



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"Júlio de Mesquita Filho"
Instituto de Geociências e Ciências Exatas
Câmpus de Rio Claro

Guilherme Marino Toso

**SINCRONIZAÇÃO POR ACOPLAMENTO
DE OSCILADORES E A SUA APLICAÇÃO
EM APRENDIZADO
SEMI-SUPERVISIONADO**

Rio Claro - SP

2022

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"Júlio de Mesquita Filho"
Instituto de Geociências e Ciências Exatas
Câmpus de Rio Claro

Guilherme Marino Toso

**SINCRONIZAÇÃO POR ACOPLAMENTO DE
OSCILADORES E A SUA APLICAÇÃO EM
APRENDIZADO SEMI-SUPERVISIONADO**

Dissertação de Mestrado apresentada ao Instituto de Geociências e Ciências Exatas do Câmpus de Rio Claro, da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciência da Computação

Orientador: Prof. Dr. Fabricio Aparecido Breve

Rio Claro - SP

2022

T714s	Toso, Guilherme Marino Sincronização por acoplamento de osciladores e a sua aplicação em aprendizado semi-supervisionado / Guilherme Marino Toso. -- Rio Claro, 2022 145 p. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Rio Claro Orientador: Fabricio Aparecido Breve 1. Ciência da Computação. 2. Inteligência Artificial. 3. Redes Neurais. I. Título.
-------	--

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca do Instituto de Geociências e Ciências Exatas, Rio Claro. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

Guilherme Marino Toso

SINCRONIZAÇÃO POR ACOPLAMENTO DE OSCILADORES E A SUA APLICAÇÃO EM APRENDIZADO SEMI-SUPERVISIONADO

Dissertação de Mestrado apresentada ao Instituto de Geociências e Ciências Exatas do Câmpus de Rio Claro, da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciência da Computação

Comissão Examinadora

Prof. Dr. Fabricio Aparecido Breve

Prof. Dr. Edson Denis Leonel

Prof. Dr. Marcos Gonçalves Quiles

Aprovado

Rio Claro - SP, 09 de Setembro de 2021

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Antônio Wagner Toso e Fátima Marino Toso, pelo amor que se manifestou sob diversas formas em minha jornada;

Ao professor orientador Dr. Fabricio Aparecido Breve, pela oportunidade de trabalhar neste projeto e todo o seu auxílio e orientação na elaboração deste trabalho;

Aos meus amigos, que me apoiaram em todas às circunstancias;

E aos meus sobrinhos, que foram a calma nos momentos difíceis;

RESUMO

As redes neurais biológicas são objetos de estudo que envolvem diversos campos de pesquisa científica, desde biólogos e neurocientistas até físicos, matemáticos e cientistas da computação. Durante décadas muito se descobriu sobre suas unidades básicas, os neurônios, por exemplo, a propagação da informação em forma de impulso nervoso proveniente de um neurônio pré-sináptico para uma célula pós-sináptica, sendo que às vezes, esta transmissão é quase simultânea. Este fenômeno síncrono conhecido como sincronização neural pode explicar o aprendizado, bem como a atenção visual e a coordenação motora. A sincronização envolve a correlação temporal dos disparos neurais e esta eventualidade pode ser a representação dos atributos de um objeto. Em sistemas artificiais, este fenômeno já foi aplicado para realizar segmentação de imagens, onde os pixels são representados por uma grade de osciladores, assim, os elementos de uma grade com características semelhantes sincronizam suas oscilações, segmentando os objetos de uma imagem ao longo do tempo. Desse modo, esta dissertação tem como objetivo estudar a possibilidade de sincronização da dinâmica espaço-temporal dos modelos neurais, tanto em sistemas caóticos quanto estocásticos, mediante um termo de acoplamento que controla a sincronização dos osciladores e possui a capacidade de segmentar a dinâmica neural no tempo. Como prova de conceito, foi desenvolvido um modelo de aprendizado de máquina semi-supervisionado para representar exemplos supervisionados como osciladores sincronizados e amostras não-supervisionadas como neurônios dessincronizados. O processo de treinamento ocorre através da criação de conexões entre os neurônios. Para tanto, foram estudados modelos estocásticos de tempo contínuo e caóticos de tempo discreto. Em seguida, foi realizada a análise de sincronização e segmentação de trajetórias, logo desenvolveu-se o algoritmo de Complexo Simplicial Propagando Rótulos em que foram testados os parâmetros e a acurácia em alguns conjuntos de dados. Como resultado, o modelo de rotulação e a dinâmica neural foram unificados para representar a classificação através dos disparos neurais que transitam do estado estocástico ou caótico para uma organização temporal nos disparos neurais e a segmentação dos osciladores com rótulos dissemelhantes. Por fim, o modelo foi desenvolvido para adaptar a força de acoplamento para lidar com competição pela sincronização neural.

Palavras-chave: Neurônios; Sincronização; Aprendizado Semi-Supervisionado.

ABSTRACT

Biological neural networks are objects of study that involve several fields of scientific research, from biologists and neuroscientists to physicists, mathematicians, and computer scientists. For decades, much has been discovered about its basic unit, neurons, for example, the propagation of information in the form of a nerve impulse from a presynaptic neuron to a postsynaptic cell, and sometimes this transmission is almost simultaneous. This synchronous phenomenon known as neural synchronization can explain learning, as well as visual attention and motor coordination. Synchronization involves the temporal correlation of neural triggers and this eventuality can be the representation of an object's attributes. In artificial systems, this phenomenon has already been applied to perform image segmentation, where pixels are represented by a grid of oscillators, thus the elements of a grid with similar characteristics synchronize their oscillations, segmenting the objects of an image over time. Thereby, this dissertation aims to study the possibility of synchronizing the space-time dynamics of neural models, both in chaotic and stochastic systems, through a coupling term that controls the synchronization of oscillators and has the ability to segment the neural dynamics in time. As a proof of concept, a semi-supervised machine learning model was developed to represent supervised examples as synchronized oscillators and unsupervised samples as desynchronized neurons. The training process takes place through the creation of connections between neurons. Therefore, continuous-time stochastic and discrete-time chaotic models were studied. Then, the analysis of trajectories' synchronization and segmentation was performed, nextly the Simplicial Complex Propagating Labels' algorithm was developed and were tested the parameters and accuracy in some data sets. As a result, the labeling model and neural dynamics were unified to represent the classification through the neural activity that transition from the stochastic or chaotic state to a temporal organization in neural triggers and the segmentation of oscillators with dissimilar labels. Finally, the model was developed to adapt the coupling force to deal with competition for neural synchronization.

Keywords: Neurons; Synchronization; Semi-Supervised Learning.

SUMÁRIO

	Lista de ilustrações	9
	Lista de tabelas	13
1	INTRODUÇÃO	14
1.1	Motivação	15
1.2	Objetivos	17
1.3	Estrutura do Trabalho	18
2	REFERENCIAL TEÓRICO	19
2.1	Sistemas Dinâmicos	19
2.2	Dinâmica Neural	24
2.2.1	Modelo Estocástico de Hodgkin-Huxley	31
2.2.2	Modelo Estocástico de Hindmarsh-Rose	34
2.2.3	Modelo Integra-e-Dispara Estocástico	35
2.2.4	Modelo de Rulkov	36
2.2.5	Modelo de Izhikevich	37
2.2.6	Modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin	38
2.3	Sincronização	39
2.3.1	Osciladores Auto-sustentáveis: Um modelo de objetos oscilantes naturais	40
2.3.2	Ritmo: Período e Frequência	41
2.3.3	Fase e Amplitude	42
2.3.4	Acoplamento de Objetos Oscilatórios	43
2.3.5	Ajuste de Ritmos: Travamento da Frequência e da Fase	44
2.3.6	Sincronização Completa	49
2.3.7	Osciladores de Relaxação	50
2.4	Grafos e Complexos Simpliciais	52
2.4.1	Grafos	52

2.4.2	Simplexos e Complexos Simpliciais	54
2.5	Aprendizado de Máquina	56
2.5.1	Aprendizado Semi-Supervisionado	57
3	METODOLOGIA	61
3.1	Análise da Dinâmica Neural	62
3.1.1	Modelo Estocástico de Hodgkin-Huxley	63
3.1.2	Modelo Estocástico de Hindmarsh-Rose	64
3.1.3	Modelo Integra-e-Dispara Estocástico	65
3.1.4	Modelo de Rulkov	65
3.1.5	Modelo de Izhikevic	66
3.1.6	Modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin	66
3.2	Acoplamento e Sincronização	67
3.2.1	Variação da Força de Acoplamento	67
3.2.2	Clusters de Osciladores	68
3.3	Algoritmo de Complexos Simpliciais Propagando Rótulos	69
3.3.1	Variação dos Raios das Hiperesferas	72
3.3.2	Variação dos Dados Iniciais Rotulados	72
3.3.3	Comparação dos Algoritmos	73
3.4	Propagação de Rótulos em um Grafo de Neurônios	73
3.4.1	Propagação Estática	76
3.4.2	Propagação Dinâmica	77
3.5	Competição pela Sincronização de Neurônios	78
3.5.1	Análise do Comportamento da Força de Acoplamento	84
3.5.2	Seleção de Parâmetros	85
3.5.3	Comparação de Performance	85
4	RESULTADOS	88
4.1	Simulações da Dinâmica Neural	89
4.2	Simulações de Sincronização	94
4.3	Simulações do Algoritmo de Complexos Simpliciais Propagando Rótulos	108

4.4	Simulação da Propagação de Rótulos em um Grafo de Neurônios	118
4.5	Simulações do Modelo de Competição pela Sincronização de Neurônios	126
5	CONCLUSÕES	137
	REFERÊNCIAS	140

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Distribuição Normal Padrão	22
Figura 2 – Evolução Temporal	23
Figura 3 – Célula Piramidal	25
Figura 4 – Ilustração do processo de transferência iônica.	26
Figura 5 – Ilustração das sinapses elétrica e química	27
Figura 6 – Diagrama Esquemático do Modelo de Hodgkin-Huxley	28
Figura 7 – Potencial de Ação do Modelo de Hodgkin-Huxley	30
Figura 8 – Propriedades elétricas do neurônio	36
Figura 9 – Ilustração da Oscilação Auto-Sustentável de um Relógio	40
Figura 10 – Movimento de um Oscilador em Coordenadas Polares	42
Figura 11 – Dois relógios de pêndulo similares	43
Figura 12 – Dois osciladores presos a um suporte não rígido	44
Figura 13 – Perturbação de um Oscilador Auto-Sustentável	45
Figura 14 – Região de Sincronização	46
Figura 15 – Ilustração de exemplos de sincronização	47
Figura 16 – Evolução da fase de uma oscilação periódica	48
Figura 17 – Diferença das fases	49
Figura 18 – Modelo mecânico de um oscilador de relaxação	50
Figura 19 – Evolução temporal do oscilador mecânico de integra-e-dispara	51
Figura 20 – Ilustração das representações de Grafos	53
Figura 21 – Ilustração dos Simplexos	54
Figura 22 – Ilustração de um complexo simplicial	55
Figura 23 – Ilustração do Complexo de Čech	56
Figura 24 – Processo de classificação e Sincronização dos osciladores	75
Figura 25 – Competição pela classificação e sincronização	80
Figura 26 – Dinâmica Neural do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley	89
Figura 27 – Dinâmica Neural do modelo estocástico de Hindmarsh-Rose	90
Figura 28 – Dinâmica Neural do modelo estocástico de Integra-e-Dispara	90
Figura 29 – Dinâmica Neural do modelo de Rulkov	91

Figura 30 – Dinâmica Neural do modelo de Izhikevic	91
Figura 31 – Dinâmica Neural do modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin	91
Figura 32 – Diferenças entre osciladores de Hodgkin-Huxley Estocástico.	92
Figura 33 – Diferenças entre osciladores de Hindmarsh-Rose Estocástico.	92
Figura 34 – Diferenças entre osciladores de Integra-e-Dispara Estocástico.	93
Figura 35 – Diferenças entre osciladores de Rulkov Caótico.	93
Figura 36 – Diferenças entre osciladores de Izhikevic Caótico.	93
Figura 37 – Diferenças entre osciladores de Courbage-Nekorkin-Vdovin Caótico.	94
Figura 38 – Hodgkin-Huxley: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 0.5$	95
Figura 39 – Hodgkin-Huxley: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 1.0$	95
Figura 40 – Hodgkin-Huxley: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 1.5$	96
Figura 41 – Hodgkin-Huxley: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 2.0$	96
Figura 42 – Hindmarsh-Rose: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 0,5$	97
Figura 43 – Hindmarsh-Rose: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 1,0$	97
Figura 44 – Hindmarsh-Rose: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 1,5$	98
Figura 45 – Hindmarsh-Rose: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 2,0$	98
Figura 46 – Integra-e-Dispara: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 0,1$	98
Figura 47 – Integra-e-Dispara: Variação da Força de Acoplamento com $\sigma_V = 0,2$	99
Figura 48 – Rulkov: Variação da Força de Acoplamento	100
Figura 49 – Izhikevic: Variação da Força de Acoplamento	100
Figura 50 – Courbage-Nekorkin-Vdovin - Variação da Força de Acoplamento	100
Figura 51 – Hodgkin-Huxley: Trajetórias e Atividades Sincronizadas	102
Figura 52 – Hodgkin-Huxley: Diferença das fases referentes aos grupos 1 e 2	102
Figura 53 – Hodgkin-Huxley: Diferença das fases referentes ao grupo 3	102
Figura 54 – Hindmarsh-Rose: Trajetórias e Atividades Sincronizadas	103
Figura 55 – Hindmarsh-Rose: Diferença das fases referentes aos grupos 1 e 2	103
Figura 56 – Hindmarsh-Rose: Diferença das fases referentes ao grupo 3	104
Figura 57 – Integra-e-Dispara: Trajetórias e Atividades Sincronizadas	104
Figura 58 – Integra-e-Dispara: Diferença das fases referentes aos grupos 1 e 2	104
Figura 59 – Integra-e-Dispara: Diferença das fases referentes ao grupo 3	105
Figura 60 – Rulkov: Trajetórias e Atividades Sincronizadas	105
Figura 61 – Rulkov: Diferença das fases referentes aos grupos 1 e 2	106
Figura 62 – Rulkov: Diferença das fases referentes ao grupo 3	106

Figura 63 – Izhikevich: Trajetórias e Atividades Sincronizadas	106
Figura 64 – Izhikevich: Diferença das fases referentes aos grupos 1 e 2	107
Figura 65 – Izhikevich: Diferença das fases referentes ao grupo 3	107
Figura 66 – Courbage-Nekorkin-Vdovin: Trajetórias e Atividades Sincronizadas	107
Figura 67 – Courbage-Nekorkin-Vdovin: Diferença das fases dos grupos 1 e 2	108
Figura 68 – Courbage-Nekorkin-Vdovin: Diferença das fases do grupo 3	108
Figura 69 – Complexidade de tempo do algoritmo SCPL	109
Figura 70 – Variância acumulada por componentes	110
Figura 71 – Iris: Diâmetros da hiperesfera	110
Figura 72 – BCW: Diâmetros da hiperesfera	111
Figura 73 – Iris: Acurácia vs N° de Sementes	113
Figura 74 – BCW: Acurácia vs N° de Sementes	113
Figura 75 – Iris: Diâmetros das hiperesferas vs N° de Sementes	114
Figura 76 – BCW: Diâmetros das hiperesferas vs N° de Sementes	114
Figura 77 – Banknote Authentication: Média das acurácias e diâmetros	115
Figura 78 – Breast Cancer Winsconsin: Média das acurácias e diâmetros	116
Figura 79 – Iris: Média das acurácias e diâmetros	116
Figura 80 – Pima Indian Diabetes: Média das acurácias e diâmetros	117
Figura 81 – Sonar: Média das acurácias e diâmetros	117
Figura 82 – Propagação Estática: Trajetórias de Hodgkin-Huxley	119
Figura 83 – Propagação Dinâmica: Trajetórias de Hodgkin-Huxley	120
Figura 84 – Propagação Estática: Atividade Neural de Hodgkin-Huxley	121
Figura 85 – Propagação Dinâmica: Atividade Neural de Hodgkin-Huxley	121
Figura 86 – Propagação Estática: Fases de Hodgkin-Huxley	123
Figura 87 – Propagação Dinâmica: Fases de Hodgkin-Huxley	123
Figura 88 – Classe Setosa: Diferença das fases de Hodgkin-Huxley	124
Figura 89 – Classe Virginica: Diferença das fases de Hodgkin-Huxley	124
Figura 90 – Classe Versicolor: Diferença das fases de Hodgkin-Huxley	125
Figura 91 – Classe Setosa: Diferença das trajetórias de Hodgkin-Huxley	125
Figura 92 – Classe Virginica: Diferença das trajetórias de Hodgkin-Huxley	126
Figura 93 – Classe Versicolor: Diferença das trajetórias de Hodgkin-Huxley	126
Figura 94 – Força de Acoplamento: Variando grau de convergência e interno	127
Figura 95 – Força de Acoplamento: Variando grau de convergência e o gama	128

Figura 96 – Força de Acoplamento: Variando grau de convergência e o beta . . .	129
Figura 97 – Datasets artificiais utilizados na variação dos parâmetros G_{lim}^{out} , L e ν . . .	130
Figura 98 – Acurácia do conjunto de dados Luas com ruído branco igual a 0.1 . . .	130
Figura 99 – Acurácia do conjunto de dados Cluster e desvio padrão igual a 0.9 . . .	131
Figura 100 – Acurácia do conjunto de dados Cluster e desvio padrão igual a 1.2 . . .	131
Figura 101 – Acurácia do conjunto de dados Classificação	132
Figura 102 – Acurácia do conjunto de dados Círculos e ruído branco igual a 0.05 . . .	132
Figura 103 – Superfície de Decisão do conjunto de dados Iris	134
Figura 104 – Modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin aplicado ao conjunto Iris . . .	134
Figura 105 – Diferença de fases	135

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Taxas de Probabilidade das variáveis m , n e h	30
Tabela 2 – Taxas de probabilidade para as dinâmicas dos canais	34
Tabela 3 – Parâmetros do Modelo de Hodgkin-Huxley Estocástico	64
Tabela 4 – Parâmetros do modelo estocástico de Hindmarsh-Rose	64
Tabela 5 – Parâmetros do modelo estocástico de Integra-e-Dispara	65
Tabela 6 – Parâmetros do modelo de Rulkov	65
Tabela 7 – Parâmetros do modelo de Izhikevich	66
Tabela 8 – Parâmetros do modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin	67
Tabela 9 – Variação da Força de Acoplamento de cada modelo de Oscilador	67
Tabela 10 – Índices dos Neurônios pertencentes ao grupo i	68
Tabela 11 – Força de Acoplamento de cada modelo de Oscilador	69
Tabela 12 – Configuração dos Datasets para o Algoritmo 4	72
Tabela 13 – Configuração das Amostras Inicialmente Rotuladas	72
Tabela 14 – Combinação de parâmetros da força de acoplamento	85
Tabela 15 – Combinação de Valores dos Parâmetros do Modelo	85
Tabela 16 – Características dos Conjuntos de dados	86
Tabela 17 – Métodos de Aprendizado Semi-Supervisionado	86
Tabela 18 – Classificadores utilizados nos métodos Self-Training e Tri-Training	86
Tabela 19 – Parâmetros do modelo de Competição pela Sincronização de Neurônios.	87
Tabela 20 – Sincronização: Intervalo da força de acoplamento e valor de σ_V	101
Tabela 21 – Diâmetros da hiperesfera e desvios padrões dos dados Iris e BCW	112
Tabela 22 – Acurácia da classificação do conjunto de dados Iris	112
Tabela 23 – Acurácia da classificação do conjunto de dados BCW	112
Tabela 24 – Acurácia do modelo na propagação estática	121
Tabela 25 – Configuração do Teste de Competição pela Sincronização	133
Tabela 26 – Acurácia dos Modelos Semi-Supervisionados em (%)	136

1 INTRODUÇÃO

As redes neurais biológicas são objetos de estudo que envolvem diversos campos de pesquisa científica, desde biólogos, neurofisiologistas e farmacologistas, até matemáticos, físicos, engenheiros e cientistas da computação. A motivação é diferente para cada pesquisa realizada, porém muito conhecimento sobre estas estruturas já foi obtido, como a unidade básica funcional conhecida como neurônio descoberta por Santiago Ramón y Cajal no final do século 19 (López-Muñoz, Boya e Alamo, 2006), assim como a elaboração do conceito de sinapse, que é a interação entre tais unidades o que levou a declaração de Cajal em 1894: "A capacidade dos neurônios de crescer em um adulto e seu poder de criar novas conexões podem explicar o aprendizado." (Higgins, 2019).

Algumas décadas mais tarde, Hebb postulou que um neurônio pré-sináptico A o qual repetidamente influencia na excitação de um neurônio pós-sináptico B, fortalece a interação entre si, tornando mais provável que a atividade de A excite a de B, ou seja, neurônios que disparam juntos, se conectam (Hebb, 1949). Este conceito da sinapse Hebbiana é frequentemente identificado com o Potencial de Longa Duração (PLD) (Cooke e Bliss, 2006), ou seja, o aperfeiçoamento entre os disparos neurais de duas células ocorre de forma sincronizada; além desta forma de potencial existe a Plasticidade Dependente do Tempo de Disparo (PDTD), em que o aperfeiçoamento da sinapse depende do tempo de disparo do neurônio pré-sináptico (Caporale e Dan, 2008). Esta forma de processamento da informação através de disparos neurais dependentes do tempo é diversificada, variando a sincronização, dessincronização e clusterização.

O fenômeno de sincronização neural é encontrado em diversas tarefas, como atenção visual (Malsburg, 1981), além de realizar um papel importante na comunicação neural (Fries, 2005), coordenação motora (Schnitzler e Gross, 2005) assim como no problema da ligação (Singer, 1993), que é a interrogação sobre como respostas iniciais visuais, como cor, orientação, movimento e profundidade são ligadas para formar percepções visuais. Além dos exemplos citados, a sincronização neural também é encontrada no processamento de informação (Gupta, Singh e Stopfer, 2016) e na sincronização entre atividades alfa e beta em funções de memória (Nyhus e Curran, 2010).

A sincronização é um fenômeno que também pode ser empregado em aplicações

para aprendizado de máquina, em que algoritmos são desenvolvidos com a capacidade de se adaptarem e aprenderem a detectar padrões através da experiência utilizando a sincronização, ou a correlação, entre disparos neurais para representar um mesmo padrão. A dimensão do tempo passa a ser importante para a representação da informação.

