros utilizados:

- **Número de puntos en permutación aleatoria:**

$$\text{perm} = \left\lfloor \frac{2 \cdot n \cdot N}{1} \right\rfloor$$

Esto reduce el tamaño del complejo para que el cálculo sea más manejable.

- **Campo de coeficientes:** Se utiliza el campo finito $\mathbb{Z}/2\mathbb{Z}$.
- **Dimensión máxima de homología:** Se calcula hasta dimensión 2, incluyendo componentes conexas (H_0), ciclos (H_1) y vacíos (H_2).

RESULTADOS

4.1 CLUSTERING

4.1 MÉTODO PARA EL ANÁLISIS DE CLUSTERING JERÁRQUICO DE TRINOS DE AVES

1. **Cálculo de la Similitud con Distancias de Wasserstein:** Se utilizan las distancias de Wasserstein para comparar dos trinos, ya sea de la misma ave o de diferentes aves usando la modificación con desplazamiento progresivo del espacio embebido. Estas distancias miden la diferencia entre las distribuciones de frecuencia de los trinos, proporcionando una medida robusta de similitud acústica.
2. **Construcción de la Matriz de Similitud:** Con los resultados de las distancias de Wasserstein, se construye una matriz de similitud. Para normalizar esta matriz, se toma el valor más grande de todas las distancias y se utiliza para escalar la tabla de 0 a 100, donde 0 representa la menor similitud y 100 la mayor.
3. **Visualización con un Heatmap:** La matriz de similitud normalizada se

visualiza mediante un mapa de calor (heatmap). Esta representación gráfica facilita la identificación de patrones de similitud entre los trinos de las aves. En la Figura 4.1, se presenta el mapa de calor que ilustra la similitud entre los trinos de diferentes aves. Cada celda en el mapa de calor representa el porcentaje de similitud entre dos trinos, donde los colores más oscuros indican una mayor similitud y los colores más claros representan menor similitud.

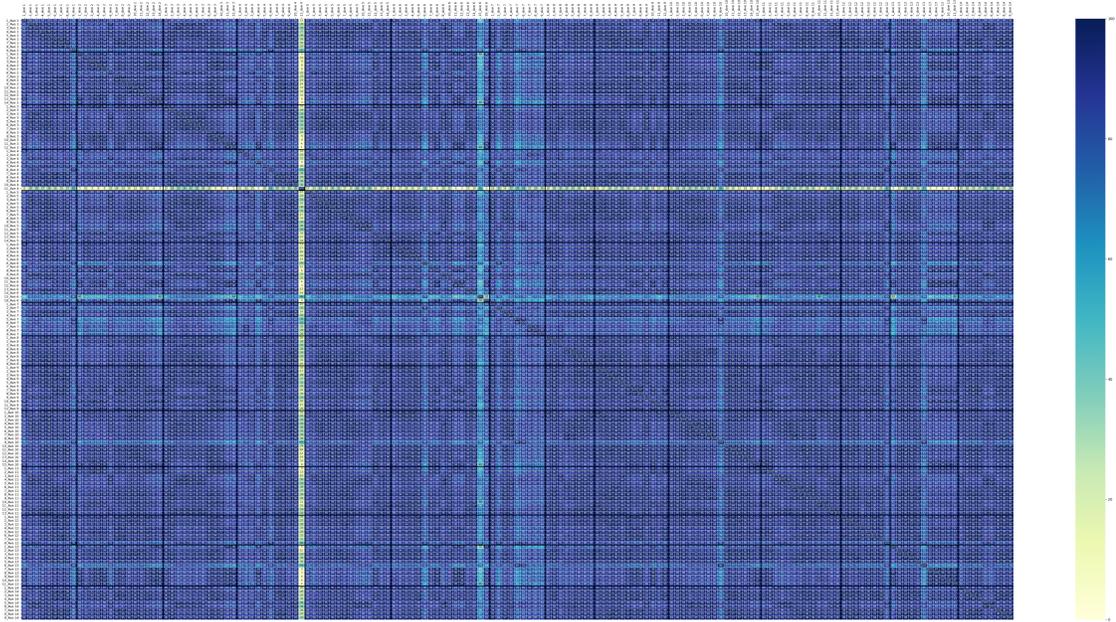


FIGURA 4.1: Matriz de similitud de trinos de aves, mostrando el porcentaje de similitud entre diferentes aves.

El eje horizontal y el eje vertical muestran los identificadores de los trinos de las aves, lo que permite identificar visualmente patrones de similitud y posibles grupos de aves cuyos trinos son más parecidos entre sí.

4. **Análisis de Clustering Jerárquico:** La matriz de similitud se utiliza como entrada para la función `sns.clustermap` de Seaborn, empleando el método de enlace `complete` la métrica de distancia euclidiana. Esto permite agrupar trinos en función de su similitud, formando un dendrograma que muestra las relaciones jerárquicas.
5. **Obtención de Grupos de Aves:** A partir del dendrograma generado por

el análisis de clustering jerárquico, se pueden identificar grupos de aves cuyos trinos son más similares entre sí. Estos grupos proporcionan información valiosa para estudios de comportamiento y análisis de patrones de comunicación en aves.

En la Figura 4.2, se muestra el resultado final del análisis de clustering jerárquico aplicado a los trinos de las aves, utilizando la matriz de similitud normalizada. El mapa de calor agrupado visualiza las relaciones y similitudes entre los trinos, organizados de manera jerárquica.

La escala de colores representa la similitud entre los trinos, donde los tonos rojos más oscuros indican mayor similitud, y los tonos azules representan menor similitud. El dendrograma en el margen izquierdo ilustra cómo se agrupan las aves en función de sus trinos, facilitando la identificación de patrones de similitud.

Este análisis es valioso para comprender cómo se relacionan los trinos de diferentes aves y puede ser utilizado para estudios más profundos en el campo de la bioacústica y el comportamiento de las aves.

4.2 SIMILITUDES ENTRE AVES

En la Figura 4.3, se muestra una tabla de similitudes entre aves en orden descendente 15 pares de trinos, la cual incluye las coordenadas de latitud y longitud, así como las altitudes correspondientes. Se observa a partir del valor más grande de similitud entre un par de trinos, pueden ser de una misma ave o de dos aves diferentes.

A continuación se describe el significado de cada nombre abreviado usado en la tabla:

- **Sim:** Porcentaje de similitud entre los trinos de dos aves.

- **AC 1:** Identificador del ave.
- **AC 2:** Identificador del ave.
- **Lat 1:** Latitud correspondiente al ave 1.
- **Lon 1:** Longitud correspondiente al ave 1.
- **Lat 2:** Latitud correspondiente al ave 2.
- **Lon 2:** Longitud correspondiente al ave 2.
- **Alt 1:** Altitud correspondiente al ave 1 (en metros).
- **Alt 2:** Altitud correspondiente al ave 2 (en metros).
- **T1:** Identificador del trino del ave.
- **T2:** Identificador del trino del ave.

La Figura 4.4 muestra un los primeros 15 pares de aves con mayor cantidad de trinos similares y la información geográfica correspondiente. A continuación, se describen las columnas de la tabla.

- **Ave A:** Nombre de la primera ave en cada par comparado en el análisis. Representa la primera especie de ave cuya similitud en trinos está siendo evaluada en relación con otra ave.
- **Ave B:** Nombre de la segunda ave en el par comparado. Similar a **Ave A**, representa la segunda especie de ave con la que se compara la primera.
- **Repeticiones:** Indica el número de veces que los trinos de las aves en el par (**Ave A** y **Ave B**) mostraron similitudes significativas en el análisis. Es un conteo que muestra cuántas veces se encontraron trinos similares entre las dos aves.