1.1 Motivação

Em 1981, Christoph von der Malsburg propôs que cada objeto é representado pela correlação temporal das atividades de disparos neurais (Malsburg, 1981). Desta forma, esta correlação codifica diferentes atributos do objeto. Uma forma natural de representar a codificação da correlação temporal é a utilização da sincronização entre osciladores, de forma que os neurônios sincronizados são os que processam atributos de um mesmo objeto e os de diferentes objetos estão dessincronizados (Terman e Wang, 1995; Malsburg e Schneider, 1986; Wang, 2005), salientando que o aumento na coerência dos neurônios deve-se a correspondência destes à um mesmo estímulo.

Com fundamentos na correlação temporal de von der Malsburg, Wang e outros coautores desenvolveram a teoria de correlação oscilatória aplicada a segmentação de imagens denominada LEGION¹ (Wang e Terman, 1995), em que neurônios processando as características de um mesmo objeto estão sincronizados, enquanto neurônios representando outros objetos, estão dessincronizados. Este modelo foi estendido para diversas áreas como segmentação de imagem, seleção e segregação auditiva (Wang, 2005). Outro modelo baseado em sistemas dinâmicos foi desenvolvido com o objetivo de agrupar dados ao utilizar características de sincronização e dessincronização entre as variáveis dinâmicas (Zhao, Carvalho e Li, 2004; Zhao, Damiance e Carvalho, 2005). Neste modelo, os elementos de uma rede são representados por um mapa caótico e cada componente é um elemento no espaço de atributos. Desta forma, ao fornecer um conjunto de dados para esta rede, os elementos se organizam conforme um parâmetro de similaridade determinado anteriormente, assim o acoplamento dos elementos que pertencem a mesma classe é mantido e consequentemente há sincronização entre eles. No caso de elementos pertencentes a classes diferentes, o acoplamento é eliminado e, portanto, a dinâmica dos itens de dados dessincronizam.

¹ Locally Excitatory Globally Oscillator Network

Em vários trabalhos foram desenvolvidos modelos de sincronização de osciladores organizados em redes utilizando sincronização completa (Zhao e Breve, 2008; Zhao et al., 2007). Mais tarde, a sincronização por fase também foi utilizada (Breve et al., 2009). Inicialmente, estes modelos foram utilizados em tarefas de segmentação de imagens (Zhao e Breve, 2008) e posteriormente em tarefas de atenção visual (Zhao et al., 2007; Breve et al., 2009).

Em sua tese de doutorado (Breve, 2010), Breve desenvolveu vários modelos de atenção visual utilizando osciladores caóticos acoplados e organizados em reticulados a partir da proposta de Zhao (Zhao e Breve, 2008), assim como modelos de aprendizado semi-supervisionado para a detecção de grupos em redes complexas.

Recentemente, foi analisado a sincronização em modelos de osciladores acoplados localmente baseados na dinâmica neural (Toso e Breve, 2020). Os modelos estudados são divididos em modelos de tempo contínuo, como o de Hodgkin-Huxley (Hodgkin e Huxley, 1952), Hindmarsh-Rose (Hindmarsh e Rose, 1984), Integra-e-Dispara (Lapicque, 1907) e o Spike-Response-Model (Gerstner, 2001); e modelos de tempo discreto, os quais envolvem modelos de Aihara (Aihara, Takabe e Toyoda, 1990), Rulkov (Rulkov, 2002), Izhikevich (Izhikevich, 2003) e Courbage-Nekorkin-Vdovin (Courbage, Nekorkin e Vdovin, 2007). Os modelos discretos não apresentaram o fenômeno de sincronização, contrariamente os de tempo contínuo obtiveram sucesso perante o acoplamento em reticulado, enquanto que o modelo Spike-Response apresentou o fenômeno sem a necessidade de um termo de acoplamento, apenas com estímulos pré-sinápticos, todavia o modelo não continha propriedades caóticas ou estocásticas para simular diferentes osciladores, desta maneira os modelos que apresentaram tais características e o fenômeno de sincronização foram os modelos de Hodgkin-Huxley, Hindmarsh-Rose e Integra-e-Dispara.

Com base neste estudo, esta dissertação busca verificar a possibilidade da sincronização da dinâmica espaço-temporal dos modelos neurais por acoplamento, tanto em sistemas caóticos quanto estocásticos e, conseqüentemente a segmentação das trajetórias variando uma força de acoplamento existente entre os osciladores. De forma que, uma força muito alta permite a correlação temporal entre os osciladores e baixos valores proporcionam a dessincronização das fases dos neurônios e conseqüentemente, a segmentação das suas trajetórias no tempo. Em sequência, o acoplamento será utilizado para desenvolver um modelo de aprendizado semi-supervisionado, em que as amostras de uma mesma classe representam osciladores sincronizados entre si, e a propagação de seus

rótulos a outras amostras não-rotuladas fortalece o valor da força de acoplamento entre elas, tendendo a sincronização, enquanto amostras de classes diferentes dessincronizam por não possuírem nenhum acoplamento entre si.

1.2 Objetivos

O objetivo principal desta dissertação é o estudo da sincronização por acoplamento dos modelos de osciladores neurais e, como prova de conceito, o desenvolvimento de um modelo de aprendizado de máquina utilizando a abordagem semi-supervisionada e a dinâmica espaço-temporal de modelos neurais para a identificação dos conjuntos de elementos pertencentes a uma mesma classe com topologias não-triviais. O modelo deve ser capaz de representar os elementos de um mesmo grupo através de um modelo dinâmico de propagação dos disparos neurais sincronizados, enquanto que a dinâmica entre dois elementos classificados em diferentes grupos dessincronizam, além disso o modelo deve ser capaz de identificar topologias não-triviais e não apenas distribuições hiper-elipsoides, e por último é desejável que a complexidade computacional do algoritmo seja baixa para a aplicação em conjuntos de dados maiores como é proposto pelo aprendizado semi-supervisionado.

Inicialmente foi estudada a possibilidade de uma adaptação da dinâmica neural para uma estocástica dos modelos contínuos (Hodgkin e Huxley, 1952; Hindmarsh e Rose, 1984; Lopicque, 1907) utilizando Equações Diferenciais Estocásticas com o uso de termos que representam sinapses elétricas (Bossy, Fontbona e Olivero, 2019). A estocasticidade presente nos osciladores de tempo contínuo e o caos nos modelos de tempo discreto, têm o intuito de fazer os osciladores comportarem-se de forma única, através da imprevisibilidade de suas trajetórias, e portanto desempenhar o papel de diferentes amostras em um espaço amostral. Consequente, foi analisada a possibilidade de sincronização em osciladores estocásticos e caóticos variando a força de acoplamento entre os osciladores acoplados eletricamente e em sequência a separação em grupos de osciladores que estão sincronizados para os elementos que pertencem a um mesmo grupo e dessincronizados em relação aos que estão em grupos diferentes, sendo possível a visualização através do gráfico de sincronização por fases e a atividade neural dos osciladores que possuem ritmos diferentes para cada grupo.

Após o processo de análise do modelo de osciladores, a técnica de classificação

de aprendizado semi-supervisionado baseado em complexos simpliciais foi utilizada para propagar os rótulos aos elementos desconhecidos e analisada a sua acurácia em duas base de dados: Iris e Breast Cancer Wisconsin (Fisher, 1936; Wolberg e Mangasarian, 1990). Foram variados os raios das esferas D -dimensionais gerados pelos elementos inicialmente rotulados para analisar em qual valor do raio o método pôde classificar todos os itens de dados desconhecidos. Também foi variada a quantidade de elementos rotulados inicialmente e na sequência o desempenho do algoritmo foi comparado com o dos métodos Propagação de Rótulos (Xiaojin e Zoubin, 2002) e o Método de Consistência Local e Global (Zhou et al., 2004).

Em sequência, o algoritmo foi desenvolvido para adaptar a força de acoplamento entre os osciladores utilizando termos de reforço e punição, além de definir um limite de possíveis conexões com os seus vizinhos. Os parâmetros do modelo foram testados e variados em conjuntos de dados artificiais, para analisar o comportamento da classificação dependendo da combinação dos parâmetros. Por fim, o modelo foi comparado com outros algoritmos em conjuntos de dados reais.

1.3 Estrutura do Trabalho

Este projeto está organizado da seguinte forma. No Capítulo 2 é apresentada uma revisão bibliográfica sobre sistemas dinâmicos e equações diferenciais estocásticas, além de conceitos sobre a dinâmica neural e a descrição dos modelos matemáticos utilizados neste trabalho. Ademais, são apresentados conceitos sobre o fenômeno de sincronização, além dos grafos e topologias não-triviais como complexos simpliciais e por fim, o aprendizado de máquina e suas principais categorias. No capítulo 3 são apresentadas as técnicas desenvolvidas neste trabalho para a análise da dinâmica neural e a sincronização por acoplamento dos osciladores, além da aplicação deste conceito no desenvolvimento de um modelo de aprendizado semi-supervisionado. No Capítulo 4 são apresentados os resultados obtidos através das simulações computacionais dos procedimentos do Capítulo 3. Finalmente, no Capítulo 5 são apresentadas as conclusões.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

Neste capítulo será apresentada a teoria dos sistemas dinâmicos (2.1), os quais são funções que descrevem a evolução temporal dos estados de algum objeto em um espaço geométrico. Dentre estes objetos se encontra o potencial elétrico da membrana de um neurônio biológico, cuja dinâmica é oscilatória e particularmente de relaxação (2.2). No entanto, existem diversos modelos que descrevem este comportamento neural e o enfoque desta pesquisa será a análise da sincronização (2.3), tanto por fase, e se possível, completa, entre os elementos pertencentes a um sistema de neurônios e que estão acoplados entre si produzindo uma estrutura em forma de grafo (2.4). Desta forma, serão analisadas, através da segmentação temporal, as possibilidades de clusterização dos elementos sincronizados entre si devido ao acoplamento e a dessincronização, caso contrário. Consequentemente, este estudo será aplicado para a construção de um classificador utilizando a abordagem de aprendizado semi-supervisionado (2.5), de modo que as amostras rotuladas sejam representadas por osciladores sincronizados e os exemplos não rotulados estejam dessincronizados. Assim, através do uso de alguma similaridade, as amostras rotuladas propagam os seus rótulos a outros exemplos não-rotulados, sincronizando-se com o grupo de osciladores o qual a amostra rotulada pertence. Desta maneira é possível analisar as diferentes classes através da segmentação temporal das atividades neurais.

2.1 Sistemas Dinâmicos

O Sistema Dinâmico é um conceito que remonta ao século XVII em suas origens com Isaac Newton (1643-1727). Newton, ao longo de sua trajetória profissional, deu início ao que hoje conhecemos como a Mecânica Clássica, ou seja, esta divisão da Física descreve o movimento de objetos macroscópicos, sejam eles projéteis, maquinarias, até objetos astronômicos como estrelas, planetas e galáxias.

Newton desenvolveu algumas leis que permitem encontrar estados futuros (determinismo) e passados (reversibilidade) do objeto em estudo. Estas leis são constituídas por conceitos físicos fundamentados no sistema de forças atuantes no(s) objeto(s) em

estudo e que prescrevem como este sistema define a evolução da(s) trajetória(s) do(s) objeto(s) no decorrer do tempo. Desta forma, levando a formulações matemáticas vigentes desenvolvidas por Isaac Newton e também Gottfried Wilhelm Leibniz, este num estudo independente daquele.

Esta evolução temporal dos estados pode ser tratada com o tempo sendo tanto contínuo quanto discreto, levando a sua representação por uma Equação Diferencial Ordinária (EDO), formulação matemática desenvolvida pelos cientistas citados acima. Para que seja possível determinar estados futuros de uma relação é necessário iterá-lo diversas vezes, avançando no tempo com pequenos intervalos.

A representação matemática deste conceito é apresentada conforme abaixo,

$$\begin{aligned}
 \frac{dx_1}{dt} &= F_1(x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_N, \mu_1, \mu_2, \dots, \mu_j, \dots, \mu_M) \\
 \frac{dx_2}{dt} &= F_2(x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_N, \mu_1, \mu_2, \dots, \mu_j, \dots, \mu_M) \\
 &\vdots \\
 \frac{dx_i}{dt} &= F_i(x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_N, \mu_1, \mu_2, \dots, \mu_j, \dots, \mu_M) \\
 &\vdots \\
 \frac{dx_N}{dt} &= F_N(x_1, x_2, \dots, x_N, \mu_1, \mu_2, \dots, \mu_j, \dots, \mu_M)
 \end{aligned} \tag{2.1}$$

onde $x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_N$ é um conjunto de variáveis dos estados que evoluem no tempo de acordo com a igualdade à esquerda e que podem ser representados por um vetor de estados, assim como a sua evolução temporal,

$$\mathbf{x}(t) = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_i \\ \vdots \\ x_N \end{bmatrix} \rightarrow \frac{d\mathbf{x}(t)}{dt} = \begin{bmatrix} \frac{dx_1}{dt} \\ \frac{dx_2}{dt} \\ \vdots \\ \frac{dx_i}{dt} \\ \vdots \\ \frac{dx_N}{dt} \end{bmatrix} = \dot{\mathbf{x}} \tag{2.2}$$

de modo que $\mathbf{x} : \mathbf{x} \in \mathbb{U} \subset \mathbb{R}^N$, onde o conjunto $\mathbb{U}$ é o espaço formado por todos os possíveis estados do sistema, também conhecido como o espaço fases do sistema dinâmico. Da mesma forma, o conjunto $\mu_1, \mu_2, \dots, \mu_j, \dots, \mu_M$ representa um vetor de parâmetros $\boldsymbol{\mu}$, em que $\boldsymbol{\mu} : \boldsymbol{\mu} \in \mathbb{V} \subset \mathbb{R}^M$ e $\mathbb{V}$ é um espaço de parâmetros. Assim um sistema dinâmico é um vetor de estados que é mapeado por um vetor de funções,

$$\mathbf{F}(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}) = (F_1(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}), F_2(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}), \dots, F_i(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}), \dots, F_N(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu})) \quad (2.3)$$

para o próprio espaço de fases, $\mathbf{F} : \mathbb{R}^N \rightarrow \mathbb{R}^N$. Portanto é possível representar o sistema dinâmico na Eq. (2.1) utilizando notação vetorial:

$$\frac{d\mathbf{x}}{dt} = \mathbf{F}(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}) \quad (2.4)$$

No entanto, existem sistemas dinâmicos estocásticos, os quais são compostos por funções que descrevem a evolução dos estados com o acréscimo de uma variável aleatória perturbando o sistema, de forma que o determinismo já não é mais uma propriedade pertinente a um sistema dinâmico estocástico. Um exemplo destes sistemas são as Equações Diferenciais Estocásticas (EDE) as quais são equações diferenciais que possuem processos estocásticos, ou seja, termos aleatórios e, portanto, são imprevisíveis.

A representação matemática de uma equação diferencial estocástica é a seguinte,

$$\frac{d\mathbf{x}}{dt} = \mathbf{F}(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}) + \boldsymbol{\sigma}(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}) \circ \boldsymbol{\xi}(t) \quad (2.5)$$

onde $\boldsymbol{\sigma}(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}) \circ \boldsymbol{\xi}(t)$ representa o termo estocástico na Eq. (2.5), sendo $\boldsymbol{\sigma}(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu})$ um vetor de funções dependentes do vetor de processos estocásticos $\mathbf{x}$, o símbolo $\circ$ representa o produto de Hadamard que é a multiplicação entre os elementos de mesmos índices, restando a $\boldsymbol{\xi}(t)$ a função da estocasticidade no sistema, ou seja um vetor N-dimensional de perturbações aleatórias a cada instante de tempo na EDE. O elemento ξ_i é conhecido como um "ruído branco", frequentemente relacionado a uma distribuição normal com média estabelecida em 0 e desvio padrão u_i . A Figura 1 representa a estocasticidade da distribuição normal $\mathcal{N}(0, 1)$ com desvio padrão equivalente a 1 em vários instantes de tempo.

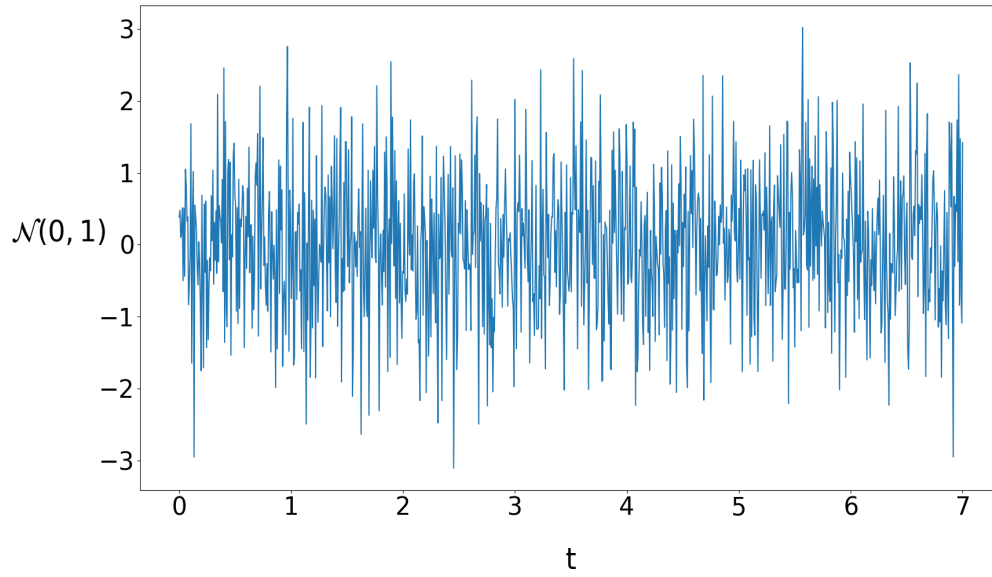


Figura 1 – Distribuição normal com média em 0 e desvio padrão equivalente a 1 em vários instantes do tempo.

Se então multiplicarmos a Eq. (2.5) pelo diferencial do tempo dt , obteremos a relação:

$$d\mathbf{x} = \mathbf{F}(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu})dt + \boldsymbol{\sigma}(\mathbf{x}, \boldsymbol{\mu}) \circ \boldsymbol{\xi}(t)dt, \quad (2.6)$$

desta maneira, podemos então substituir o termo $\boldsymbol{\xi}(t)dt$ por $d\mathbf{W}$, que representa o diferencial do processo estocástico de Wiener e é caracterizado por incrementos independentes ao longo do tempo, de forma que os incrementos no futuro ($\mathbf{W}_{t+dt} - \mathbf{W}_t = d\mathbf{W}$, $t > 0$) são independentes dos incrementos do passado ($\mathbf{W}_p$, $p < t$), além de que estes incrementos são normalmente distribuídos ($d\mathbf{W} = \mathbf{W}_{t+dt} - \mathbf{W}_t \sim \mathcal{N}(0, \mathbf{u})$), assim, a Eq. (2.6) é representada por:

$$d\mathbf{x}(t) = \mathbf{F}(\mathbf{x}(t), \boldsymbol{\mu})dt + \boldsymbol{\sigma}(\mathbf{x}(t), \boldsymbol{\mu}) \circ d\mathbf{W}(t), \quad (2.7)$$

portanto, a Eq. (2.7) é uma EDE que pode ser interpretada como um sistema dinâmico de processos estocásticos $\mathbf{x}$ que em um intervalo de tempo dt modifica os seus valores por um vetor de distribuições normais com um vetor de médias equivalente a $\mathbf{F}(\mathbf{x}(t), \boldsymbol{\mu})dt$ e um vetor de desvios padrões de $\boldsymbol{\sigma}(\mathbf{x}(t), \boldsymbol{\mu}) \circ d\mathbf{W}(t)$, sendo que os valores futuros $\mathbf{x}_{t+dt}$

são independentes das medidas passadas $\mathbf{x}_p$, em que $p < t$.

A Figura 2 mostra a evolução temporal de cinco trajetórias do processo estocástico $\mathbf{x}$ utilizando o método numérico de Euler-Maruyama para equações diferenciais estocásticas (Kloeden e Platen, 2013) no processo de Ornstein–Uhlenbeck (Uhlenbeck e Ornstein, 1930):

$$dx = \theta(\mu - x)dt + \sigma dw, \quad (2.8)$$

então é possível ver como as suas trajetórias são totalmente diferentes umas das outras, apesar dos mesmos parâmetros e mesmas inicializações, os ruídos estão presentes como na Figura 1.

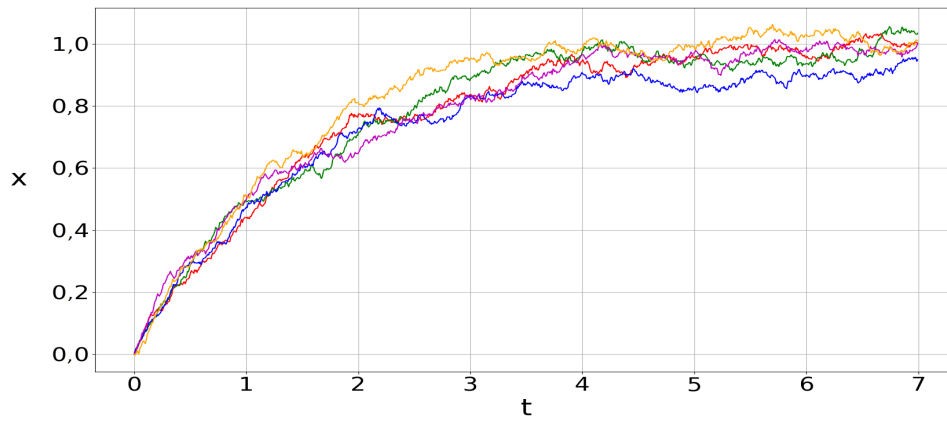


Figura 2 – Evolução temporal das equações diferenciais estocásticas do processo de Ornstein–Uhlenbeck, um processo em que o termo $F(x(t), \mu)$ na Eq. (2.7) é uma função linear do tipo $\theta(\mu - x)$, sendo θ , μ constantes e $\sigma(x(t), \mu)$ é definida como uma constante.

Portanto, a integral da Eq. (2.7) é descrita pela Eq. (2.9):

$$\mathbf{x}_{t+T} = \mathbf{x}_t + \int_t^{t+T} \mathbf{F}(\mathbf{x}(s), \boldsymbol{\mu}) ds + \int_t^{t+T} \boldsymbol{\sigma}(\mathbf{x}(s), \boldsymbol{\mu}) \circ d\mathbf{W}(s), \quad (2.9)$$

a qual será utilizada para a descrição dos termos estocásticos presentes nos modelos estocásticos de Hodgkin-Huxley, Hindmarsh-Rose e Integra-e-Dispara para descrever a dinâmica neural dos osciladores. Para isso, existem métodos numéricos com a função de encontrarem as trajetórias dos estados estocásticos, um exemplo é o método numérico

Euler-Maruyama para Equações Diferenciais Estocásticas.

Nesta metodologia, a Eq. (2.7) possui uma condição inicial $\mathbf{x}(0) = \mathbf{x}_0$ e um intervalo de tempo $[0, T]$, assim a aproximação Euler-Maruyama de $\mathbf{x}(t)$ é uma cadeia de Markov $\mathbf{X}$ em que o intervalo de tempo é particionado em N subintervalos com tamanho $\Delta t > 0$ e $0 = t_0 < t_1 < \dots < t_N = T$, tal que $\Delta t = T/N$. Assim:

$$\mathbf{X}_{n+1} = \mathbf{X}_n + \mathbf{F}(\mathbf{X}_n, \boldsymbol{\mu})\Delta t + \boldsymbol{\sigma}(\mathbf{X}_n, \boldsymbol{\mu})\Delta W_n \quad (2.10)$$

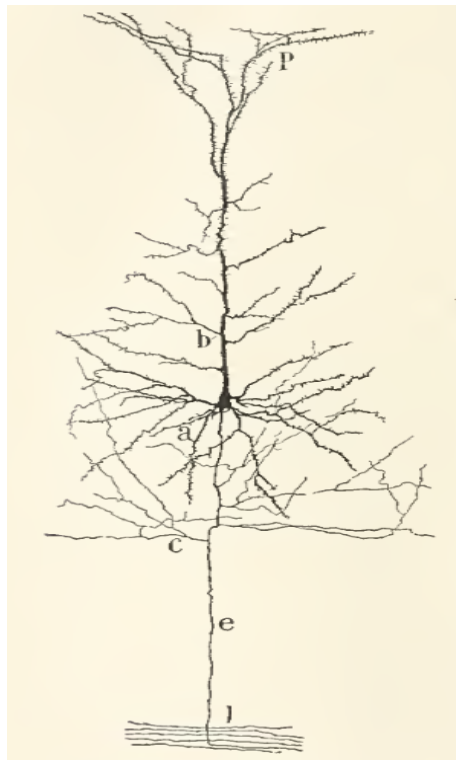
em que,

$$\Delta W_n = W_{n+1} - W_n = \mathcal{N}(0, \Delta t) \quad (2.11)$$

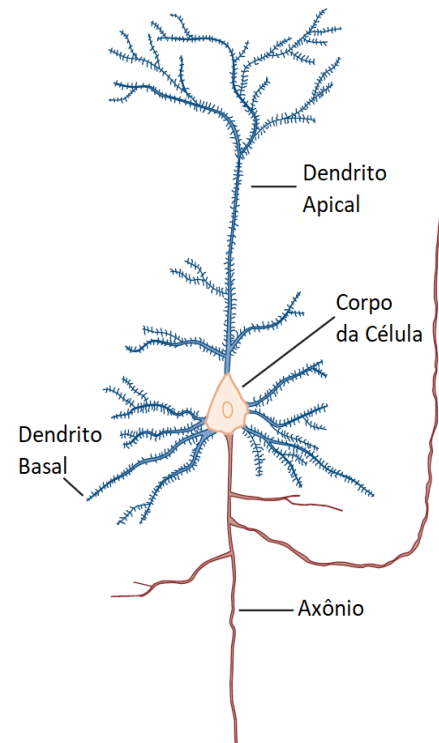
2.2 Dinâmica Neural

O estudo das redes neurais biológicas é um exemplo relevante de campo de pesquisa em questão de interdisciplinaridade, envolvendo desde a biologia e seus ramos, como a neurofisiologia, até disciplinas como a matemática, física, química, linguística, psicologia, ciência da computação, engenharia, robótica e afins. Esta extensão interdisciplinar deve-se a complexidade desta estrutura fisiológica e a busca para entender o seu funcionamento, isto é, como a complexa interconectividade entre células chamadas neurônios produzem memórias, aprendizados, comportamentos, emoções, dentre outros. Ao longo das décadas, cientistas por todo o mundo estudaram e acumularam muitos conhecimentos sobre esta estrutura, inclusive a de que a unidade elementar que compõe este sistema é conhecida como *neurônio*. Um exemplo desta unidade de processamento é representada na Figura 3.

No entanto, existem neurônios com diversas morfologias, porém a sua estrutura básica é o seu corpo celular conhecido como *Soma* com filamentos em uma extremidade chamadas *Dendritos* e na outra um longo filamento conhecido como *Axônio*. Esta consistência define uma célula *eletricamente excitável*. O processo de excitabilidade ocorre devido a variações na concentração de íons (Na^+ , K^+ , Cl^- , dentre outros) na região interna e externa à célula separadas pela membrana de lipídios que constitui o neurônio, um processo em que os íons na região de alta concentração (externamente concentra-se o sódio e internamente o potássio) movem-se para a região de baixa concentração.



(a) Desenho de uma Célula Piramidal feita por Santiago Ramon y Cajal. Fonte: Cajal, 1911



(b) Ilustração de uma célula piramidal. Fonte: Kandel et al., 2013

Figura 3 – Célula Piramidal

O movimento destas partículas não ocorre espontaneamente, o processo deve-se à abertura e fechamento de *portões* localizados na membrana, alguns denominados *canais iônicos* que são específicos para a transição de cada íon, assim como de *bombas* que transferem três íons de sódio para o interior da célula e o equivalente de potássio para o exterior. Como representado na Figura 4.

Este movimento de íons gera mudanças na diferença do potencial elétrico entre estas regiões. Esta variação é conhecida como *potencial de membrana*, e quando não há abertura destes canais e consequentemente nenhuma mudança na concentração iônica, o potencial de membrana é conhecido como o *potencial de repouso* cujo valor é aproximadamente - 70 mV, ou seja, o valor negativo indica que há menos íons positivos no interior da célula do que no exterior.

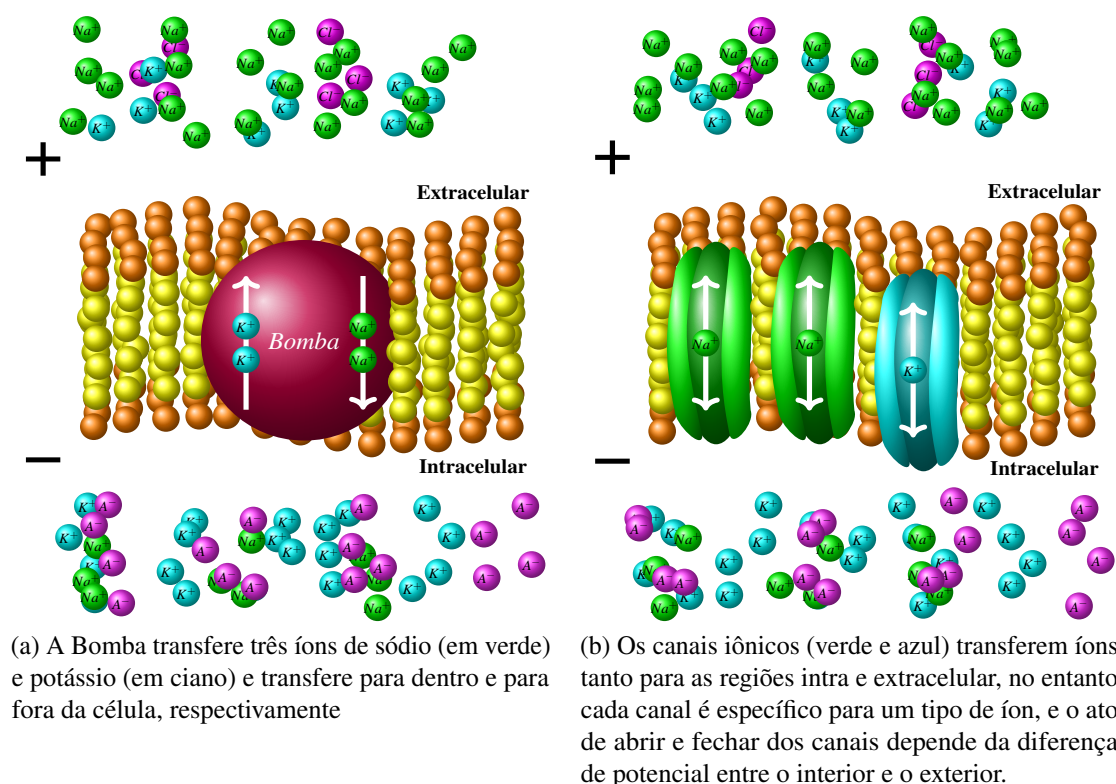


Figura 4 – Ilustração do processo de transferência iônica.

Quando os canais de sódio abrem-se devido a um estímulo (neurotransmissores liberados por outros neurônios), as concentrações de sódio aumentam no interior da célula devido a entrada de sódio, consequentemente o potencial de membrana aumenta. Se a tensão elétrica está em torno de -55 mV, os canais de sódio abrem-se por toda membrana permitindo a entrada de alta quantidade do sódio, aumentando rapidamente o potencial (em torno de $+40$ mV), processo conhecido como *depolarização*, neste potencial os canais de sódio fecham-se e os de potássio abrem-se, de modo que estes íons saem da região de maior concentração para a de menor, consequentemente o potencial da membrana decresce rapidamente (*repolarização*) para um valor menor que o de repouso, então pela própria difusão dos íons entre uma região e a outra, o potencial retorna ao ponto de equilíbrio (*hiperpolarização*).

Este fenômeno em que a tensão elétrica cresce e decresce é conhecido como *potencial de ação*. Este pulso percorre todo o axônio, ou seja, o fluxo de sódio pelo

neurônio chega até os terminais do mesmo e dois eventos podem ocorrer: se o neurônio está conectado diretamente a outro, o fluxo de sódio entra na outra célula e o mesmo processo de abertura dos canais acontece e outro potencial de ação é gerado neste segundo neurônio. No outro caso, se os dois neurônios não estão conectados diretamente, mas bem próximos em uma região chamada *sinapse*, o fluxo de sódio faz com que o primeiro neurônio libere substâncias químicas denominadas *neurotransmissores*, que dependendo de quais forem, são capazes de abrirem canais do cloro ou sódio. A abertura do canal de cloro diminui ainda mais o potencial da membrana, inibindo o neurônio de *disparar* ou perpetuar o potencial de ação, esta tensão elétrica é denominada de *potencial pós-sináptico inibitório*, já os canais de sódio aumentam o potencial da membrana perpetuando o sinal elétrico, este é denominado de *potencial pós-sináptico excitatório*.

Este evento pode ser visualizado na ilustração da Figura 5, em que o potencial de ação (esfera vermelha) libera os neurotransmissores (esferas laranjas) de suas capsulas azuis e se conectam aos canais em roxo, permitindo a entrada de sódio (esferas verdes) ou até mesmo de cloro, já no caso da sinapse elétrica, os terminais estão diretamente conectados e o pulso se propaga continuamente.

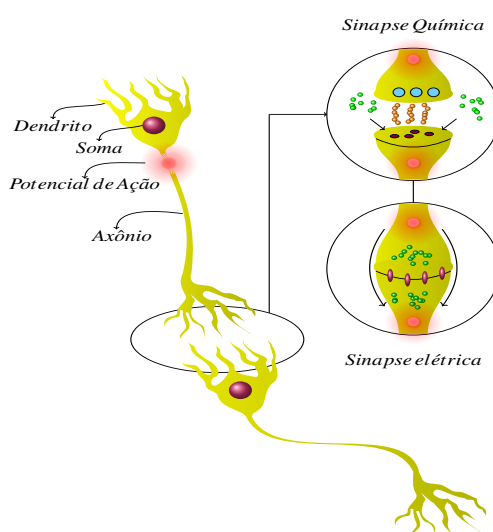


Figura 5 – Dois neurônios conectados entre si. A conexão pode ser através de uma sinapse química ou elétrica, a primeira o potencial de ação pode ou não se propagar, já a segunda o sinal elétrico se propaga para o próximo neurônio sem qualquer obstáculo.

Por décadas, diversos pesquisadores buscaram compreender este processo, mas foi com os estudos de Hodgkin e Huxley sobre propagação do potencial de ação em um axônio gigante de lula que surgiu um modelo matemático que descreve como se dá o início e a propagação do potencial. O modelo é um conjunto de equações diferenciais não-lineares de tempo contínuo.

Hodgkin e Huxley propuseram que a membrana do neurônio (conjunto de esferas em amarelo e laranja na Figura 4) se comporta como um capacitor, quando um fluxo de íons é introduzido no interior da célula uma corrente $I(t)$ é injetada, ou seja, mais carga elétrica é adicionada no capacitor, ou ainda pode se tornar uma corrente de fuga através dos canais na membrana celular. Cada tipo de canal está representado como um resistor na Figura 6.

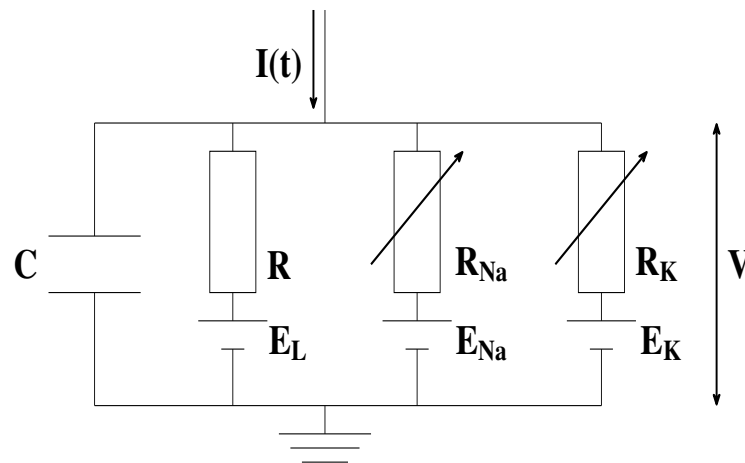


Figura 6 – Diagrama Esquemático do Modelo de Hodgkin-Huxley

O canal onde não está especificado possui uma resistência de fuga R , o canal do sódio possui uma resistência R_{Na} e o canal do potássio R_K . A flecha em diagonal que cruza o diagrama de resistência indica que o valor não é fixo, mas varia dependendo se o canal está aberto ou fechado. Devido à atividade do fluxo de íons através da membrana celular, a concentração de íons nos líquidos tanto fora quanto no interior da célula são diferentes.

O potencial de Nernst gerado pela diferença de concentração iônica é representada pela bateria na Figura 6. Como o potencial de Nernst é diferente para cada tipo de íon, há baterias separadas para o sódio, potássio e o terceiro canal de íons não-especificados,

com suas respectivas tensões E_{Na} , E_K e E_L , em que o subíndice L vem do inglês leak, que representa fuga.

Agora, traduzindo o esquema elétrico acima em equações matemáticas, a conservação da carga elétrica num pedaço da membrana celular implica que a corrente aplicada $I(t)$ é dividida na corrente capacitiva I_C que carrega o capacitor C e outras componentes I_k que passam através dos canais de íons, portanto:

$$I(t) = I_C(t) + \sum_k I_k(t), \quad (2.12)$$

assim, da definição de que a capacitância $C = q/V$, onde q é a carga elétrica e V é a tensão através de um capacitor, a corrente que atravessa o mesmo é:

$$I(t) = \frac{dq}{dt} = \frac{d(CV)}{dt} \therefore I(t) = C \frac{dV}{dt}, \quad (2.13)$$

desta forma a Eq. (2.12) pode ser reescrita como:

$$C \frac{dV}{dt} = - \sum_k I_k(t) + I(t) \quad (2.14)$$

Como descrito anteriormente, este modelo também depende de três canais. Os mesmos possuem as suas próprias resistências R e consequentemente as suas condutâncias $g_L = 1/R$. O canal de fuga é descrito por uma condutância independente da tensão e como há uma corrente que passa por este canal, utilizando a lei de Ohm, obteremos:

$$I_L = g_L(V - E_L) \quad (2.15)$$

A matemática dos outros canais de íons é análoga, exceto que as condutâncias g_{Na} e g_K são dependentes da tensão e do tempo, para isto, Hodgkin e Huxley adicionaram três variáveis dependentes do potencial e do tempo que controlam probabilisticamente a abertura dos canais iônicos, são elas m , n e h . Assim, o modelo matemático do sistema dinâmico não-linear de tempo contínuo do potencial de ação nos neurônios é:

$$C \frac{dV}{dt} = -g_{Na}m^3h(V - E_{Na}) - g_Kn^4(V - E_K) - g_L(V - E_L) + I(t) \quad (2.16)$$

$$\frac{dm}{dt} = \alpha_m(V)(1 - m) - \beta_m(V)m \quad (2.17)$$

$$\frac{dn}{dt} = \alpha_n(V)(1 - n) - \beta_n(V)n \quad (2.18)$$

$$\frac{dh}{dt} = \alpha_h(V)(1 - h) - \beta_h(V)h \quad (2.19)$$

em que α e β são definidos na Tabela 1 e foram determinadas por um ajuste de curvas dos dados experimentais.

Tabela 1 – Taxas de Probabilidade das variáveis m, n e h.

x	$\alpha_x(V/mV)[ms^{-1}]$	$\beta_x(V/mV)[ms^{-1}]$
n	$0,01(10 - V)/[e^{(10-V)/10} - 1]$	$0,125e^{-V/80}$
m	$0,1(25 - V)/[e^{(25-V)/10} - 1]$	$4e^{-V/18}$
h	$0,07e^{-V/20}$	$1/[1 + e^{(30-V)/10}]$

A representação gráfica do comportamento do potencial de ação pode ser encontrada na Figura 7 onde os pontos em vermelho, verde e azul indicam os momentos em que os canais iônicos do sódio abrem-se de uma vez, fecham e e em seguida os canais de potássio, respectivamente. Enquanto as flechas indicam os processos em que potencial torna-se altamente positivo por causa da introdução de sódio na célula, então decresce por causa da saída do potássio, e retorna ao equilíbrio pela difusão.

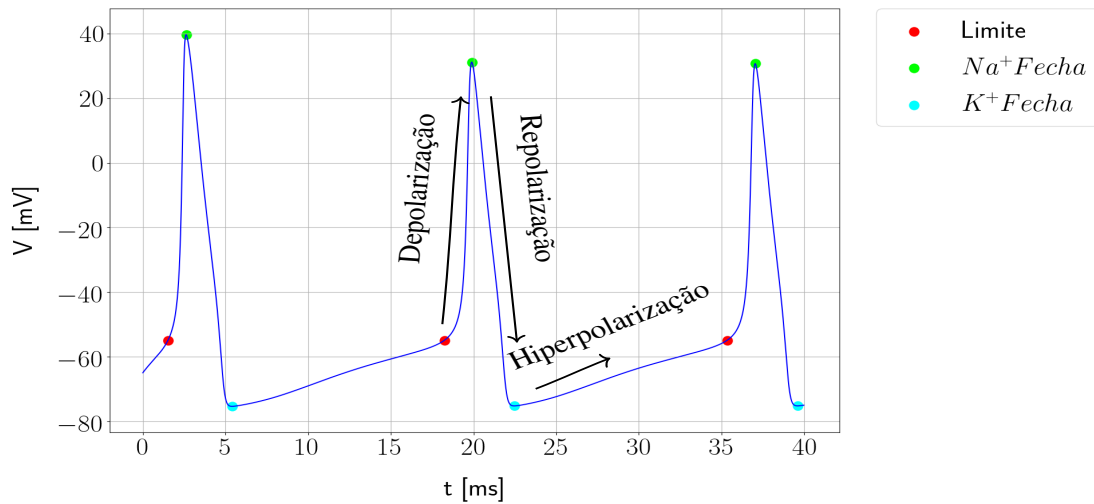


Figura 7 – Potencial de Ação do Modelo de Hodgkin-Huxley

Entretanto, o modelo de Hodgkin-Huxley é computacionalmente custoso e com o decorrer dos anos outros modelos dinâmicos foram desenvolvidos para descrever o comportamento do potencial da membrana. Equações que foram reduzidas a apenas duas de tempo discreto (Rulkov, 2002; Izhikevich, 2003; Courbage, Nekorkin e Vdovin, 2007), e as de tempo contínuo (Hindmarsh e Rose, 1984; Lapicque, 1907). Estes modelos serão apresentados nas subseções a seguir, pois são os sistemas dinâmicos das redes neurais utilizadas para o acoplamento e sincronização nesta dissertação, tendo em vista que um termo de acoplamento será adicionado aos sistemas e outro que fornece estocasticidade será acrescentado nos modelos de tempo contínuo.

2.2.1 Modelo Estocástico de Hodgkin-Huxley

Em sinapses químicas, um neurotransmissor é liberado de um neurônio pré-sináptico para o meio intracelular de um neurônio pós-sináptico através de canais que são dependentes da voltagem assim como os canais iônicos. Desta forma, uma nova variável y $[0,1]$ é associada a neurônios pré-sinápticos com o intuito de representarem a proporção de canais sinápticos abertos a cada instante de tempo. A dinâmica de y é similar a das variáveis dos canais iônicos, em que ela é descrita em termos de certas funções de probabilidade α_y e β_y , as quais dependem do potencial da membrana V do mesmo neurônio, e alguns outros parâmetros. A escolha dos parâmetros determina a característica (inibitória ou excitatória) da sinapse química, desta forma em uma rede totalmente conectada entre N neurônios, as sinapses químicas oriundas do neurônio pré-sináptico j induz uma voltagem $V^{(i)}$ no neurônio pós-sináptico i com uma variação instantânea no tempo t de:

$$-\frac{J_q}{N} y_l^{(j)} (V_l^{(i)} - V_{rev}) \quad (2.20)$$

onde $y_l^{(j)}$ é a proporção de canais sinápticos abertos do neurônio j , $J_q \geq 0$ é uma constante que representa a condutância química da rede e V_{rev} é o potencial de referência. O fator $\frac{1}{N}$ indica a contribuição de cada sinapse ao neurônio i com um mesmo peso.

De outra maneira, dois neurônios i e j podem se conectar diretamente através de uma junção, possibilitando a transferência direta de íons como resultado da diferença de seus potenciais. Assim a representação matemática deste evento é:

$$-\frac{J_{ij}^E}{N} (V_s^{(i)} - V_s^{(j)}) \quad (2.21)$$

em que $J_{ij}^E \geq 0$ é a condutância elétrica entre os neurônios i e j , e pode ser representada como a medida de interconectividade da rede, por fim, o fator $\frac{1}{N}$ tem razões similares que na Eq. (2.20). A Eq. (2.21) será acrescentada em todos os modelos de dinâmica neural estudados neste trabalho, pois ela representa o termo de acoplamento entre os osciladores i e j , levando-os a sincronização.