-
- **Distancia en kilómetros:** Representa la distancia geográfica calculada en kilómetros entre las ubicaciones de las dos aves (**Ave A** y **Ave B**) usando la fórmula de Haversine. Esta distancia se basa en las coordenadas de latitud y longitud de las dos aves.
 - **Diferencia de Altitud en kilómetros:** Muestra la diferencia absoluta de altitud en kilómetros entre las dos aves comparadas. Se calcula tomando el valor absoluto de la diferencia en altitud entre las ubicaciones de las aves.

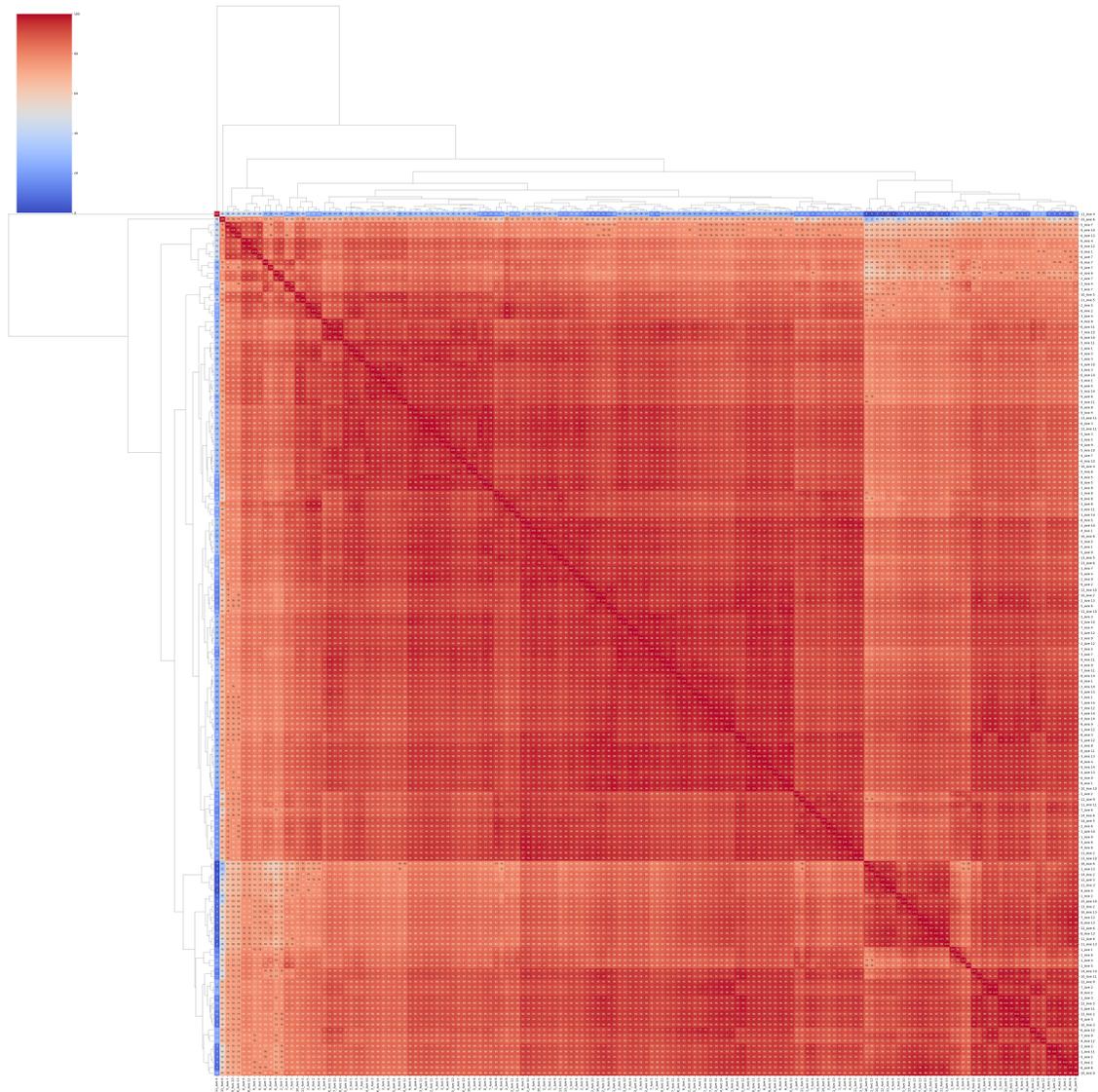


FIGURA 4.2: Mapa de calor agrupado de los trinos de aves, mostrando las similitudes y los grupos formados mediante análisis de clustering jerárquico.