O fenômeno foi inicialmente descoberto por Fujisaka (Fujisaka e Yamada, 1983), em sequência o trabalho de Pecora (Pecora e Carroll, 1990) despertou interesses neste tópico (Pikovsky et al., 2003). A sincronização ocorre entre dois sistemas caóticos utilizando um acoplamento linear entre as variáveis de ambos os sistemas, ou seja, de uma forma simplista:

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 &= F(x_1) + K\gamma_{2,1}(x_2 - x_1) \\ \dot{x}_2 &= F(x_2) + K\gamma_{1,2}(x_1 - x_2)\end{aligned}\tag{2.22}$$

em que x_2 influencia a dinâmica de x_1 , assim como esta perturba a outra, caso $\gamma_{1,2}$ e $\gamma_{2,1}$ sejam iguais a 1, indicando que o oscilador 1 está acoplado a 2, e vice-versa. Rosenblum (Rosenblum, Pikovsky e Kurths, 1996) mostrou que o acoplamento dentre dois sistemas caóticos pode levar a sincronização por fases e, Caraballo (Caraballo e Kloeden, 2005) mostrou a ocorrência de sincronização em um sistema dinâmico estocástico. Na dinâmica do modelo de Bossy (Bossy, Fontbona e Olivero, 2019) o termo que representa o acoplamento linear entre os osciladores é o que representa a sinapse elétrica:

$$-\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_E \gamma_{j,i} (V_s^{(i)} - V_s^{(j)}) \rightarrow \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_E \gamma_{j,i} (V_s^{(j)} - V_s^{(i)}) = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N K \gamma_{j,i} (X_s^{(j)} - X_s^{(i)})\tag{2.23}$$

onde

$$\gamma_{j,i} = \begin{cases} 1, & \text{se } j \text{ está acoplado a } i, \\ 0, & \text{caso contrário,} \end{cases}\tag{2.24}$$

em que $X_s^{(i)}$ indica o oscilador i no instante s acoplado aos N osciladores $X_s^{(j)}$ com uma força de acoplamento K . Portanto, a intensidade de acoplamento entre os osciladores deve-se a condutância elétrica J_E , e biologicamente faz sentido, pois quanto maior a condutância, maior a influência da diferença das voltagens dos N neurônios eletricamente conectados ao neurônio i , conseqüentemente maior a perturbação na voltagem e, portanto, maior a probabilidade da propagação dos disparos neurais num mesmo instante de tempo.

Desta forma, o modelo é descrito por um conjunto de N processos estocásticos $X = (X^{(1)}, \dots, X^{(N)})$ avaliados em $(\mathbb{R}^5)^N$, cujas coordenadas são $X_t^{(i)} = (V_t^{(i)}, m_t^{(i)}, n_t^{(i)}, h_t^{(i)}, y_t^{(i)})$, em que $i = 1, \dots, N$ e $t \geq 0$. Assim a evolução temporal do modelo de equações diferenciais estocásticas é:

$$\begin{aligned} V_t^{(i)} = & V_0^{(i)} + \int_0^t F(V_s^{(i)}, m_s^{(i)}, n_s^{(i)}, h_s^{(i)}, y_s^{(i)}) ds - \int_0^t \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_E(V_s^{(i)} - V_s^{(j)}) ds \\ & - \int_0^t \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_q y_s^{(j)} (V_s^{(i)} - V_{rev}) ds \end{aligned} \quad (2.25)$$

$$x_t^{(i)} = x_0^{(i)} + \int_0^t (\alpha_x(V_s^{(i)})(1 - x_s^{(i)}) - \beta_x(V_s^{(i)})x_s^{(i)}) ds + \int_0^t \sigma_x(V_s^{(i)}, x_s^{(i)}) dW_s^{x,i} \quad (2.26)$$

onde $(W^{x,i} : i \in \mathbb{N}, x = m, n, h, y)$ são variáveis brownianas unidimensionais independentes de X_0 , e a função F é definida pela Eq.(2.16). Para $x = m, n, h$ e y , as funções $\sigma_x : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$ são definidas por:

$$\sigma_x(v, z) = \sigma \sqrt{|\alpha_x(v)(1 - z) + \beta_x(v)z|} \chi(z) \quad (2.27)$$

com $\chi : \mathbb{R} \rightarrow [0, 1]$ uma função contínua de Lipschitz e $\sigma \geq 0$. As variáveis de proporção de canais $(m_0^{(i)}, n_0^{(i)}, h_0^{(i)}, y_0^{(i)}) \in [0, 1]^4$, assumem para parâmetros $\alpha_r^x, \alpha_d^x > 0$, funções da forma

$$\alpha_x(V) = \frac{\alpha_r^x(V - V_r^x)}{1 - \exp(-\lambda_r^x(V - V_r^x))}, \quad \beta_x = \alpha_d^x \exp(-\lambda_d^x(V - V_d^x)) \quad (2.28)$$

para $x = m, n$, e para h

$$\alpha_h(V) = \alpha_r^h \exp(-\lambda_r^h(V - V_r^h)), \quad \beta_h(V) = \frac{\alpha_d^h}{1 + \exp(-\lambda_d^h(V - V_d^h))} \quad (2.29)$$

como considerado no modelo original (Hodgkin e Huxley, 1952), assim como funções

$$\alpha_y(V) = \frac{\alpha_r^y T_{max}}{1 + \exp(-\lambda(V - V_T))}, \quad \beta_y(V) = \alpha_d^y \quad (2.30)$$

associadas aos canais sinápticos.

Nas simulações numéricas $\chi(z)$ é definido como:

$$\chi(z) = \begin{cases} 0.1 \exp\left(\frac{-0.5}{1 - (2z - 1)^2}\right) & z \in (0, 1) \\ 0 & z \notin (0, 1), \end{cases} \quad (2.31)$$

e as funções das taxas de probabilidade estão presentes na Tabela 2, e suas dinâmicas seguem similares a das Eqs.(2.17), (2.18) e (2.19).

Tabela 2 – Taxas de probabilidade para as dinâmicas dos canais

Canal	$\alpha_x(V)$	$\beta_x(V)$
Canais de Ativação do Sódio (Na) - m	$\frac{0,1(25-V)}{\exp\left(\frac{25-V}{10}\right) - 1}$	$4\exp\left(-\frac{V}{18}\right)$
Canais de Desativação do Sódio (Na) - h	$0,07\exp\left(-\frac{V}{20}\right)$	$\frac{1}{1 + \exp\left(\frac{30-V}{10}\right)}$
Canais de Ativação do Potássio (K) - n	$\frac{0,01(10-V)}{\exp\left(\frac{10-V}{10}\right) - 1}$	$0,125\exp\left(-\frac{V}{80}\right)$
Canais de Neurotransmissores - y	$\frac{5}{1 + \exp(-0,2(V-2,0))}$	0,18

2.2.2 Modelo Estocástico de Hindmarsh-Rose

O modelo de Hindmarsh e Rose sobre a atividade neural concentra-se em investigar o comportamento de *spiking-bursting* (explosões de picos) do potencial de membrana em experimentos realizados em neurônios cerebrais do caracol *Lymnaea*. O modelo é representado por três equações diferenciais não-lineares em que as três variáveis dinâmicas, $x_i(t)$, $y_i(t)$ e $z_i(t)$ do neurônio i representam respectivamente o potencial da membrana, a taxa de transporte rápida dos íons através dos canais e a taxa de transporte lenta dos íons. As equações são representadas a seguir:

$$\frac{dx_i}{dt} = y_i - ax_i^3 + bx_i^2 + I - z_i + \sigma x_i dw - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_{ij}^E (x_i - x_j) \quad (2.32)$$

$$\frac{dy_i}{dt} = c - dx_i^2 - y_i \quad (2.33)$$

$$\frac{dz_i}{dt} = r(s(x_i - x_r) - z_i) \quad (2.34)$$

onde $\sigma x_i dw$ é o termo para adicionar estocasticidade ao modelo original, em que σ é uma constante e dw é um processo de Wiener. Em sequência, o segundo termo adicionado representa o mesmo conceito que a Eq. (2.21), uma sinapse elétrica entre os neurônios i e j e que causa o fenômeno de sincronização entre os osciladores. O modelo original apresenta oito parâmetros: a , b , c , d , r , s , x_r e I . Este último representa a corrente externa que estimula o neurônio, normalmente é o parâmetro utilizado para controlar

o comportamento da atividade neural. Os cinco primeiros parâmetros, a , b , c , d e r controlam os termos cúbicos e quadráticos do modelo, sendo que a , b , c e d controlam a variável do canal rápido e d controla o canal lento. Os últimos parâmetros, x_r e s , normalmente são fixos como no modelo original.

2.2.3 Modelo Integra-e-Dispara Estocástico

A dinâmica neural pode ser interpretada como um processo de soma, ou seja, um neurônio i pode receber estímulos de um neurônio j , ou de um conjunto de neurônios pré-sinápticos em conjunto com um processo de disparo quando esta soma de estímulos alcança um valor limite. Portanto, se uma tensão $u_i(t)$ do neurônio i (que contém a soma de todos estímulos) alcança um determinado valor ϑ , então o neurônio i dispara um pico e este momento de disparo é conhecido como $t_i^{(f)}$.

Sem a presença de qualquer estímulo, o potencial se encontra em seu estado de repouso u_{rest} , agora, se o neurônio receber o estímulo de uma corrente $I(t)$ ou de estímulos de neurônios pré-sinápticos, o potencial u_i será deslocado de seu potencial de descanso, e uma maneira de equacionar a relação da corrente com esta mudança na tensão é utilizar as leis básicas da eletricidade.

Como descrito no modelo de Hodgkin-Huxley, quando uma corrente é injetada na membrana da célula, esta corrente deve ir para algum lugar, portanto ela é distribuída em duas formas de correntes. A primeira é a corrente do capacitor, pois a membrana da célula age como tal ao carregar os íons, a outra corrente se refere a resistência da própria membrana como apresentado na Figura 8.

Desta forma, a corrente total é dada pela soma da componente resistiva e a capacitiva:

$$I(t) = I_R + I_C \quad (2.35)$$

A corrente capacitiva já foi descrita no modelo de Hodgkin-Huxley, já a resistiva, pela lei de Ohm é a razão da tensão entre dois pontos e a resistência entre eles, e esta tensão é a diferença entre o potencial elétrico $u_i(t)$ e o de descanso, portanto:

$$I(t) = \frac{u(t) - u_{rest}}{R} + C \frac{du}{dt} \quad (2.36)$$

Fonte: baseado em Gerstner e Kistler, 2002

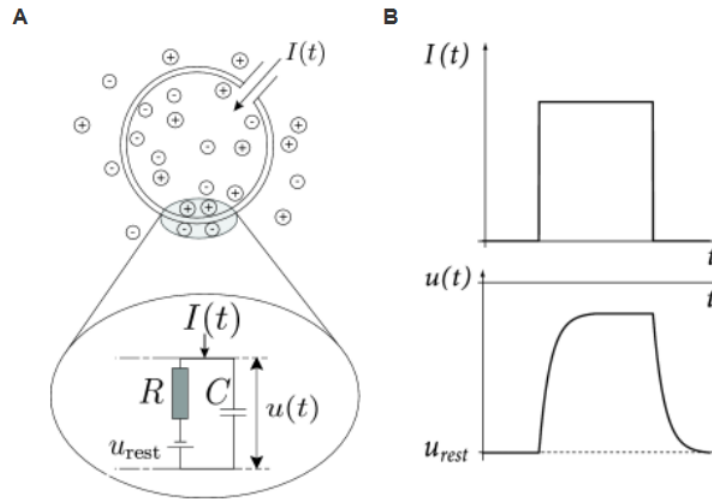


Figura 8 – Propriedades elétricas do neurônio. (A) Uma membrana celular recebe uma corrente $I(t)$ que aumenta as cargas elétricas no interior da célula, assim a membrana age como um capacitor em paralelo com um resistor de potencial u_{rest} . (B) A membrana celular reage a corrente injetada.

multiplicando todos os termos pela resistência R , e introduzindo o conceito do tempo constante da membrana para carregar-se de cargas elétricas ($\tau = RC$), então finalmente teremos o sistema dinâmico que é uma equação diferencial linear e um modelo específico do Integra e Dispara conhecido como Fuga Integra e Dispara (*Leaky Integrate and Fire*) juntamente com o incremento estocástico e o termo de acoplamento:

$$\frac{du_i}{dt} = \frac{-(u_i(t) - u_{rest}) + RI(t)}{\tau} + \sigma u_i dw - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_{ij}^E (u_i - u_j) \quad (2.37)$$

Mas quando u_i for igual ao potencial limite u_{limit} , então o seu valor é redefinido para u_{rest} :

$$u_i = u_{rest}, \text{ Se } u_i = u_{limit} \quad (2.38)$$

2.2.4 Modelo de Rulkov

Rulkov apresentou um modelo neural que replicava as dinâmicas de picos (*spikes*) e de explosões de picos (*spiking-bursts*) de neurônios reais (Rulkov, 2002). O modelo

é um mapa bidimensional, ou seja, é um modelo discreto (mapa) em que a atualização de um estado para o outro ocorre a cada tempo discreto ao invés do uso de Equações Diferenciais Ordinárias que são de tempo contínuo; e bidimensional, pois contém uma variável rápida na mudança de estados e outra que é lenta.

Rulkov desenvolveu três variantes deste modelo, e de acordo com o trabalho de Ibarz (Ibarz, Casado e Sanjuán, 2011), ele se refere as variantes como *Modelo de Rulkov Não-Caótico* (Rulkov, 2002), *Modelo de Rulkov Supercritico* (Shilnikov e Rulkov, 2004) e *Modelo de Rulkov Caótico* (Rulkov, 2001).

As três variantes possuem os mesmos formatos de equações da variável rápida ($x_i(n)$) e da variável lenta ($y_i(n)$), o termo que modifica é a função $F(x_i, y_i)$. As funções das variáveis com a inclusão do termo de acoplamento são descritas a seguir:

$$x_i(n+1) = F[x_i(n), y_i(n) + I] - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_{ij}^E (x_i - x_j), \quad (2.39)$$

$$y_i(n+1) = y_i(n) - \mu[x_i(n) - \sigma], \quad (2.40)$$

em que n é o tempo discreto, I é uma corrente elétrica externa, o parâmetro $0 < \mu \ll 1$ controla a velocidade de crescimento da variável $y_i(n)$, por esta razão que ela é lenta; e o parâmetro σ descreve influências externas aplicadas ao mapa, como a corrente I , inclusive, ele pode ser utilizado como parâmetro de controle para selecionar comportamentos da variável x_i . Por fim, para as variantes não-caóticas e supercríticas a função $F(x_i, y_i)$ é não-linear e descontínua que descreve o comportamento de explosões de picos, já no modelo caótico, o qual será utilizado neste trabalho, a função $F(x_i, y_i)$ é representada por uma função contínua e não-linear a qual está apresentada a seguir:

$$F[x_i(n), y_i(n) + I] = \frac{\alpha}{1 + x_i(n)^2} + y_i(n) + I \quad (2.41)$$

em que o papel de α é análogo ao parâmetro c do modelo de Izhikevich, no sentido de que determina a posição do potencial de descanso.

2.2.5 Modelo de Izhikevich

Um modelo neural é apresentado por Izhikevich que reproduz comportamentos de picos e explosões dos tipos conhecidos de neurônios corticais (Izhikevich, 2003). O

modelo combina a plausibilidade biológica da dinâmica de Hodgkin-Huxley e a eficiência computacional dos neurônios do tipo Integra-e-Dispara. A análise matemática do modelo pode ser encontrada na monografia de Izhikevich, onde, por intermédio da teoria da bifurcação e suas metodologias, Izhikevich pôde reduzir diversos modelos neurais do tipo Hodgkin-Huxley que são biofisicamente precisos para um sistema bidimensional de equações diferenciais. Em 2004, Izhikevich pôde reduzir o modelo para um mapa discreto utilizando o método de Euler (Izhikevich e Hoppensteadt, 2004). Desta forma, as equações serão descritas seguir, sendo incluído o termo de acoplamento:

$$v_{i+1} = 0,04v_i^2 + 5v_i + 140 - u_i + I - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_{ij}^E (v_i - v_j) \quad (2.42)$$

$$u_{i+1} = a(bv_i - u_i), \quad (2.43)$$

e com um termo auxiliar de restabelecimento após o pico como no modelo de Integra-e-Dispara:

$$\text{se } v_i \geq 30 \text{ mV, então } \begin{cases} v_i \leftarrow c \\ u_i \leftarrow u_i + d \end{cases} \quad (2.44)$$

em que v e u são variáveis adimensionais; e a , b , c e d são parâmetros adimensionais, enquanto que t representa o tempo. A variável v é o potencial da membrana do neurônio e u representa uma variável de recuperação da membrana, o que responde pela ativação das correntes iônicas K^+ e inativação das do Na^+ , e ainda fornece um *feedback* negativo a v . Após o potencial da membrana alcançar o valor de pico (30 mV), ambas as variáveis são redefinidas de acordo com a Eq. (2.44). Correntes sinápticas ou uma fonte DC ou AC são representadas pela corrente injetada I .

2.2.6 Modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin

Recentemente, foi desenvolvido um modelo neural que possui similaridades com o caótico de Rulkov (Courbage, Nekorkin e Vdovin, 2007). A dinâmica da variável lenta é a mesma em ambos os mapas, o que diferencia no entanto é na variável rápida, em que ao invés de utilizar um mapa unimodal (Hussein e Abed, 2012), utiliza-se um mapa do tipo Lorenz (Afraimovich e Hsu, 2003). As equações do modelo são descritas a seguir

com o termo de acoplamento:

$$x_{i+1} = x_i + F(x_i) - y_i - \beta H(x_i - d) - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N J_{ij}^E(x_i - x_j) \quad (2.45)$$

$$y_{i+1} = y_i + \varepsilon(x_i - J) \quad (2.46)$$

em que a variável x descreve a evolução temporal do potencial da membrana do neurônio, enquanto que a variável y é a de recuperação. As funções $F(x)$ e $H(x-d)$ possuem o formato:

$$F(x_i) = \begin{cases} -m_0 x_i, & \text{se } x \leq J_{min} \\ m_1(x_i - a), & \text{se } J_{min} < x_i < J_{max} \\ -m_0(x_i - 1), & \text{se } x_i \geq J_{max} \end{cases} \quad (2.47)$$

$$H(x_i) = \begin{cases} 1, & \text{se } x_i \geq 0 \\ 0, & \text{se } x_i < 0 \end{cases} \quad (2.48)$$

onde,

$$J_{min} = \frac{am_1}{m_0 + m_1}, \quad J_{max} = \frac{m_0 + am_1}{m_0 + m_1}, \quad m_0, m_1 > 0 \quad (2.49)$$

O parâmetro ε ($\varepsilon > 0$) descreve a escala temporal da variável de recuperação, o parâmetro J é um estímulo externo constante; os parâmetros β ($\beta > 0$) e d ($d > 0$) controlam a propriedade do valor limiar das oscilações explosivas. Neste modelo a função $F(x)$ é linear e descontínua.

2.3 Sincronização

No início do século XVII, o pesquisador alemão Christiaan Huygens, famoso por seus estudos em óptica e no desenvolvimento de telescópios, provavelmente foi o primeiro a observar e descrever o fenômeno de sincronização. Ele descobriu que um par de relógios de pêndulo presos em um suporte em comum tinham sincronizado, isto é, as suas oscilações coincidiram perfeitamente e os pêndulos moviam-se sempre no sentido oposto um ao outro, de forma que a diferença de suas fases era de 180 graus.

Este fenômeno é descrito como um "ajustamento dos ritmos de objetos oscilantes devido as suas fracas interações", desta maneira nos aprofundaremos numa perspectiva

teórica sobre a sincronização, partindo do exemplo de um relógio (Pikovsky et al., 2003).

2.3.1 Osciladores Auto-sustentáveis: Um modelo de objetos oscilantes naturais

Inicialmente discutiremos como um relógio funciona. Basicamente, a energia potencial do peso levantado (compressão de uma corda, ou energia elétrica) é transformada no movimento oscilatório do pêndulo. Por sua vez, esta oscilação é transferida para os ponteiros do relógio como mostrado na Figura 9.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

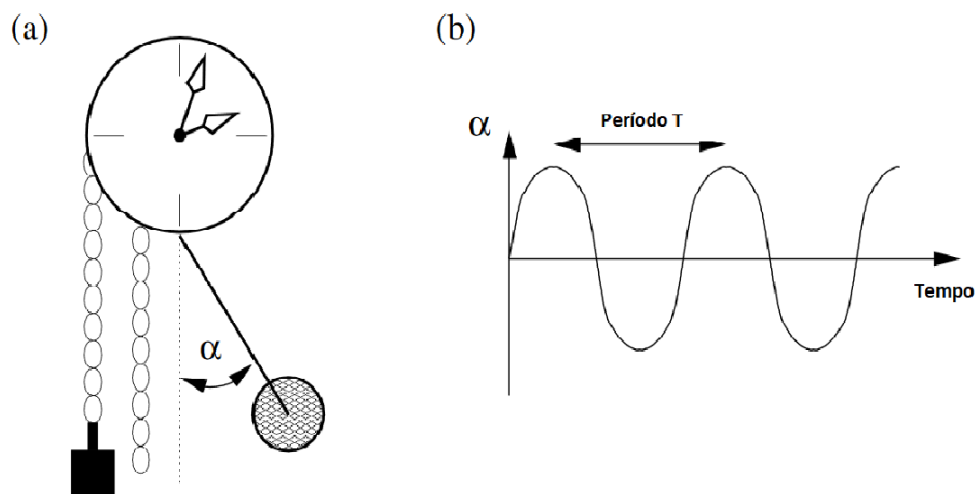


Figura 9 – (a) O relógio é um oscilador auto-sustentável, pois transforma a energia potencial num movimento oscilatório, que por sua vez rotaciona os ponteiros. (b) O movimento do pendulo é periódico, ou seja, o ângulo α em relação ao eixo vertical, varia no tempo com um período T.

O interesse não é o mecanismo particular do relógio, mas as suas propriedades. O movimento oscilatório acontece devido a uma fonte de energia e continua até o momento que esta fonte esgotar. Além desta propriedade, outra de grande importância é que o formato do movimento oscilatório é determinado somente por parâmetros internos ao relógio e não de como o pêndulo foi colocado em movimento. Além disso, se o pêndulo

sofrer uma leve perturbação, após um tempo transiente, ele retorna ao seu ritmo interno.

Estas características pertencem a osciladores de diversas naturezas e não somente a relógios, e são elas que definem um oscilador auto-sustentável, o que detalhadamente são:

- Um oscilador auto-sustentável contém uma fonte de energia interna que é transformada em movimento oscilatório. Sendo isolado, ele permanece gerando o mesmo ritmo, até que a fonte de energia é cessada.
- A forma da oscilação depende totalmente dos parâmetros do sistema que gera o movimento oscilatório. A maneira com que o sistema é inicializado não importa, pois após um tempo transiente, o movimento retorna ao movimento estável.
- A oscilação é estável mesmo com pequenas perturbações, isso significa que após um processo transiente a esta perturbação, a oscilação retorna ao seu formato original.

2.3.2 Ritmo: Período e Frequência

Os osciladores auto-sustentáveis apresentam formatos diferentes de ritmos. Podem ter uma sequência de pulsos curtos, como apresentados pelos potenciais de ação gerados por neurônios biológicos. Para quantificar as propriedades do período e da frequência, analisaremos o exemplo do relógio. Como o movimento é oscilatório, ele se repete em um determinado tempo, o qual é chamado de **Período T**.

Esta repetição é denominada como a **frequência cíclica** com que aquele movimento ocorre, ou seja, o número de ciclos oscilatórios por tempo T, definido pela Eq. (2.50):

$$f = \frac{1}{T} \quad (2.50)$$

No tratamento teórico da sincronização, muito comumente é utilizada a **frequência angular**, $\omega = 2\pi f = 2\pi/T$. Para facilitar será omitido o termo "angular".

2.3.3 Fase e Amplitude

A *fase* é uma propriedade tanto das trajetórias senoidais quanto dos movimentos de relaxação, por exemplo os potenciais de ação gerados pelos neurônios. Esta propriedade surge pois estes movimentos são periódicos, de modo que em algum momento um valor $x(t)$ irá se repetir num tempo futuro. No caso do período do movimento senoidal, podemos representá-lo como um círculo em coordenadas polares pela Figura 10.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

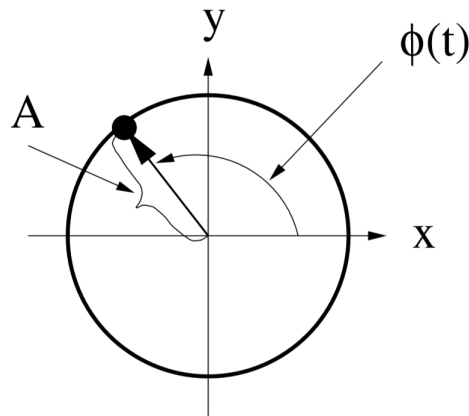


Figura 10 – Um oscilador auto-sustentável estacionário é representado pelo movimento rotacional da fase ao longo do círculo, em coordenadas polares, o movimento é descrito através da amplitude A e da fase $\phi(t)$.

A amplitude A representa a intensidade do movimento senoidal, no caso do relógio a amplitude é o ângulo α , enquanto a fase é uma entidade angular, que no caso do relógio complementa o movimento periódico, e que pode ser encontrada na equação senoidal:

$$x(t) = A \sin(\phi_0 + \omega_0 t) \quad (2.51)$$

Assim, a fase é dada por:

$$\phi(t) = \phi_0 + \omega_0 t \quad (2.52)$$

A Eq.(2.52) representa o ângulo da partícula em preto na posição temporal t , ou seja, ela parte de um ângulo inicial ϕ_0 e adiciona o ângulo deslocado após um tempo t por velocidade angular ω_0 .

2.3.4 Acoplamento de Objetos Oscilatórios

Vamos agora analisar a situação em que há dois relógios, sejam eles do mesmo tipo e produzidos pelo mesmo fabricante, apesar de aparentarem serem idênticos, eles não são, pois algum parâmetro mecânico, por mais tênue que ele seja, irá causar uma discrepância nos períodos oscilatórios. Desta forma, ambos os relógios apresentarão diferentes tempos e se observarmos a trajetória oscilatória, num determinado instante de tempo, as posições das trajetórias serão diferentes, como mostrado na Figura 11.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

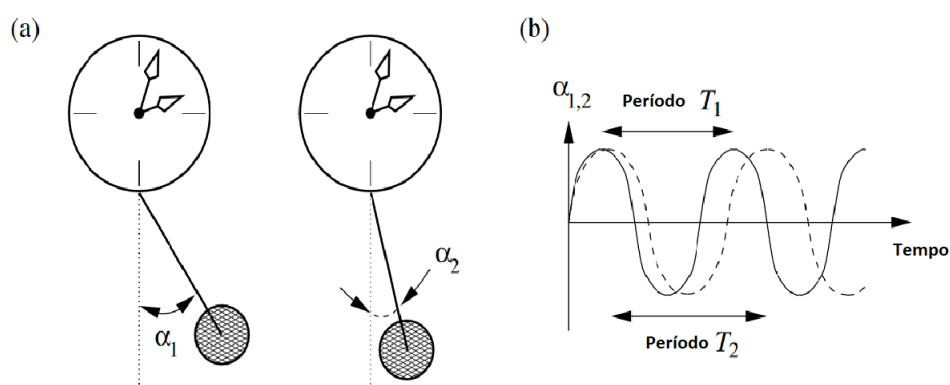


Figura 11 – Dois relógios de pêndulo similares. (a) Ambos diferem entre si por conta de algum parâmetro minucioso que torna ambos os períodos levemente diferentes ($T_2 > T_1$). (b) Assim sendo, se observarmos as trajetórias num instante de tempo, as trajetórias serão diferentes ($\alpha_1 \neq \alpha_2$).

Agora, vamos considerar o caso em que ambos os relógios estão se interagindo fracamente; há diversas formas possíveis de interação, ou *acoplamento*, entre estes osciladores. Um destes casos será o de dois relógios fixos por um suporte que é compartilhado entre os relógios. Esta barra não é totalmente rígida, como será explicado mais adiante. Este esquema está exemplificado na Figura 12, um exemplo como o original feito por Huygens.

Esta barra pode vibrar levemente, isto implica que um relógio transmite movimento a outro, já que um sente a vibração da barra causada pelo movimento do outro.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

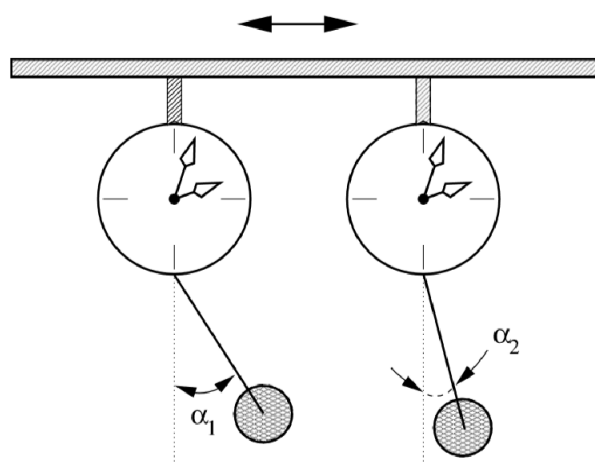


Figura 12 – Dois osciladores presos a um suporte não rígido. Porém, a barra pode vibrar levemente (como indicado pela flecha de duplo sentido), de modo que um relógio pode sentir a vibração do outro.

Assim os relógios interagem pela vibração do suporte em comum. Apesar de ser uma interação muito fraca, ela influencia nos ritmos de ambos os relógios.

2.3.5 Ajuste de Ritmos: Travamento da Frequência e da Fase

A aplicação de uma interação fraca entre dois relógios é capaz de sincronizá-los, isto é, se separadamente dois relógios apresentam períodos de oscilação diferentes, ou seja, frequências diferentes (f_1 e f_2), ao serem acoplados, eles ajustam os seus ritmos e passam a oscilar com um mesmo período e uma mesma frequência. Este fenômeno é conhecido como *travamento de frequência*; esta sincronização, contudo, depende de dois fatores.

1. Força de Acoplamento descreve o quão fraca ou forte é a interação entre os relógios, experimentalmente não é uma entidade fácil de ser medida. Contudo, para o caso dos relógios presos em uma barra como suporte, podemos supor que a força de acoplamento é zero para o caso em que a barra é rígida, pois não há propagação da vibração de um relógio ao outro, de forma que não há influência entre eles através

do suporte, porém, para o caso da barra não-rígida, há uma propagação da vibração e portanto há interação entre os movimentos dos relógios, implicando que há uma força de acoplamento; assim, de forma hipotética, a rigidez da barra influencia no acoplamento dos relógios.

2. Desajuste de frequências representa a diferença de frequências de osciladores não-acoplados, quantificado por:

$$\Delta f = f_1 - f_2 \quad (2.53)$$

esta propriedade, no entanto, pode ser facilmente medida e modificada, em contraste com a força de acoplamento. Um exemplo simples é o caso dos relógios mecânicos, quando estes estão a frente do tempo exato, ou atrás, os relógios possuem um mecanismo que diminuem ou aumentam o comprimento do pêndulo, e de acordo com a teoria física do pêndulo simples, a variação do comprimento da corda, varia o período T e o ângulo α ; este processo, por conveniência, sob a perspectiva de um sistema de coordenadas polares, pode ser representado como a Figura 13.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

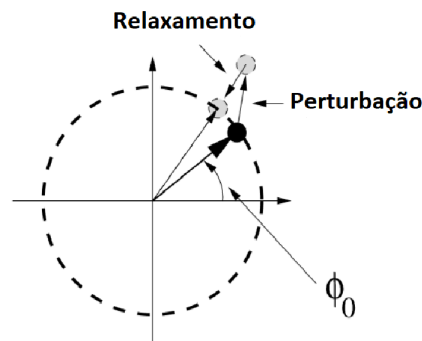


Figura 13 – No sistema de coordenadas polares, o oscilador estacionário é representado pela bolinha escura (ponto de equilíbrio). Contudo, se houver uma perturbação, a bolinha sai do seu ponto de equilíbrio aumentando a amplitude e a fase, mas após um tempo transiente, a amplitude decai, voltando ao ponto de equilíbrio, no entanto a perturbação da fase se mantém.

Ou seja, o diminuir e aumentar no comprimento da corda influencia o ângulo α que é representado pela amplitude A na Figura 10, esta influência é uma perturbação

como mostrado na Figura 13, o ângulo logo retorna ao seu ponto de equilíbrio, mas a fase do movimento oscilatório não cresce nem decai, ela permanece no novo valor ϕ_1 após a perturbação, atrasando o oscilador no tempo, ou adiantando-o em relação a um segundo oscilador; assim é possível medir a diferença entre as frequências de ambos os relógios. Portanto, é possível analisar a interação entre os movimentos através da diferença das frequências, veremos isto através de um exemplo.

Inicialmente, vamos separar dois relógios um do outro, e medimos as suas frequências f_1 e f_2 quando ambos forem sujeitos a um movimento oscilatório, e assim medimos a diferença entre elas $\Delta f = f_1 - f_2$; após isto, medimos a diferença de suas frequências ($\Delta F = F_1 - F_2$), quando ambos os relógios estiverem acoplados a um suporte em comum. A ideia é realizar diversos experimentos para diversos valores de Δf para analisar a relação da diferenças das frequências do sistema não-acoplado com o sistema acoplado, a relação é mostrada na Figura 14.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

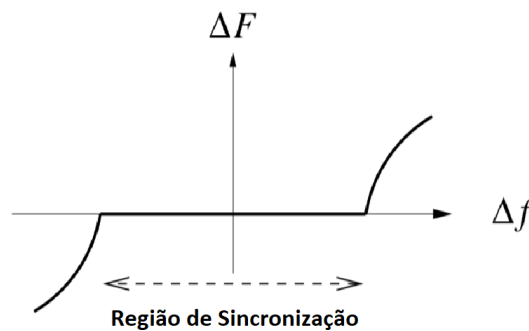


Figura 14 – Gráfico da diferença das frequências (ΔF) de dois sistemas acoplados sob uma força de interação em relação a diferença de frequências (Δf) de dois sistemas não-acoplados. O gráfico mostra que para um dado intervalo de Δf é possível analisar que ambos os sistemas acoplados possuem um movimento oscilatório idêntico ($\Delta F = 0$).

Esta relação é típica de sistemas de osciladores interagentes independente de sua natureza, seja ela mecânica, química, elétrica, etc. A sincronização, no entanto pode aparecer sob diversas formas. Dentre elas pode haver dois osciladores movendo-se quase

em fase, ou seja, um está a frente do outro em fase, de forma que um pêndulo de um relógio que estiver adiantado chega à esquerda primeiro que o segundo pêndulo, como apresentados na Figura 15(a).

Ainda, pode ser encontrada a sincronização por anti-fase, ou seja, no mesmo tempo que um pêndulo alcança o extremo esquerdo, o outro alcança o extremo direito, num movimento totalmente oposto, de forma que a diferença de fases de ambos seja $\approx \pi$ como na Figura 15(b). Este processo de sincronização é denominado de sincronização por anti-fase.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

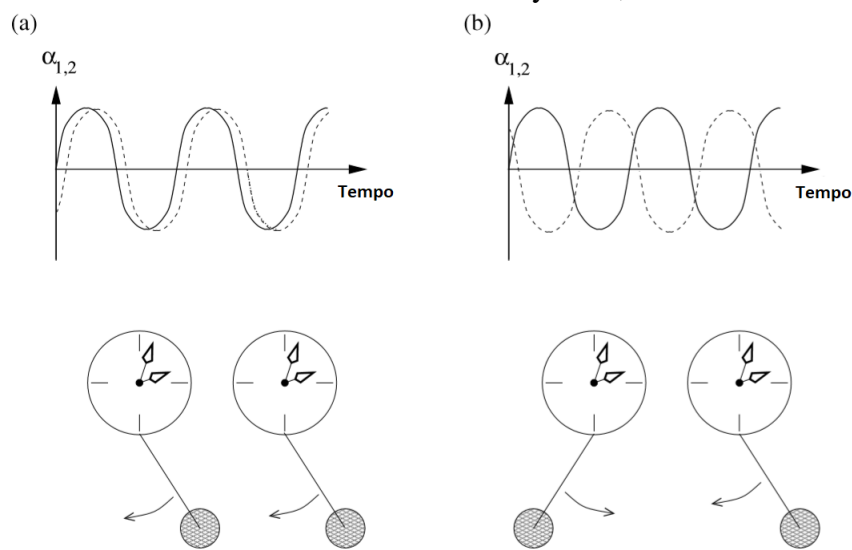


Figura 15 – Possíveis sincronizações de dois relógios quase idênticos: (a) No primeiro caso, os relógios estão sincronizados quase em fase, ou seja, $\phi_1 - \phi_2 \approx 0$. (b) Já no segundo caso, os osciladores estão sincronizados em anti-fase, ou seja, $\phi_1 - \phi_2 \approx \pi$.

Nós vimos que a fase é uma entidade angular que complementa o movimento oscilatório e para completar uma oscilação ela varia de 0 a 2π , contudo, há diversas oscilações durante uma evolução temporal de um processo periódico, portanto, a cada ciclo é acrescentado 2π à fase, como mostrado na Figura 16.

Assim, fase nos diz sobre o quão deslocada a trajetória está em relação ao tempo, mantendo o mesmo formato da função, ou seja, modificando a fase, a trajetória pode atrasar ou adiantar no tempo; contudo a sua vantagem decorre da diferença entre as fases

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

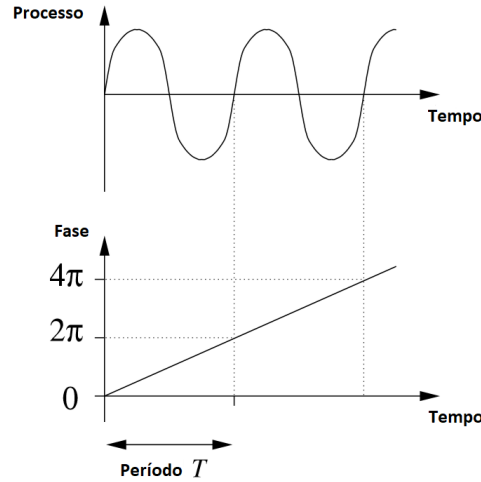


Figura 16 – A fase de uma oscilação periódica cresce uniformemente com o tempo, acrescentando 2π a cada período.

de dois osciladores. Como mostrado na Figura 15, se a diferença for quase nula, implica em movimentos extremamente próximos um ao outro, se for aproximadamente π então os movimentos estão em anti-fase, ou seja, um está adiantado em relação ao outro.

Esta diferença de fase pode ser visualizada na Figura 17, em que há um limiar para a sincronização, sendo ela o valor de 2π , abaixo deste limiar as fases nem crescem nem decrescem, mas ficam presas num mesmo ciclo, porém, além deste limiar a diferença de fases passa a crescer, como nos casos 3, 4 e 5, isso implica numa dessincronização de fases. No entanto a sincronização não necessariamente precisa possuir um limiar de 2π , basta as diferenças das fases estarem limitadas a um valor genérico C , portanto podemos generalizar a sincronização por fases:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} |\phi_i(t) - \phi_j(t)| < C \quad (2.54)$$

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

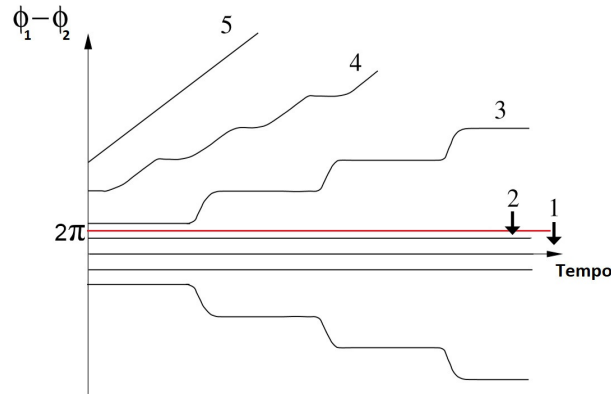


Figura 17 – Sincronização e dessincronização de duas trajetórias. As diferenças 1 e 2 estão sincronizadas, já as diferenças em 3, 4 e 5 crescem com o tempo e por isso dessincronizadas.

2.3.6 Sincronização Completa

Além da sincronização por fase, há ainda outras categorias, tais como as sincronizações em anti-fase, com atraso de fase, generalizada e a sincronização completa. Esta última classe pressupõe que as trajetórias oscilatórias de dois movimentos serão idênticas enquanto o tempo t tende para um tempo muito grande, isto pode ser facilmente analisado ao considerar a diferença entre as trajetórias, ou seja, no caso dos dois relógios presos a um suporte como o caso da Figura 12, suponha que eles sejam acoplados por uma força de tal forma que as trajetórias angulares deles sejam idênticas:

$$\alpha_1 = \alpha_2, \quad (2.55)$$

assim, se generalizarmos as trajetórias para qualquer situação:

$$x_i = x_j, \quad (2.56)$$

então aplicando a diferença por x_j em ambos os lados da igualdade e o módulo, obteremos:

$$|x_i - x_j| = 0 \quad (2.57)$$

A Sincronização Completa ocorrerá quando esta condição for verdadeira para tempos muito longos, ou seja:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} |x_i - x_j| = 0, \quad (2.58)$$

isto significa que as trajetórias serão idênticas a partir do instante que esta condição for verdadeira.

2.3.7 Osciladores de Relaxação

Nesta seção iremos tratar uma classe particular de osciladores auto-sustentáveis, conhecidos como osciladores de relaxação (Pol, 1926). Esta espécie de oscilador é conhecida por apresentar duas escalas de tempo em um período de oscilação, uma escala mais lenta e a outra mais rápida. A forma com que se apresenta o movimento oscilatório se difere muito do movimento senoidal, ao invés da forma de uma onda, ele se assemelha a de uma sequência de pulsos.

Iniciaremos a explicação dos osciladores de relaxação com um simples exemplo mecânico (Panovko e Gubanova, 1973) e apresentado pela Figura 18.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

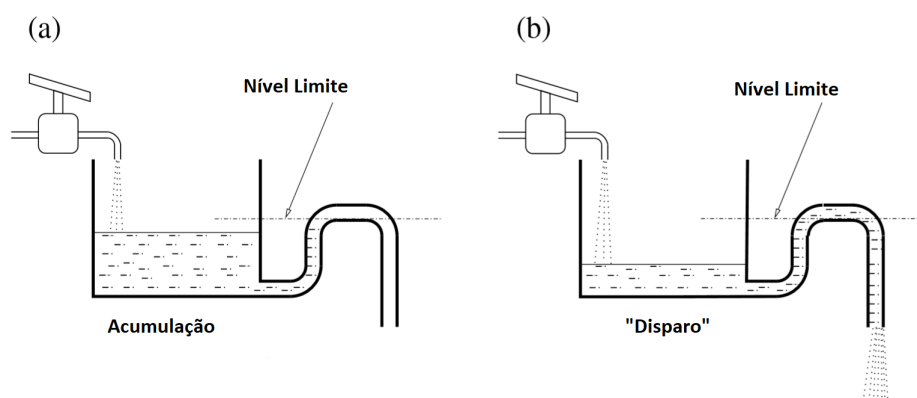


Figura 18 – Modelo mecânico de um oscilador de relaxação (integra-e-dispara). Na figura (a) o recipiente é preenchido pela água lentamente até alcançar o nível de limite. Este processo de acumulação é conhecido como "integração". Na parte (b) a água alcança este limite e escapa através de um conduto, esvaziando rapidamente o recipiente, ou seja, o oscilador "dispara".

Neste sistema um recipiente é lentamente preenchido por água, quando a água alcança uma altura limite, o recipiente é esvaziado rapidamente e então o processo recomeça num novo ciclo. A energia da bomba que fornece um constante suprimento de água é transformada em oscilações do nível de água no recipiente. Como em cada

ciclo, o processo de acumulação é lento e o de esvaziamento é muito rápido, este tipo de sistema é conhecido como o de *integra-e-dispara*. Se for analisado graficamente este processo do nível da água e de seu esvaziamento através do tempo, nós teremos o que está apresentado na Figura 19, onde os intervalos dos movimentos mais lentos e mais rápidos ocorrem.

Fonte: baseado em Pikovsky et al., 2003

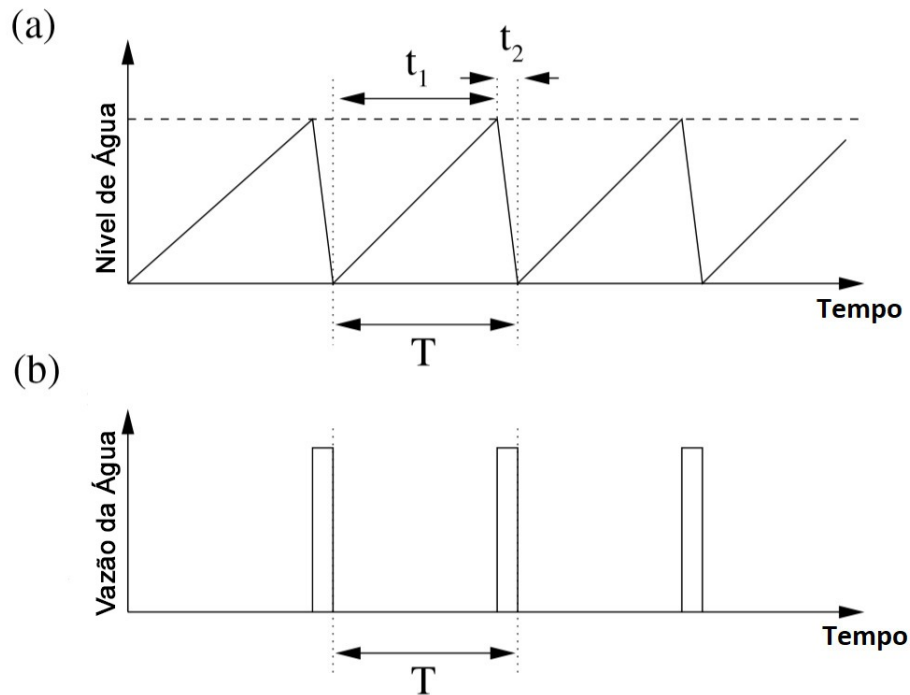


Figura 19 – Evolução temporal do oscilador mecânico de integra-e-dispara. Na figura (a) e t_1 é o tempo em que o nível da água se acumula lentamente, e em t_2 , ao alcançar o nível limite, o nível da água decresce rapidamente. Na figura (b) o pulso representa a quantidade de água que escapa pelo conduto.