	Sim	AC 1	AC 2	Lat 1	Lon 1	Lat 2	Lon 2	Alt 1	Alt 2	T1	T2
1	99.30	Ave 12	Ave 9	38.43	-105.27	1668	34.36	-112.98	1000	1	8
2	99.08	Ave 5	Ave 3	31.93	-109.19	1500	17.16	-96.75	1300	4	6
3	98.99	Ave 8	Ave 10	37.14	-103.02	1500	34.18	-117.27	550	2	10
4	98.96	Ave 3	Ave 12	17.16	-96.75	1300	38.43	-105.27	1668	1	5
5	98.95	Ave 5	Ave 3	31.93	-109.19	1500	17.16	-96.75	1300	4	5
6	98.95	Ave 2	Ave 2	25.40	-100.30	1435	25.40	-100.30	1435	7	8
7	98.92	Ave 3	Ave 11	17.16	-96.75	1300	19.70	-101.14	2200	6	12
8	98.92	Ave 7	Ave 3	32.59	-116.77	360	17.16	-96.75	1300	3	2
9	98.91	Ave 11	Ave 10	19.70	-101.14	2200	34.18	-117.27	550	8	10
10	98.91	Ave 3	Ave 5	17.16	-96.75	1300	31.93	-109.19	1500	2	7
11	98.90	Ave 10	Ave 10	34.18	-117.27	550	34.18	-117.27	550	10	11
12	98.81	Ave 11	Ave 3	19.70	-101.14	2200	17.16	-96.75	1300	2	1
13	98.81	Ave 4	Ave 13	23.61	-109.92	1700	28.17	-108.21	2100	8	3
14	98.81	Ave 10	Ave 1	34.18	-117.27	550	19.50	-98.82	2500	10	8
15	98.78	Ave 3	Ave 3	17.16	-96.75	1300	17.16	-96.75	1300	6	5

FIGURA 4.3: Tabla de similitudes entre aves.

	Ave A	Ave B	Repeticiones	Distancia_km	Diferencia_Altitud_km
0	Ave 10	Ave 11	61	2263.90	1.65
1	Ave 10	Ave 9	57	394.99	0.45
2	Ave 11	Ave 5	55	1579.91	0.70
3	Ave 10	Ave 5	52	793.41	0.95
4	Ave 11	Ave 3	50	541.59	0.90
5	Ave 11	Ave 9	48	2004.89	1.20
6	Ave 3	Ave 5	48	2065.13	0.20
7	Ave 2	Ave 9	47	1574.62	0.43
8	Ave 10	Ave 3	44	2783.89	0.75
9	Ave 5	Ave 9	44	444.10	0.50
10	Ave 10	Ave 6	43	334.87	0.44
11	Ave 6	Ave 9	41	711.60	0.89
12	Ave 3	Ave 9	40	2502.11	0.30
13	Ave 2	Ave 3	40	986.83	0.14
14	Ave 5	Ave 6	39	1127.17	1.39

FIGURA 4.4: Tabla de similitudes entre aves.

CAPÍTULO 5

CONCLUSIÓN

En esta tesis se desarrolló un enfoque innovador basado en el Análisis Topológico de Datos (TDA) para el estudio de los cantos de aves, específicamente de la especie *Aimophila ruficeps*. Los resultados obtenidos demuestran que el TDA, a través de herramientas como la homología persistente y el delay embedding, permite identificar patrones acústicos característicos que no son detectables mediante técnicas tradicionales de análisis de señales. Este enfoque no solo facilita la caracterización y comparación de los cantos, sino que también aporta una representación topológica que ayuda a comprender la diversidad acústica. Además, el uso de métodos de clustering jerárquico permitió visualizar similitudes y variaciones acústicas entre diferentes ejemplares, fortaleciendo el análisis de patrones.