O oscilador descrito acima é apenas um exemplo trivial, mas apresenta as características principais de sistemas reais. A maior característica dos osciladores de relaxação: o lento crescimento (linear ou não) de alguma quantidade e a mudança brusca no nível limite são encontrados em sistemas biológicos. Além do sistema descrito por van der Pol, os osciladores de relaxação são encontrados em disparos espontâneos dos neurônios como descrito na seção 2.2. Desta forma, conceitos de sincronização por fase serão utilizados

em osciladores baseados em modelos de dinâmica neural para representar a correlação temporal das atividades neurais como proposto por von der Malsburg (Malsburg, 1981).

2.4 Grafos e Complexos Simpliciais

O estudo sobre grafos é um ramo da matemática discreta chamada *Teoria dos Grafos* e o desenvolvimento dela advém desde 1736, quando Leonhard Euler encontrou a solução para o problema da ponte de Königsberg, o qual era encontrar um caminho tanto de ida quanto de volta pelas pontes da cidade prussiana de Königsberg exatamente uma vez (Boccaletti et al., 2006).

Segundo a teoria dos grafos, estas estruturas são compostas por um conjunto de vértices (ou nós) e o subconjunto dos pares de vértices, ou o conjunto de arestas. Tais objetos matemáticos são encontrados em diversas estruturas do mundo real. Exemplos de grafos são as relações comerciais, redes sociais ou mesmo as redes tecnológicas (internet). Os exemplos são inúmeros, porém o enfoque deste trabalho será a estrutura de conexões que compõem os nossos pensamentos e desejos, ou seja as redes neurais (Newman, 2003). Para um melhor entendimento, a seguir explana-se os conceitos formais sobre a teoria dos grafos as quais serão utilizadas para representar uma rede de neurônios (Bullmore e Sporns, 2009).

2.4.1 Grafos

Um grafo G é uma estrutura definida por um par de conjunto de vértices V e um conjunto de arestas E , sendo formalmente representado por $G = (V, E)$. O conjunto $V = \{v_1, v_2, \dots, v_N\}$ equivale aos elementos de uma determinada estrutura (p. ex. neurônios, computadores, páginas web, cidades, etc) sendo necessariamente não vazio ($V \neq \emptyset$), e o conjunto $E = \{e_1, e_2, \dots, e_M\}$ é composto de pares de elementos pertencentes a V ($e_k = \{(v_i, v_j) \mid v_i, v_j \in V\}$) que caracterizam alguma forma de conexão entre os vértices, como as sinapses entre os neurônios, referências entre páginas web, rodovias entre cidades, etc.

O subíndice N do conjunto V indica a ordem do grafo, ou seja a quantidade de vértices pertencentes a este, e no que se refere a quantidade de conexões entre os nós o subíndice M é quem retrata este valor. As formas de conexões indicam a categoria

do grafo, que podem ser diversas, no entanto na literatura (Boccaletti et al., 2006) normalmente são encontrados grafos do tipo *indireto*, *direto* e *indireto ponderados* como mostrados na Figura 20.

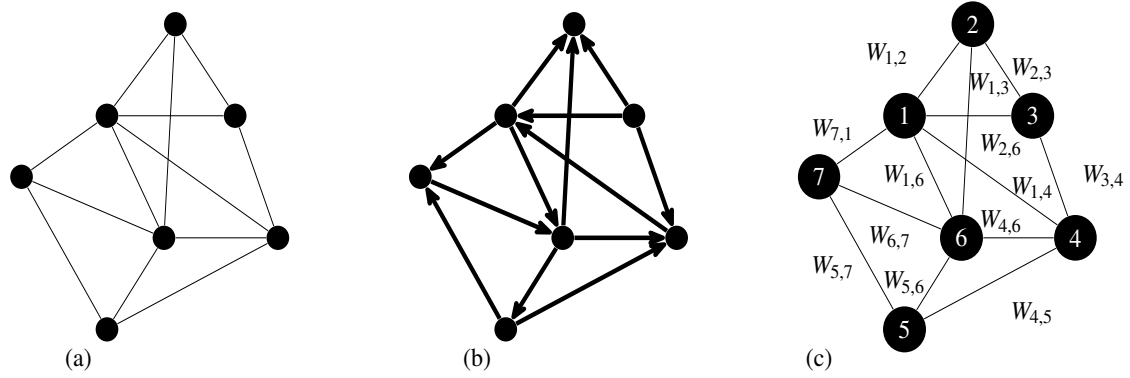


Figura 20 – Diferentes representações de Grafos, podendo ser indireto (a), direto (b) e ponderadamente indireto (c), em que $N = 7$ e $M = 13$ nas três representações. Contudo, em (a) as conexões $(v_i, v_j) = (v_j, v_i)$, ou seja não há nenhum sentido entre os nós, no entanto em (b) as conexões são direcionadas $(v_i, v_j) \neq (v_j, v_i)$ como indicado pelas flechas e por fim, em (c) as conexões $w_{i,j}$ são ponderadas, elas possuem um certo valor na conexão entre os vértices v_i e v_j como a distância entre cidades, ou o peso w entre conexões de redes neurais.

Uma forma de representar as conexões entre os vértices de um grafo é através de uma *matriz de adjacência*, a qual é uma matriz $\mathbf{A} = \{a_{ij} \mid a_{ij} \in \mathbb{R}^{N \times N}\}$. O valor que a_{ij} armazena depende muito da forma de conexão que os vértices possuem, por exemplo, para o caso em que a categoria de grafo é *indireta*, os valores de a_{ij} , em que i é o nó origem e j é o nó destino, é tal que:

$$A = \{a_{ij} = a_{ji} \mid a_{ij} \in \{0, 1\} \subset \mathbb{N}_0 \subset \mathbb{R}\} \quad (2.59)$$

Ou seja, não há sentido entre origem e destino $(i, j) = (j, i)$, porém na relação de conexão direcionada a interação possui um nó origem e um destino, desta maneira:

$$A = \{a_{ij} \neq a_{ji} \mid a_{ij} \in \{0, 1\} \subset \mathbb{N}_0 \subset \mathbb{R}\} \quad (2.60)$$

Por fim, para o caso em que o grafo é conectado indiretamente e ponderado, o valor pode representar uma probabilidade, ou uma distância ou a força de conexão entre um

neurônio artificial e outro, assim os valores podem pertencer aos reais:

$$A = \{a_{ij} = a_{ji} \mid a_{ij} \in \mathbb{R}\} \quad (2.61)$$

Existem ainda muitas outras formas de grafos, como um *grafo trivial* cujo conjunto de arestas E é vazio, e o *grafo completo* em que todos os vértices estão conectados entre si e a quantidade de relações é dada por:

$$M = \frac{N(N-1)}{2} \quad (2.62)$$

2.4.2 Simplexos e Complexos Simpliciais

Na área da matemática que estuda as estruturas geométricas, a topologia, o *simplex* é a generalização de um triângulo a outras dimensões. Um simplex 0-dimensional (Δ^0) é representado por um ponto $\{v_1\}$, enquanto que um simplex 1-dimensional (Δ^1) é a coleção de dois vértices $\{v_1, v_2\}$ interconectados por um segmento, consequentemente um triângulo é a coleção de três vértices, a mesma quantia de segmentos e uma face, como representado na Figura 21:

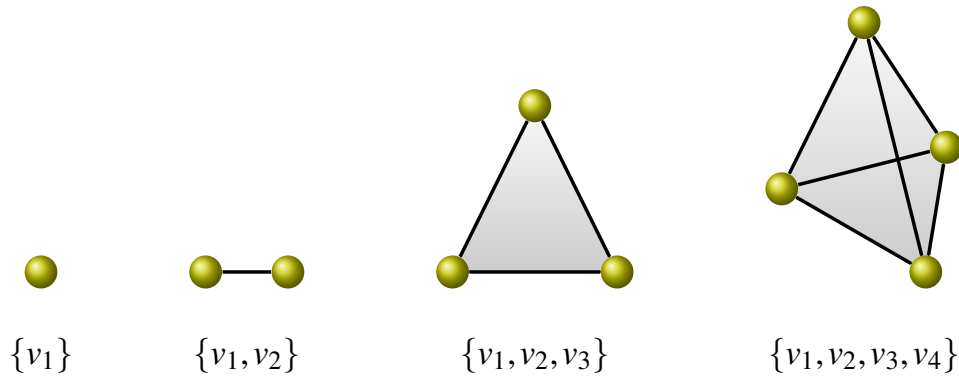


Figura 21 – Ilustração dos simplexos Δ^0 , Δ^1 , Δ^2 , e Δ^3 , em que eles representam um ponto, segmento, triângulo e um tetraedro respectivamente.

A definição de um simplex e suas faces, assim como a de um complexo podem ser encontradas em (Croom, 2012):

Definição 1. Seja $\{v_1, \dots, v_k\}$ um conjunto de pontos geometricamente independentes em $\mathbb{R}^N$. O simplex geométrico k -dimensional ou k -simplex, Δ^k , gerado por $\{v_1, \dots, v_k\}$

é o conjunto de todos os pontos x em $\mathbb{R}^N$ para os quais existem números reais não negativos $\lambda_0, \dots, \lambda_k$ tal que

$$x = \sum_{i=0}^k \lambda_i v_i, \quad \sum_{i=0}^k \lambda_i = 1$$

Os números $\lambda_0, \dots, \lambda_k$ são as coordenada baricêntricas do ponto x . Os pontos $v_1, \dots, v_k$ são os vértices de Δ^k . O conjunto de todos os pontos x em Δ^k com todas coordenadas baricêntricas positivas é chamado de k -simplex geométrico aberto gerado por $\{v_1, \dots, v_k\}$.

Definição 2. Um simplex Δ^k é uma face de um simplex Δ^n , $k \leq n$, significa que cada vértice de Δ^k é um vértice de Δ^n . As faces de Δ^n diferente do próprio Δ^n , são denominadas de faces apropriadas. Se Δ^n é o simplex com os vértices $v_1, \dots, v_n$, então devemos escrever

$$\Delta^n = \{v_1, \dots, v_n\}$$

Definição 3. Um complexo geométrico (ou complexo simplicial) é uma família finita K de simplexos geométricos que são adequadamente unidos e têm a propriedade de que cada face de um membro de K também é membro de K . A dimensão de K é o maior número inteiro positivo r de modo que K tenha um r -simplex. A união dos membros de K com a topologia do subespaço euclidiano é denotada por $|K|$ e é chamado portador geométrico de K ou poliedro associado a K .

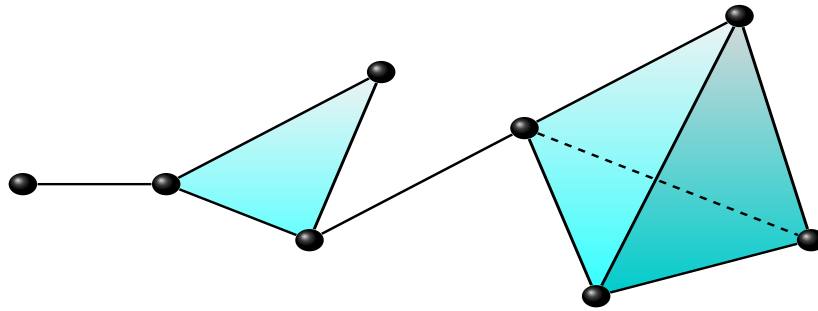


Figura 22 – Ilustração de um complexo simplicial. Esta estrutura é composta por oito Δ^0 simplexos (vértices em preto), 11 simplexos Δ^1 (segmentos que conectam os vértices), 5 simplexos Δ^2 (triângulos em ciano) e apenas um Δ^3 simplex que é o espaço limitado pelas faces do tetraedro.

Uma forma de construir um complexo simplicial n -dimensional em um conjunto de dados $\mathbb{X}$ em um espaço métrico $\mathbb{M}$ é através do *complexo de Čech*. Seja um conjunto

de bolas d -dimensionais $\mathbb{B}^d$ com raio $\alpha > 0$, tal que $|\mathbb{X}| = |\mathbb{B}^d|$, um complexo Čech, é um conjunto de vértices σ , tal que $\sigma \subseteq \mathbb{X}$ e $\cap_{x \in \sigma} B_x(\alpha) \neq \emptyset$. Basicamente todo ponto em um espaço d -dimensional, gera uma esfera de mesma dimensão com raio $\alpha > 0$ e a intersecção entre as esferas dos pontos i e j implica uma distância menor que 2α , de modo que $d(i, j) \leq 2\alpha$, como representado na Figura 23.

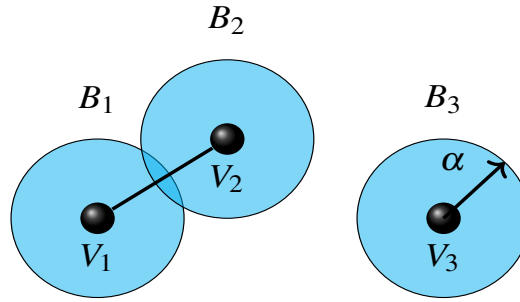


Figura 23 – Ilustração de três vértices V_1 , V_2 e V_3 gerando três bolas B_1 , B_2 , B_3 de raio α . As bolas B_1 e B_2 se interseccionam, portanto os vértices V_1 e V_2 se conectam, porém a bola B_3 não intersecciona com nenhuma outra bola, portanto não há nenhuma conexão.

2.5 Aprendizado de Máquina

O aprendizado de máquina é uma área científica que aborda o planejamento e desenvolvimento de métodos computacionais que utilizam a experiência para aperfeiçoar o desempenho ou para fazer previsões precisas (Mohri, Rostamizadeh e Talwalkar, 2018). A experiência abordada nesta definição se refere à informações disponíveis ao método de aprendizado, as quais normalmente assumem a forma de dados eletrônicos coletados e disponibilizados para análise.

O conjunto de aplicações é muito amplo, incluem a classificação de textos e documentos, processamento de linguagem natural, processamento de fala, visão computacional como detecção de objetos e reconhecimento facial, biologia computacional como predição da função da proteína ou análise da rede de genes e muitos outros como detecção de fraude para cartão de crédito, diagnóstico médico, controle não-assistido de veículos como carros e robôs. As aplicações são inúmeras e elas continuam a expandir.

Estas tarefas são compostas por numerosos comportamentos e considerar todas

as possibilidades baseadas nos dados torna a descrição por linguagem de programação muito difícil, desta maneira os algoritmos de aprendizado visam identificar padrões complexos de forma automática dentre um conjunto de dados.

Os algoritmos atuam na construção de um modelo geral do espaço de distribuição de probabilidade, gerado pelos dados de entrada do algoritmo. Desta maneira, o modelo deve ser capaz de desempenhar tarefas com precisão dados novos exemplos.

A construção do modelo depende da abordagem de aprendizado, ou seja, o processo de aprendizagem depende dos dados fornecidos. Por exemplo, com a presença de dados de entrada e saídas desejadas, o objetivo é construir um modelo que mapeia os exemplos de entradas às saídas. Os algoritmos desta classe utilizam a dedução para a concepção de uma função a partir dos dados de entrada. A dedução é uma análise que utiliza conhecimentos pré-existentes nas premissas para a formação de uma conclusão, desta maneira os dados de treinamento são compostos por pares de entradas e saídas desejadas, este processo de aprendizagem em conhecido como Aprendizado Supervisionado.

Oposta à esta situação, em que não há os valores dos dados de saída, existe uma classe de algoritmos que busca encontrar um padrão na distribuição dos dados de entrada em seu espaço amostral através de meios estatísticos. Esta classe é denominada de Aprendizado Não-Suervisionado. Além destes dois métodos, há uma conjunção entre amostras conhecidas e desconhecidas, em consequência o treinamento ocorre com a propagação do conhecimento para os elementos não-rotulados. Esta categoria é conhecida como Aprendizado Semi-Supervisionado (2.5.1), a qual será utilizada nesta dissertação e, portanto será descrita como mais detalhes a seguir.

2.5.1 Aprendizado Semi-Supervisionado

Esta classe de aprendizado encontra-se entre as categorias do aprendizado supervisionado e do aprendizado não-supervisionado. No primeiro, os algoritmos aprendem uma função a partir de um conjunto dos dados de entrada e suas respectivas saídas, as quais são rótulos que o modelo busca prever em novos dados após o treinamento. De outro modo, no aprendizado não-supervisionado os dados de entrada não possuem uma saída relacionada, desta maneira o objetivo é encontrar padrões na distribuição dos dados no espaço de atributos.

No decorrer dos anos os conjuntos de dados vem crescendo demasiadamente, e o

ato de rotular amostras torna-se muito caro, devido ao grande esforço e tempo aplicado dos humanos especialistas no conhecimento intrínseco à base de dados, portanto apenas uma fração das amostras é devidamente classificada. Desta forma, algoritmos de aprendizado semi-supervisionado são interessantes nestes casos, pois tais métodos combinam poucos elementos rotulados para propagar rótulos e classificar uma grande quantidade de amostras que não possuem rótulos (Xiaojin e Zoubin, 2002).

Diversos algoritmos de aprendizado semi-supervisionado dependem intrinsecamente da geometria dos dados inicialmente rotulados e não-rotulados para que possam aperfeiçoar métodos supervisionados que utilizam apenas as amostras rotulados. A geometria dos dados pode ser naturalmente representada por um grafo $G = (V, E)$, onde os vértices $V = \{v_1, v_2, \dots, v_N\}$ representam as amostras de treinamento e as arestas E retratam as similaridades entre os vértices. Estas similaridades são ponderadas sob uma *matriz de pesos* $\mathbf{W}$, tal que W_{ij} é um valor não nulo se x_i e x_j são "vizinhos", isto é, a aresta $\{v_i, v_j\}$ está em E e ponderada por W_{ij} .

A matriz de pesos $\mathbf{W}$ pode ser representada, por exemplo, pelo valor $W_{ij} = 1$ se x_i está entre os k vizinhos mais próximos da amostra x_j ou vice-versa, e $W_{ij} = 0$ caso contrário, portanto $\mathbf{W}$ seria representada por uma *matriz adjacente*. Outra forma de matriz de pesos é dada pelo kernel gaussiano de largura σ :

$$W_{ij} = e^{-\frac{\|x_i - x_j\|^2}{2\sigma^2}} \quad (2.63)$$

Geralmente, assume-se que W_{ij} é dado por uma função simétrica positiva W_x positivamente dependente do conjunto de dados $X = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ em que $W_{ij} = W_x \geq 0$.

Dado o grafo G , um método simples de aprendizado semi-supervisionado é a *propagação de rótulos* pelo grafo. Seja um conjunto de dados $X = \{x_1, x_2, \dots, x_l, x_{l+1}, \dots, x_N\}$ e um conjunto de rótulos $R = \{0, 1, 2, \dots, r\}$, a coleção das l primeiras amostras $x_i (i \leq l)$ possuem rótulos conhecidos $y_i \in R$, enquanto que o conjunto restante $x_u (l < u \leq N)$ possuem rótulos desconhecidos $y_u = \emptyset$. O objetivo é atribuir um rótulo r para cada amostra y_u não rotulada. Um algoritmo deste tipo é descrito pelo Algoritmo 1, em que têm-se os rótulos estimados, tanto nas amostras rotuladas quanto nas não-rotuladas denotados por $\hat{Y} = (\hat{Y}_l, \hat{Y}_u)$, onde $\hat{Y}$ pode diferir dos rótulos dados $Y_l = (y_1, \dots, y_l)$, mas neste algoritmo em particular, $\hat{Y}_l$ está restrito a ser igual a Y_l .

Algoritmo 1: Propagação de Rótulos (Xiaojin e Zoubin, 2002)

Computa a matriz de afinidade $\mathbf{W}$ como em 2.63;
 Computa a matriz de graus $\mathbf{D}$ utilizando $D_{ii} \leftarrow \sum_j W_{ij}$;
 Inicialize $\hat{Y}^{(0)} \leftarrow (y_1, y_2, \dots, y_l, 0, 0, \dots, 0)$;
repita
 $\hat{Y}^{(t+1)} \leftarrow \mathbf{D}^{-1} \mathbf{W} \hat{Y}^{(t)}$;
 $\hat{Y}_l^{t+1} = Y_l$;
até a convergência para $\hat{Y}^\infty$;
 Rotule a amostra x_i utilizando o sinal de $\hat{y}_i^\infty$;

Outro algoritmo similar ao *Algoritmo de Propagação de Rótulos* é o *Método de Consistência Local e Global* (Zhou et al., 2004), de modo que a cada iteração uma amostra x_i recebe a contribuição de seus vizinhos x_j , ponderada pelo peso normalizado da aresta (x_i, x_j) , e uma pequena contribuição dos valores iniciais. Este método é descrito pelo Algoritmo 2.

Algoritmo 2: Método de Consistência Local e Global (Zhou et al., 2004)

Compute a matriz de pesos $\mathbf{W}$ utilizando a equação 2.63 para $i \neq j$ e $W_{ii} = 0$;
 Compute a matriz de graus $\mathbf{D}$ utilizando $D_{ii} \leftarrow \sum_j W_{ij}$;
 Compute o Laplaciano normalizado do grafo $\mathcal{L} \leftarrow \mathbf{D}^{-1/2} \mathbf{W} \mathbf{D}^{-1/2}$;
 Defina o parâmetro $\alpha \in [0, 1)$;
 Inicialize $\hat{Y}^{(0)} \leftarrow (y_1, y_2, \dots, y_l, 0, 0, \dots, 0)$;
repita
 $\hat{Y}^{(t+1)} \leftarrow \alpha \mathcal{L} \hat{Y}^{(t)} + (1 - \alpha) \hat{Y}^{(0)}$;
até a convergência para $\hat{Y}^{(\infty)}$;
 Rotule a amostra x_i usando o sinal de $\hat{y}_i^\infty$;

Além destes algoritmos, foi desenvolvido modelo baseado em grafos conhecido como *Competição e Cooperação de Partículas* (Breve et al., 2011). Em que um grupo de partículas, cada uma representando uma amostra rotulada, é colocado no grafo. As partículas que possuem um mesmo rótulo são agrupadas em um time. Cada nó na rede possui um vetor do tamanho da quantidade de rótulos, em que cada elemento deste vetor representa o nível de dominação do time do rótulo naquele nó. Enquanto o sistema evolui no tempo, cada partícula escolhe um nó vizinho para visitar usando uma regra aleatória-gulosa. Ao escolher o nó, o nível de dominação do time da partícula que o visita é aumentado, enquanto o nível de dominação dos outros times é diminuído. No

final, cada amostra não-rotulada é classificada pelo time que possui o maior nível de dominação.

Além destas técnicas de aprendizado semi-supervisionado, existem as de treinamento próprio, em que iterativamente o algoritmo aumenta o conjunto de dados rotulados ao classificar os dados não-classificados (Yarowsky, 1995; Zhou e Li, 2005).

3 METODOLOGIA

Neste capítulo será apresentado o desenvolvimento deste trabalho nos estudos em sincronização por acoplamento de modelos dinâmicos neurais tanto contínuos quanto discretos e a aplicação de sistemas dinâmicos acoplados utilizando técnicas de aprendizado semi-supervisionado para tarefas de classificação. Inicialmente, os modelos de dinâmica neural serão analisados e na sequência a sincronização por acoplamento será investigada. Em função disso, como prova de conceito, um modelo de aprendizado semi-supervisionado será desenvolvido utilizando o acoplamento entre os osciladores, a propagação de rótulos e a competição pela sincronização.

Na Seção 3.1 serão apresentadas as dinâmicas estocásticas e caóticas dos modelos neurais utilizados neste trabalho para a análise de sincronização. Na Seção 3.2 são realizados testes entre os osciladores variando tanto a força de acoplamento entre eles quanto o parâmetro de estocasticidade, analisando quais os possíveis valores que realizam e permitam o fenômeno de sincronização. Em sequência são gerados osciladores estocásticos e caóticos em um grafo cujas conexões representam acoplamentos, de modo que ocorra a segmentação entre os osciladores através da sincronização por fase ou completa dos neurônios que possuem um acoplamento entre si e dessincronização daqueles que não apresentam o acoplamento.

Na Seção 3.3 é apresentado o algoritmo de complexos simpliciais propagando rótulos e sua análise em diferentes conjuntos de dados para a obtenção de sua acurácia em tarefas de classificação. O algoritmo utiliza como base o método de construção de complexos simpliciais de Čech (Ghrist, 2014) para encontrar topologias não-triviais em um grafo, desta forma na primeira subseção é analisada a acurácia do algoritmo ao variar o raio da hipersfera, em consequência foram investigadas as precisões do algoritmo ao variar a quantidade de amostras inicialmente rotuladas e por fim, foi realizada a comparação entre o algoritmo e os métodos de Propagação de Rótulos e o de Consistência Local e Global.

Em sequência, na Seção 3.4 foi realizada a propagação dos rótulos entre as amostras em um grafo construído por um complexo simplicial e, os osciladores de uma dinâmica neural que possuem a mesma classe, sincronizam-se e, aqueles que pertencem

a grupos diferentes, dessincronizam-se. Este processo pode ser visualizado através das atividades neurais que apresentam ritmos desiguais para osciladores dessincronizados e para aqueles elementos pertencentes a uma mesma classe os neurônios disparam ao mesmo tempo.

Por fim, na Seção 3.5 será descrito o modelo de aprendizado semi-supervisionado em que as amostras representadas por osciladores com rótulos distintos competem entre si para a propagação de suas classes e o acoplamento para as amostras não-rotuladas causando a sincronização e dessincronização entre os osciladores. Neste modelo serão analisadas as acurácias variando os seus parâmetros em diferentes conjuntos de dados artificiais. Em seguida o modelo será testado em conjuntos de dados reais comparando-o com outros algoritmos.

3.1 Análise da Dinâmica Neural

Dentre os modelos estocásticos de tempo contínuo (Bossy, Fontbona e Olivero, 2019; Hindmarsh e Rose, 1984; Lopicque, 1907) e os modelos caóticos de tempo discreto (Rulkov, 2002; Izhikevich, 2003; Courbage, Nekorkin e Vdovin, 2007), serão gerados gráficos da dinâmica, diferenças de fases e trajetórias de cada modelo utilizando um conjunto de N osciladores, para analisar se a combinação de parâmetros e a adição de termos estocásticos levam a representação de osciladores diferentes com o intuito de que haja uma infinidade de possíveis trajetórias.

Para a construção da dinâmica estocástica dos modelos contínuos, foi utilizada a Eq. (2.10), em que os termos $\mathbf{X}_n$, $\mathbf{F}(\mathbf{X}_n, \boldsymbol{\mu})$, Δt , $\boldsymbol{\sigma}(\mathbf{X}_n, \boldsymbol{\mu})$ dependem exclusivamente de cada modelo. Por fim, para o cálculo das fases de todos os modelos, obteve-se os instantes de tempo t_k em que ocorrem os disparos neurais: $\forall t_i : V(t_i) \geq V_{Limite}$ e $V(t_{i-1}) < V_{Limite}$, como representado pelos pontos vermelhos na Figura 7. O valor do potencial limite também depende de cada modelo, e após obter o vetor dos instantes de disparos neurais $t_d = \{t_1, \dots, t_k, \dots, t_K\}$, calculou-se a fase no instante t_i utilizando,

$$\phi_i = 2\pi k + 2\pi \frac{t_i - t_k}{t_{k+1} - t_k} \quad (3.1)$$

em que k é a quantidade de disparos neurais que ocorreram antes do instante t_i , t_k é o tempo que ocorreu o último disparo, e t_{k+1} é o instante em que ocorre o próximo.

Em consequência foram utilizados 100 osciladores para a análise da possibilidade

de diferentes trajetórias para cada modelo, em conjunto foram obtidos os gráficos da atividades neurais, que são os instantes de tempo em que ocorrem os disparos ($t : \forall t \in t_d$), gráficos das diferenças de fase utilizando:

$$\Delta\phi_{i,j} = |\phi_i - \phi_j| \quad (3.2)$$

e também as diferenças entre trajetórias:

$$\Delta V_{i,j} = |V_i - V_j| \quad (3.3)$$

Por fim, para cada modelo 5000 osciladores são gerados com o intuito de obter a média e o desvio padrão dos períodos e quantidade de intervalos dos disparos neurais, pois para o cálculo das fases é necessário ter as informações do tempo de disparo anterior e o tempo posterior, porém na propagação dinâmica de rótulos e sincronização em tempo real, a informação do tempo do próximo disparo é desconhecida, portanto, esta média e desvio são utilizados para inferir um tempo de disparo, e quando o algoritmo encontrar o instante real de disparo, o vetor de fases é atualizado com os valores reais.

A seguir serão apresentadas as configurações utilizadas em cada modelo para a construção das trajetórias, tanto estocásticas quanto caóticas.

3.1.1 Modelo Estocástico de Hodgkin-Huxley

Para o cálculo da Eq. (2.25) utilizando a Eq.(2.10), o intervalo de tempo foi definido a $\Delta t = 0,02$ e o tempo total a $T=300$, totalizando $N=15000$ iterações. V_0 foi definido em um intervalo aleatório uniforme entre 0 e 4 mV, já para o cálculo de $X_0 = (m_0, n_0, h_0, y_0)$, utilizou-se a equação:

$$x_0 = \frac{\alpha_x(V_0)}{\alpha_x(V_0) + \beta_x(V_0)} \quad (3.4)$$

o valor do termo estocástico da Eq.(2.10) para V foi definido como $\sigma(\mathbf{V}_n, \boldsymbol{\mu}) = 3,0$ para todo n e $\Delta W = \mathcal{N}(0, 0,02)$, já o termo determinístico $\mathbf{F}(\mathbf{X}_s, \boldsymbol{\mu})$ utilizou-se a Eq. (2.16), em que os parâmetros utilizados ($\boldsymbol{\mu} = (V_{Na}, V_K, V_L, g_{Na}, g_K, g_L, C, \sigma_{m,n,h,y}, \sigma_V, V_{rev}, J_q, J_E, I)$) estão descritos na Tabela 3. Para o cálculo das proporções de abertura dos canais iônicos e sinápticos, utilizou-se a Eq. (2.26) na Eq. (2.10) para m, h, n e y considerando as taxas de probabilidade da Tabela 2 apresentadas na subseção 2.2.1, respectivamente.

Tabela 3 – Parâmetros do Modelo de Hodgkin-Huxley Estocástico

Parâmetro	Símbolo (u.m.)	Valor
Potencial do Canal de Sódio (Na)	V_{Na} (mV)	115
Potencial do Canal do Potássio (K)	V_K (mV)	-12
Potencial dos Canais de Fuga (L)	V_L (mV)	86
Condutância do Canal de Sódio (Na)	g_{Na} (m.mho/cm ²)	120
Condutância do Canal de Potássio (K)	g_K (m.mho/cm ²)	36
Condutância dos Canais de Fuga (L)	g_L (m.mho/cm ²)	0,3
Capacitância	C (μF/cm ²)	1,0
Função $\sigma(\mathbf{X}_n, \boldsymbol{\mu})$	$\sigma_{m,n,h,y}$	1,0
Potencial de Reversão	V_{rev} (mV)	-70
Condutância Química	J_q (m.mho/cm ²)	0,1
Condutância Elétrica	J_E (m.mho/cm ²)	0
Corrente Elétrica	I (mA)	20

3.1.2 Modelo Estocástico de Hindmarsh-Rose

Os valores iniciais das variáveis do modelo (x_0 , y_0 e z_0) são gerados utilizando uma distribuição uniforme num faixa entre -0,5 e 0,5. Já o tempo total das trajetórias foi utilizado como sendo $T = 50$ e o passo dt se encontra na Tabela 4 assim como os valores dos parâmetros do modelo escolhidos para as simulações computacionais.

Tabela 4 – Parâmetros do modelo estocástico de Hindmarsh-Rose

Parâmetro	Símbolo (u.m.)	Valor
Controle dos termos cúbicos e quadráticos	a	1,0
Controle dos termos cúbicos e quadráticos	b	3,0
Controle dos termos cúbicos e quadráticos	c	1,0
Controle dos termos cúbicos e quadráticos	d	5,0
Controle dos termos cúbicos e quadráticos	r	0,001
Fixos	s	1,6
Fixos	x_r	-1,6
Corrente Elétrica	I	1,0
Intensidade estocástica	σ	1,0
Condutância Elétrica	J_E	0
Passo de tempo	dt	0,01

3.1.3 Modelo Integra-e-Dispara Estocástico

O valor inicial da variável do modelo (u_0) foi gerado utilizando uma distribuição uniforme entre os valores 0 e 0,5. O tempo total das trajetórias foi utilizado como sendo $T = 200$ e o passo de tempo dt está definido na Tabela 5 assim como os parâmetros definidos para as simulações computacionais.

Tabela 5 – Parâmetros do modelo estocástico de Integra-e-Dispara

Parâmetro	Símbolo (u.m.)	Valor
Potencial de descanso	u_{rest}	0
Resistência	R	1
Constante de tempo	τ	10
Potencial limite	u_{limit}	1
Corrente Elétrica	I	2,5
Intensidade estocástica	σ	0,2
Condutância Elétrica	J_E	0
Passo de tempo	dt	1

3.1.4 Modelo de Rulkov

O valor inicial da variável rápida x_0 foi gerada utilizando uma distribuição uniforme entre -1,2 e -1, enquanto a variável lenta y_0 foi inicializada em -2,9, por fim para o tempo total das trajetórias foi utilizado $T = 2000$. Os valores dos parâmetros utilizados nas simulações computacionais estão presentes na Tabela 6:

Tabela 6 – Parâmetros do modelo de Rulkov

Parâmetro	Símbolo (u.m.)	Valor
Velocidade de crescimento de y_i	μ	0,001
Influências externas	σ	-1,2
Posição do potencial de descanso	α	4,2
Corrente Elétrica	I	0
Condutância Elétrica	J_E	0

3.1.5 Modelo de Izhikevic

Os valores iniciais dos 100 osciladores para o potencial v_0 são gerados utilizando uma distribuição uniforme entre -65 e -64, já os valores da variável u_0 são gerados usando a seguinte equação:

$$u_0 = bv_0 \quad (3.5)$$

onde o parâmetro b encontra-se na Tabela 7. Os valores dos parâmetros do modelo são configurados para gerarem uma dinâmica caótica como demonstrado no trabalho de Nobukawa e coautores (Nobukawa et al., 2015). Por fim, o tempo das trajetórias foi definido como $T = 300$.

Tabela 7 – Parâmetros do modelo de Izhikevich

Parâmetro	Símbolo (u.m.)	Valor
Escala temporal	a	0,02
Sensibilidade de u_i	b	0,2
Valor de descanso de v_i	c	-55
Valor de descanso após o pico de u_i	d	0,93
Corrente Elétrica	I	10,0
Condutância Elétrica	J_E	0
Potencial limite	V_{lim}	30 mV

3.1.6 Modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin

Os valores dos parâmetros do modelo são baseados no artigo de Ibarz e coautores (Ibarz, Casado e Sanjuán, 2011), em que a dinâmica se comporta em uma alternância de explosões e picos, contudo os valores dos parâmetros ε e a são reduzidos para aumentar a frequência natural da dinâmica, assim como o valor de β é definido para ser maior de modo que ocorra mais explosões, tais valores se encontram na Tabela 8. Por fim, a variável do potencial x_0 é inicializada por uma distribuição uniforme entre os valores 0 e 0,01, enquanto a variável de recuperação y_0 é inicializada em 0, e o tempo T é definido como 2500.

Tabela 8 – Parâmetros do modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin

Parâmetro	Símbolo (u.m.)	Valor
Escala temporal	ε	0,01
Estímulo externo	J	0,1123
Controle do valor limiar	β	0,1
Controle do valor limiar	d	0,3
Constante positiva	m_0	0,4
Constante positiva	m_1	0,3
Controle	a	0,002
Condutância Elétrica	J_E	0

3.2 Acoplamento e Sincronização

Nesta seção é analisada a possibilidade de sincronização dos osciladores ao acoplá-los por uma força de acoplamento K . Para tanto, foi variado o valor da força para encontrar um intervalo em que seja possível a sincronização. Em sequência foram gerados diversos osciladores e analisada a possibilidade de organizá-los em *clusters* ou agrupamento de neurônios, ao acoplá-los em grupos distintos e observar se há a segmentação temporal das trajetórias destes grupos.

3.2.1 Variação da Força de Acoplamento

Nesta subseção a condutância elétrica J_E foi avaliada, variando o seu valor em um intervalo específico para cada modelo, sendo encontrados na Tabela 9.

Tabela 9 – Variação da Força de Acoplamento de cada modelo de Oscilador

Modelo	Intervalo (ΔJ_E)
Hodgkin-Huxley	0 à 1
Hindmarsh-Rose	0 à 1,92
Integra-e-Dispara	0 à 1,2
Rulkov	0,01 à 0,5
Izhikevic	0,01 à 1,5
Courbage-Nekorkin-Vdovin	0,1 à 1

A variação ocorreu em $M = 100$ iterações. Para cada iteração i , realizou-se a

computação das trajetórias de dois neurônios idênticos com as mesmas condições que as simulações na Eq. (3.1) para obter a diferença dos potenciais (Eq. (3.3)) e das fases (Eq. (3.2)) com o objetivo de obter os valores de J_E para os quais ocorre a sincronização por fase (Eq. (2.54)) e se possível a sincronização completa (Eq. (2.58)).

No entanto, o único parâmetro que variou foi o termo de estocasticidade para a variável V (σ_V), o intuito é encontrar um limite para a sincronização, ou seja, até que valor da influência estocástica é possível ocorrer a sincronização, para tal os valores de σ_V utilizados foram 0,5, 1,0, 1,5 e 2,0 tanto para Hodgkin-Huxley, quanto Hindmarsh-Rose, já para o modelo Integra-e-Dispara utilizou 0,1 e 0,2.

3.2.2 Clusters de Osciladores

Nesta subseção foram gerados $N=12$ osciladores iguais aos descritos na seção 3.1, exceto o parâmetro σ_V que ficou definido em 0,5 para o modelo de Hodgkin-Huxley, 1,0 para Hindmarsh-Rose e 0,1 para Integra-e-Dispara.

O objetivo é criar três grupos de osciladores sincronizados entre si, e dessincronizados entre aqueles que pertencem a grupos diferentes. Desta forma criou-se uma matriz de adjacência em que o valor 1 representa a existência de uma sinapse elétrica entre o neurônio i e o j (assim como entre o j e i), já o 0 indica a ausência da conexão, a matriz encontra-se a seguir.

$$\gamma = \begin{bmatrix} \gamma_{0,0} & \cdots & \gamma_{0,11} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \gamma_{11,0} & \cdots & \gamma_{11,11} \end{bmatrix} \quad (3.6)$$

onde os índices pertencentes a cada grupo estão na Tabela 10.

Tabela 10 – Índices dos Neurônios pertencentes ao grupo i

Grupo	Índices
1	0, 4, 8, 11
2	1, 2, 5, 10
3	3, 6, 7, 9

A força de acoplamento é definida dentro do intervalo de sincronização para cada modelo encontrado na subseção anterior, sendo os valores escolhidos encontrados na Tabela 11.

Tabela 11 – Força de Acoplamento de cada modelo de Oscilador

Modelo	ΔJ_E
Hodgkin-Huxley	0,8
Hindmarsh-Rose	1,9
Integra-e-Dispara	1,2
Rulkov	0,22
Izhikevic	1,5
Courbage-Nekorkin-Vdovin	1

A partir de tais informações foram gerados os gráficos das trajetórias de cada grupo, assim como de todos os osciladores, também foram gerados os gráficos das atividades neurais, do crescimento das fases e em sequência a diferença de todas as fases e trajetórias em relação as fases geradas por neurônios de cada grupo.

3.3 Algoritmo de Complexos Simpliciais Propagando Rótulos

Nesta seção foi desenvolvido um algoritmo de aprendizado semi-supervisionado para tarefas de classificação e estudada a sua performance em seis conjuntos de dados: *Banknote Authentication* (Lohweg, 2012), *Breast Cancer Winsconsin* (Wolberg e Mangasarian, 1990), *Pima Indian Diabetes* (Smith et al., 1988), *Iris* (Fisher, 1936), *Sonar data* (Gorman e Sejnowski, 1988) e *Wine quality data* (Cortez et al., 2009).

O algoritmo é baseado no processo de construção dos complexos simpliciais pelo método de Čech (Ghrist, 2014). Inicialmente possui-se um conjunto de dados $D(N, M)$, em que N é o número de amostras e M o de atributos. Dentre este conjunto, existem os dados de entrada, $X(N, M - 1)$, e o vetor de saída, $Y(N, 1)$.

Uma porção dos dados são amostras rotuladas, tal que $X_r(L, M - 1)$ e $Y_r(L, 1)$, cujas classes são $\mathcal{L} = \{c_1, c_2, \dots, c_i, \dots, c_P\}$, e a outra porção são amostras não rotuladas: $X_u(K, M - 1)$ e $Y_u(K, 1)$. Onde $K \gg L$, $L + K = N$ e existe a relação:

$$\sum_{i=1}^P \sum_{l=1}^{|X_r^{c_i}|} 1 = L \quad (3.7)$$

em que P é a quantidade de possíveis rótulos, e $|X_r^{c_i}|$ é o número de amostras que estão classificadas com o rótulo c_i . A cada amostra rotulada $x_k^{c_i} \in X_r^{c_i}$ é gerada uma hipersfera $(M-1)$ -dimensional com raio R , se a distância entre o elemento não rotulado $x_j^u \in X_u$ e $x_k^{c_i}$ for menor que o raio da esfera, ou seja, se estes elementos gerarem duas hipersferas com raios $R/2$ e intersectarem-se, uma da amostra x_j^u e outra da $x_k^{c_i}$, então a amostra não-rotulada recebe a classe c_i ($Y_j^u \leftarrow c_i$).

Porém, existem circunstâncias que a hipersfera do elemento não-rotulado intersecta várias hipersferas. Neste trabalho foi adotado que a amostra só possui uma classe, para tanto, o algoritmo mantém a conexão entre x_j^u e $x_k^{c_i}$ se eles formarem a menor distância entre si e estiverem dentro da esfera de raio R . Desta forma, o algoritmo pode ser descrito como:

Algoritmo 3: Complexo Simplicial Propagando Rótulos

Defina o raio R da hipersfera, tal que $R \in \mathbb{R}$;

repita

 Inicialize o vetor Min : $Min \leftarrow [-1, (10 \uparrow n)a | n, a > 0]$;

repita

repita

 Calcule a distância $d(x_j^u, x_k^{c_i})$;

se $d(x_j^u, x_k^{c_i}) \leq R$ **então**

se $d(x_j^u, x_k^{c_i}) \leq Min[1]$ **então**

$Min \leftarrow (c_i, d(x_j^u, x_k^{c_i}))$;

fim

fim

até acabar as amostras rotuladas $x_k^{c_i} \in X_r^{c_i}$;

até acabar os rótulos $c_i \in \mathcal{L}$;

$Y_j^u \leftarrow Min[0] = c_i$;

$X_r^{c_i} \leftarrow x_j^u$;

até acabar as amostras não-rotuladas $x_j^u \in X_u$;

A complexidade de tempo é dada por:

$$O(N, \alpha) = \frac{(1 - \alpha^2)N^2 + (\alpha - 1)N}{2} \quad (3.8)$$

de forma que,

$$\alpha = \frac{L}{N} \quad (3.9)$$

é a razão entre amostras rotuladas e totais. Nos resultados será apresentado o gráfico da complexidade de tempo para valores de α entre 1% a 10% dos elementos rotulados. Neste trabalho utilizou-se a distância euclidiana para medir a similaridade entre as amostras:

$$d(\mathbf{x}_u, \mathbf{x}_r) = \sqrt{\sum_{i=1}^{M-1} (x_u^i - x_r^i)^2} \quad (3.10)$$

desta forma, os dados classificados inicialmente influenciam na acurácia, já que a medida de similaridade indica a forma como os dados estão distribuídos no espaço de atributos. Igualmente, a classificação depende do diâmetro que as esferas geram, para valores muito pequenos, amostras muito distantes não são classificadas e para valores muito grandes o algoritmo não terá uma hipersfera limitando sua busca, é preciso encontrar um valor de R que nem sempre é óbvio, nesta situação o Algoritmo 3 pode ser adaptado para o Algoritmo 4.