Se empleó una matriz de similitud basada en distancias de Wasserstein para comparar los trinos. Esta matriz fue visualizada mediante un mapa de calor y análisis de clustering jerárquico, lo que permitió identificar grupos de aves cuyos trinos presentaron alta similitud acústica. Los resultados destacan cómo el análisis de patrones jerárquicos organizó los trinos en función de su similitud, facilitando la identificación de grupos relacionados y proporcionando información valiosa para el estudio del comportamiento y comunicación en aves.

Se presentó también una tabla detallada con los primeros 15 pares de aves que

mostraron mayor similitud en sus trinos, incluyendo datos geográficos como latitud, longitud y altitud. Esta información puede ser clave para futuros estudios sobre cómo factores geográficos y ecológicos influyen en la variabilidad acústica.

5.1 ESTADO ACTUAL

Actualmente, el campo de la bioacústica se encuentra en una etapa de evolución constante, impulsada por avances en técnicas de procesamiento de datos y herramientas computacionales. El uso de métodos topológicos, como los empleados en este trabajo, ha abierto nuevas posibilidades para el análisis de datos complejos. No obstante, existen varios desafíos que persisten, tales como la necesidad de mejorar la precisión en la limpieza y segmentación de señales de audio, así como la necesidad de una mayor comprensión de la relación entre las características topológicas y las propiedades biológicas de las especies estudiadas. A pesar de estos desafíos, el enfoque con TDA ha demostrado ser una herramienta valiosa para el reconocimiento de patrones acústicos, estableciendo una base para investigaciones futuras.

5.2 PERSPECTIVA A FUTURO

A futuro, la integración de técnicas de TDA con métodos de aprendizaje automático podría mejorar significativamente la clasificación y el monitoreo de especies. Se sugiere explorar enfoques híbridos que combinen el análisis topológico con redes neuronales profundas para optimizar la detección y clasificación de patrones acústicos. Además, sería valioso aplicar estas técnicas a otras especies de aves para el alcance general del método y su utilidad en estudios ecológicos más amplios. Finalmente, una colaboración interdisciplinaria que involucre a expertos en biología podría impulsar el desarrollo de herramientas más robustas para la conservación y el estudio de la biodiversidad aviar.

BIBLIOGRAFÍA

- ALTMAN, N. y M. KRZYWINSKI (2017), «Clustering», *Nature Methods*, **14**, págs. 545–546.
- AMÉZQUITA, E. J., M. Y. QUIGLEY, T. OPHELDERS, E. MUNCH y D. H. CHITWOOD (2020), «The shape of things to come: Topological data analysis and biology, from molecules to organisms», *Developmental Dynamics*, **249**(7), págs. 816–833.
- BENEDICT, L., A. ROSE y N. WARNING (2013), «Small Song Repertoires and High Rate of Song-Type Sharing Among Canyon Wrens», *The Condor*, **115**(4), págs. 874–881.
- BOLGER, D. T., M. A. PATTEN y D. C. BOSTOCK (2005), «Avian reproductive failure in response to an extreme climatic event», *Oecologia*, **142**, págs. 398–406.
- BOLUS, R. T. (2014), «Geographic variation in songs of the Common Yellowthroat», *The Auk*, **131**(2), págs. 175–185.
- FEO, T., J. MUSSER, J. BERV y C. CLARK (2014), «Divergence in morphology, calls, song, mechanical sounds, and genetics supports species status for the Inaguan hummingbird (Trochilidae: Calliphlox “evelynae” lyrura)», *The Auk*, **132**, págs. 248–264.
- HERNÁNDEZ-CABRERA, F., C. E. CASTILLO-SILVA, J. R. CANTÚ-GONZÁLEZ y F. J. ALMAGUER-MARTÍNEZ (2024), «S-SPAM; a search method for Spatio-temporal Patterns of Mutations. Study case: A variability analysis in the spike

- protein of SARS-CoV-2», *Journal of Computational and Applied Mathematics*, **438**, pág. 115 508.
- KOVACEV-NIKOLIC, V., P. BUBENIK, D. NIKOLIĆ y G. HEO (2016), «Using persistent homology and dynamical distances to analyze protein binding», *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*, **15**(1), págs. 19–38.
- LI, M., K. DUNCAN, C. N. TOPP y D. H. CHITWOOD (2017), «Persistent homology and the branching topologies of plants», *American Journal of Botany*, **104**(3), págs. 349–353.
- MARLER, P. (1970), «A comparative approach to vocal learning: Song development in white-crowned sparrows», *Journal of Comparative and Physiological Psychology*, **71**(2), págs. 1–25.
- MIKULA, P., M. VALCU, H. BRUMM, M. BULLA, W. FORSTMEIER, T. PETRUSKOVÁ, B. KEMPENAERS y T. ALBRECHT (2020), «A global analysis of song frequency in passerines provides no support for the acoustic adaptation hypothesis but suggests a role for sexual selection», *bioRxiv*.
- MINDLIN, G. B. y R. LAJE (2005), *The Physics of Birdsong*, primera edición, Biological and Medical Physics, Biomedical Engineering, Springer Berlin, Heidelberg.
- MONTAÑEZ, J. C. S. (2020), *Análisis de persistencia de homología y krigado aplicado a datos de precipitación en el noreste de México*, Tesis de maestría, Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Físico Matemáticas, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México.
- MORRISON, S. A. y D. T. BOLGER (2002), «Variation in a sparrow's reproductive success with rainfall: food and predator-mediated processes», *Oecologia*, **133**, págs. 315–324.
- PEARSE, W. D., I. MORALES-CASTILLA, L. S. JAMES, M. FARRELL, F. BOIVIN y T. J. DAVIES (2018), «Global macroevolution and macroecology of passerine song», *Evolution*, **72**(4), págs. 944–960.

- RAVISHANKER, N. y R. CHEN (2019), «Topological Data Analysis (TDA) for Time Series», 1909.10604, URL <https://arxiv.org/abs/1909.10604>.
- SCIPY DEVELOPMENT TEAM (2024), *SciPy Documentation - Hierarchical Clustering*, URL <https://docs.scipy.org/doc/scipy/reference/cluster.hierarchy.html>.
- SHIZUKA, D., M. R. LEIN y G. CHILTON (2016), «Range-Wide Patterns of Geographic Variation in Songs of Golden-Crowned Sparrows (*Zonotrichia atricapilla*)», *The Auk*, **133**(3), págs. 520–529, accessed: 2024-10-20.
- SOSA-LÓPEZ, J. R. y D. J. MENNILL (2014), «Continent-wide patterns of divergence in acoustic and morphological traits in the House Wren species complex», *The Auk*, **131**(1), págs. 41–54.
- THORPE, W. H. (1958), «THE LEARNING OF SONG PATTERNS BY BIRDS, WITH ESPECIAL REFERENCE TO THE SONG OF THE CHAFFINCH FRINGILLA COELEBS», *Ibis*, **100**(4), págs. 535–570.
- TRALIE, C., N. SAUL y R. BAR-ON (2018), «Ripser.py: A Lean Persistent Homology Library for Python», *Journal of Open Source Software*, **3**(29), pág. 925, URL <https://doi.org/10.21105/joss.00925>.
- TURNER, K., Y. MILEYKO, S. MUKHERJEE y J. HARER (2014), «Fréchet Means for Distributions of Persistence Diagrams», *Discrete & Computational Geometry*, **52**(1), págs. 44–70.
- WASKOM, M. (), *seaborn.clustermap*, seaborn documentation.