Algoritmo 4: Complexo Simplicial Propagando Rótulos Adaptado

```

 $R \leftarrow \frac{6\sigma_{max}}{n}, n \gg 0, n \in \mathbb{N}^+$ 
repita
  repita
    Inicialize o vetor  $Min$  :  $Min \leftarrow [-1, (10 \uparrow n)a|n, a > 0]$ ;
    repita
      repita
        Calcule a distância  $d(x_j^u, x_k^{c_i})$ ;
        se  $d(x_j^u, x_k^{c_i}) \leq R$  então
          se  $d(x_j^u, x_k^{c_i}) \leq Min[1]$  então
             $Min \leftarrow (c_i, d(x_j^u, x_k^{c_i}))$ ;
          fim
        fim
      fim
      até acabar as amostras rotuladas  $x_k^{c_i} \in X_r^{c_i}$ ;
      até acabar os rótulos  $c_i \in \mathcal{L}$ ;
       $Y_j^u \leftarrow Min[0] = c_i$ ;
       $X_r^{c_i} \leftarrow x_j^u$ ;
      até não conseguir classificar mais amostras  $x_j^u \in X_u$ ;
       $R \leftarrow R + \frac{6\sigma_{max}}{n}$ 
    até classificar todas as amostras em  $X_u$ ;

```

Neste método, o raio da hiperesfera é acrescentado a cada iteração até o momento em que o algoritmo classifica todas as amostras não-rotuladas em X_u . O raio atualiza com passos iguais a $6\sigma_{max}/n$ até um valor máximo $R_{max} = 6\sigma_{max}$, em que σ_{max} é o desvio padrão da distribuição dos dados pelo atributo que possui a maior dispersão, e como em uma distribuição normal empiricamente 99,7% das amostras encontram-se entre 3 vezes o desvio padrão acima e abaixo da média, então foi adotado um valor máximo de $6\sigma_{max}$ para o raio da hiperesfera.

3.3.1 Variação dos Raios das Hiperesferas

Nesta subseção foi utilizado o Algoritmo 4 para encontrar o diâmetro em que ocorre a classificação total das amostras não-rotuladas ($|X_u|$), assim como a acurácia do algoritmo. O raio inicial da hiperesfera foi definido pelo denominador n , cujo valor é 100. Os dados utilizados e suas configurações estão presentes na tabela 12.

Tabela 12 – Configuração dos Datasets para o Algoritmo 4

Dataset	Amostras	Atributos	PCA	Componentes	Classes	$ X_r^{c_i} $	$ X_u $
Iris	150	4	Não	4	3	5	135
BCW	569	31	Sim	8	2	10	549

3.3.2 Variação dos Dados Iniciais Rotulados

Nesta subseção, realizou-se a análise da acurácia variando a quantidade de amostras inicialmente rotuladas. Para esse fim, foram determinados dois vetores (V) cujos elementos representam a quantidade de amostras inicialmente rotuladas ($|e_r^{c_i}|$) por rótulo c_i , cada vetor foi utilizado em um conjunto de dados diferente.

Tabela 13 – Configuração das Amostras Inicialmente Rotuladas

Dataset	$ V $	V_{min}	V_{max}	V_{passo}	$ e_r^{c_i} / X_r^{c_i} $ (%)
Iris	20	1	20	1	40
BCW	21	1	60	3	16,8

Para cada elemento do vetor, foram realizados 100 testes do Algoritmo 4 com inicializações aleatórias das amostras inicialmente rotuladas, destes testes foram obtidos as acurácias de cada classe, e o raio da esfera em que o algoritmo classificou todos os

elementos não-rotulados. Em seguida calculou-se a média e o desvio padrão gerando os gráficos da acurácia de cada classe por quantidade de amostras inicialmente rotuladas, da mesma forma foi gerado um gráfico para a média e desvio padrão do raio da esfera. O intuito é analisar se o número de amostras inicialmente classificadas influencia a acurácia do algoritmo.

3.3.3 Comparação dos Algoritmos

Por fim, nesta subseção foram realizados os mesmos testes que a anterior (3.3.2), no entanto a média e o desvio padrão por quantidade de elementos inicialmente rotulados também foram comparados com as médias e desvio padrões gerados pelos algoritmos 1 e 2 utilizando a biblioteca *scikit-learn* para machine learning ((PEDREGOSA et al., 2011)). A implementação foi realizada nos conjuntos *Bank Authentication*, *Breast Cancer Winsconsin*, *Pima Indian Diabetes*, *Iris*, *Sonar* e *Wine Quality*.

3.4 Propagação de Rótulos em um Grafo de Neurônios

A partir deste momento, estas análises servirão para construir um modelo de propagação dos rótulos em dados que são representados por grafo de neurônios e seus potenciais de ação. A propagação dos rótulos pode ocorrer de duas maneiras: a *estática* ou *dinâmica*. Ambas descrevem o mesmo fenômeno, mas procedem de maneira diferente.

O Algoritmo 3 é utilizado para classificar os dados não-rotulados $x_j \in X_u$, e quando uma amostra rotulada $x_k^{c_i} \in X_r^{c_i}$ propaga o seu rótulo c_i para o elemento não-rotulado x_j , uma conexão cria-se entre os pares (j,k) e (k,j) , desta forma a matriz adjacente $A(N,N)$, inicialmente apenas com valores iguais a 0, recebe o valor 1 se existe uma conexão. Assim a matriz A é idêntica a Eq. (2.24):

$$A_{j,k} \leftarrow \gamma_{j,k} = \begin{cases} 1, & \text{se } j \text{ está conectado a } k, \\ 0, & \text{caso contrário,} \end{cases} \quad (3.11)$$

Consequentemente, esta matriz de conexões é utilizada para o cálculo do termo que representa a sinapse elétrica no modelo utilizado, como efeito, os osciladores (j,k) irão sincronizar. Desta forma, quando todas as amostras estiverem rotuladas, aquelas que

pertencem a um mesmo grupo estarão sincronizadas, enquanto as que estão em grupos diferentes irão dessincronizar, já que a localização da conexão entre elas na matriz A é zero, e portanto não há um termo de acoplamento como mostrado na Eq. (2.23). Uma maneira de visualizar este efeito é através da Figura 24.

No entanto, o que difere os métodos é que na propagação estática, primeiramente o Algoritmo 3 propaga todos os rótulos e cria a matriz adjacente, e depois ocorre o cálculo das trajetórias dos osciladores já conectados entre si. Em contrapartida, o modelo dinâmico classifica os dados enquanto ocorre a dinâmica neural, ou seja, ao contrário dos gráficos na Figura 24 que representam a propagação estática, a técnica dinâmica apresentaria inicialmente trajetórias e disparos neurais totalmente estocástico e com o decorrer do tempo, as trajetórias e as atividades iriam se organizando semelhantes aos da Figura 24.

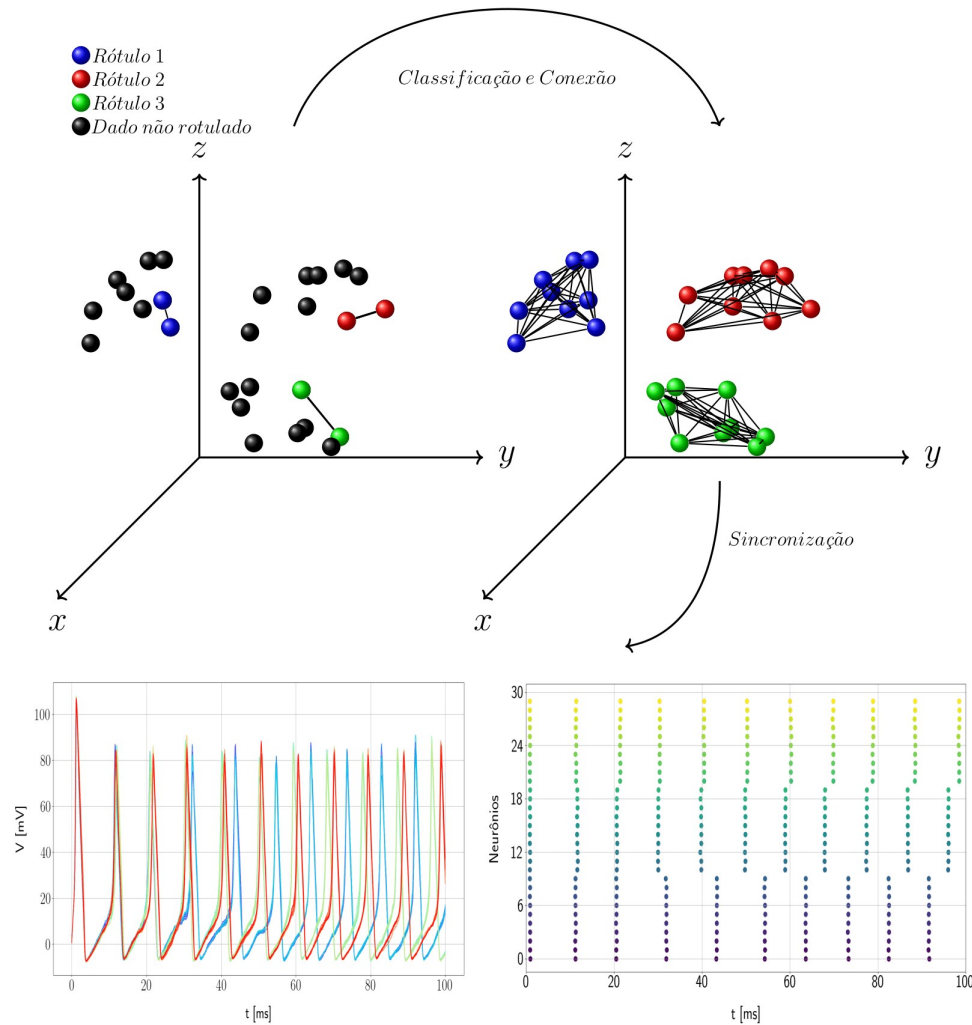


Figura 24 – Inicialmente as amostras rotuladas (azul, verde e vermelho) estão conectadas entre si, enquanto as amostras não-rotuladas (preto) não possuem nenhuma conexão. O algoritmo 3 então classifica os dados em seus devidos grupos, formando clusters de amostras azuis, vermelhas e verdes interconectadas. Estas interconexões podem ser mostradas através dos disparos neurais nos dois gráficos, em que o da esquerda representa as trajetórias dos potenciais de ação e como no decorrer do tempo são visíveis apenas três disparos intercalados no tempo, já o gráfico da direita mostra os instantes de disparos neurais de todos os neurônios e como várias trajetórias (elementos de um mesmo grupo) disparam no mesmo instante (sincronizados), enquanto os elementos de outros grupos disparam em outros tempos.

3.4.1 Propagação Estática

O algoritmo é representado e dividido em duas partes, na primeira ocorre a propagação dos rótulos pelas amostras não-rotuladas criando as conexões na matriz adjacente A , e a segunda parte é construir as trajetórias do potencial de ação utilizando um modelo de oscilador. O algoritmo é descrito a seguir:

Algoritmo 5: Propagação Estática em Grafos de Neurônios

```

Crie a matriz adjacente  $A(N, N) \leftarrow 0$ ;
Propague os rótulos utilizando o Algoritmo 3;
Atualize a matriz adjacente  $A_{j,k} \leftarrow 1$ , tal que  $(j,k)$  é uma conexão;
repita
  Calcule os elementos do vetor de variáveis  $X(i+1)$  para todos os neurônios
  utilizando 2.10;
  Salve as variáveis  $X$  em  $D(i, |X|, j)$ ;
  Salve os tempos de disparo  $i+1 \mid V_{i+1} \geq V_{Limite}$  e  $V_i < V_{Limite}$ ;
   $i = i + 1$ 
até  $i = \text{iterações}$ ;
  
```

A partir do tensor $D(T, |X|, N)$, tal que T são as iterações, $|X|$ é a quantidade de variáveis do modelo neural e N o número de neurônios, onde estão armazenados os valores do potencial da membrana V é possível calcular a diferença das trajetórias utilizando a Eq.(3.3), da mesma forma que obtendo a matriz dos tempos de disparos neurais S_{pikes} , o cálculo das fases (Eq. (3.1)) e consequentemente as suas diferenças (Eq.(3.2)). Para este procedimento, o valor do diâmetro da esfera foi determinado como $R = \sigma_{max} + 6\sigma_{max}/100$ e inicialmente 5 elementos foram rotulados. Após a propagação dos rótulos e a construção da matriz adjacente, o modelo utilizado foi o de Hodgkin-Huxley. A força de acoplamento foi determinada em 0,8 para todos as classes ($\mathcal{K} = \{0,8, 0,8, 0,8\}$).

Nesta subseção foram gerados gráficos das atividades neurais, as trajetórias do potencial de membrana, o crescimento das fases, as diferenças das fases utilizando um elemento de cada cluster como referência, assim como a diferença entre as trajetórias utilizando um elemento de cada grupo como referência para a análise da sincronização completa.

3.4.2 Propagação Dinâmica

O algoritmo é representado e dividido em duas partes assim como no modelo anterior, porém eles se diferem em suas funcionalidades. Na primeira ocorre o cálculo do potencial de ação assim como das fases até o instante de tempo em que todos os neurônios alcançam o potencial limite V_{Limite} . Na segunda parte, a partir deste instante de tempo, o algoritmo inicia a propagação de rótulos para as amostras não-rotuladas, e na mesma iteração da propagação, calcula-se o potencial de ação e as fases. Porém, como o modelo opera em tempo real, e o cálculo da fase requer o instante de tempo do próximo disparo neural, é necessário fazer uma inferência deste instante, e no momento que o modelo alcançar este tempo real de disparo, ele reajusta os valores das fases em relação ao tempo de disparo real. O modelo é descrito pelo Algoritmo 6.

Algoritmo 6: Propagação Dinâmica em Grafos de Neurônios

Inicia a matriz adjacente $A(N, N) \leftarrow 0$;
 Inicie os tensores de amostras e de fases: $D(T, 5, N)$, $\Phi(T, N)$;
 PARTE 1;
repita
 Calcule os elementos do vetor de variáveis $X(i+1)$ para todos os neurônios utilizando 2.10;
 Salve as variáveis X em $D(i, |X|, j)$;
 Calcule $\Phi[i+1]$ utilizando 3.1;
 $i \leftarrow i+1$;
até os N neurônios encontrarem o primeiro V_{Limite} ;
 $t_{inicio} \leftarrow i$;
 PARTE 2;
repita
 $s \leftarrow i + t_{inicio} + 1$;
 se $i \leq N$ **então**
 Propague o rótulo c_j do elemento k ao elemento i ;
 Atualize a matriz adjacente $A \leftarrow 1$ para as combinações de i e $\forall k \in X_r^{c_j}$;
 Atualize $Y_i^u \leftarrow c_j$ e acrescenta a $X_r^{c_j}$ o dado x_i^u
 fim
 Calcule os elementos do vetor de variáveis $X(i+1)$ para todos os neurônios utilizando 2.10;
 Salve as variáveis X em $D(s+1, |X|, j)$;
 Calcule $\Phi[s+1]$ utilizando 3.1 e salve em $\Phi(s+1, N)$;
até $i = \text{iterações} - t_{inicio}$;

Após a obtenção dos tensores D e Φ , os mesmos gráficos da subseção anterior foram obtidos, com o intuito de analisar a evolução das trajetórias de disparos neurais, assim como a atividade neural, para poder visualizar a transição de disparos aleatórios para um estado organizado e sincronizado de potenciais de ação. Dessa mesma forma, foram analisadas as evoluções temporais das fases, a diferença entre elas utilizando como referência um elemento de cada classe e por fim, gráficos das diferenças das trajetórias para a análise da sincronização completa. Para tal procedimento, foram utilizados os mesmos parâmetros, inicializações e condições que a subseção anterior.

Assim, se for possível, o modelo de osciladores estocásticos ou caóticos inicialmente representa amostras não-classificadas e com o decorrer do tempo, o algoritmo baseado no Algoritmo 3 permite aos elementos classificados propagar os seus rótulos para as amostras desconhecidas, criando conexões entre si e demonstrando esta propagação e classificação através da sincronização de atividades neurais entre osciladores que possuem uma mesma classe e a dessincronização entre aqueles que pertencem a grupos diferentes, além de ser possível visualizar aqueles que foram erroneamente rotulados.

3.5 Competição pela Sincronização de Neurônios

Na seção anterior foram apresentados dois algoritmos que utilizam a codificação temporal através da sincronização de osciladores para representarem amostras de mesma classe, enquanto neurônios de classes diferentes são segmentados na estrutura temporal. Contudo, a força de acoplamento nestes dois casos é fixada num valor tal que se encontra no intervalo de sincronização do modelo de neurônio biológico, porém sinapses entre neurônios reais são fortalecidas ((SANES, 2019), Capítulo 8; (HEBB, 1949)) assim como são enfraquecidas na eminência de serem destruídas ((SANES, 2019), Capítulo 9), este fenômeno é conhecido como plasticidade sináptica.

Desta forma o modelo é estendido para lidar com a adaptação das forças de acoplamento entre osciladores, de tal modo que as conexões podem tanto serem fortalecidas, levando a sincronização dos disparos neurais, quanto ao enfraquecimento, podendo aparar as conexões e conseqüentemente levando a dessincronização dos osciladores e a segmentação das frequências dos disparos neurais.

O novo modelo é dividido em três partes essenciais: 1 - Busca e criação de novas conexões, 2 - adaptação das conexões, 3 - cálculo das trajetórias e variáveis do modelo

de oscilador. Antes de dar início a estas três partes, o modelo gera uma matriz $N \times N$ das forças de conexões (K) com valores em zero, sendo N a quantidade de amostras, no entanto, para os elementos inicialmente classificados ($\forall x_i^{c_p} \in X^L$), conexões são criadas entre as amostras que possuem o mesmo rótulo ($y_i = y_j$), ou seja:

$$K_{ij} = \begin{cases} \left(K_{min} + \frac{K_{max} - K_{min}}{2} \right) e^{-\alpha d(x_i^{c_p}, x_j^{c_p})}, & \text{Se } y_i = y_j, \\ 0, & \text{Se } y_i \neq y_j \text{ ou } y_j \notin \mathcal{L} \end{cases} \quad (3.12)$$

em que K_{ij} é a força de acoplamento entre os osciladores i e j , K_{min} e K_{max} são os valores mínimos e máximos do intervalo de forças que permite a sincronização, α é um parâmetro que controla o decaimento do termo exponencial e por fim $d(x_i^{c_p}, x_j^{c_p})$ é a distância ou similaridade entre as amostras $x_i^{c_p}$ e $x_j^{c_p}$.

Além desta matriz, o modelo utiliza outras quatro variáveis, sendo três delas para a atualização das forças e a quarta para busca e construção de conexões. Dentre as três significativas para a força de acoplamento, a primeira é um vetor $G_{in} = \{g_{in}^{c_1}, g_{in}^{c_2}, \dots, g_{in}^{c_p}, \dots, g_{in}^{c_P}\}$ de tamanho $\mathcal{L}$, em que cada elemento representa o *grau interno* ou a quantidade de conexões que existem entre os osciladores de mesmo rótulo c_p . A segunda variável é a matriz de *grau de saída por grupo* G_{out} com N linhas e $|\mathcal{L}|$ colunas, onde cada elemento g_{jp}^{out} representa a quantidade de conexões que *incidem* no neurônio j oriundas dos neurônios de rótulo c_p .

A terceira variável é parecida com a segunda e ela representa o *grau de incidência total* ou o *grau de convergência* G_{conv} , ou seja, cada elemento g_{jp}^{conv} representa a soma da quantidade de conexões oriundas dos grupos diferentes de c_p , pois representa a convergência no grupo c_p . Uma forma de compreender estas variáveis é através da ilustração na Figura 25, no caso há apenas dois rótulos, então G_{out} e G_{conv} não apresentam diferenças, mas caso houvesse, por exemplo, três rótulos sendo o terceiro rótulo criando três conexões com o neurônio 5, então a diferença seria que o grau de saída para cada rótulo 1, 2 e 3 seriam 3, 2 e 3 conexões, enquanto o grau de convergência, seria 5, 6 e 5.

Por fim, a quarta variável é a capacidade de conexões que um neurônio i pode criar, ou seja, o *grau de saída por neurônio* G_i^{out} , o qual é um vetor de dimensão $|N|$. Este vetor cresce continuamente a cada conexão que o neurônio i cria, no entanto, quando o grau alcançar um valor limite definido inicialmente, $G_i^{out} = G_{lim}^{out}$, então o oscilador i não pode mais criar conexões.

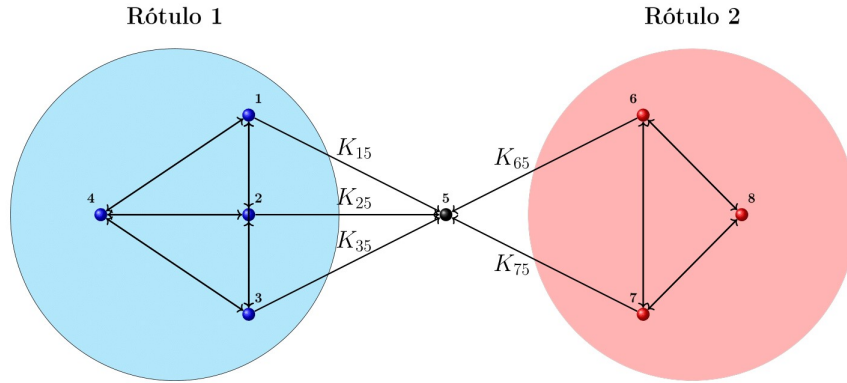


Figura 25 – A ilustração apresenta oito neurônios, sendo quatro deles (esferas azuis) pertencentes ao rótulo 1, enquanto três deles (esferas vermelhas), pertencem ao rótulo 2, e apenas um neurônio (em preto), não possui nenhuma classificação sendo este o competido pelo grupos. As flechas indicam as conexões entre os neurônios, assim, o grau interno do grupo 1 é 13, e o grau interno do grupo 2 é 8. Já o grau de convergência para o grupo 1 é o valor 2, pois é a quantidade de conexões oriundas do grupo 2, e para o rótulo 2 o grau de convergência é 3.

Assim o processo iterativo dá-se início, em que a cada iteração t a amostra não rotulada $x_j^u \in X^u$ busca conectar-se a alguma amostra rotulada $x_i^{c_p}$, para tal efeito o modelo calcula a similaridade entre as duas amostras $d(x_j^u, x_i^{c_p})$ e assim como no Algoritmo 3, o modelo analisa se a similaridade está abaixo de um certo valor limite, que é o raio da hipersfera (R), caso esteja e caso o grau de saída G_i^{out} do neurônio i for menor que o grau máximo G_{lim}^{out} , então uma conexão é criada entre os osciladores i e j , utilizando uma

equação parecida com a Eq.(3.12):

$$K_{ij} = \begin{cases} \left(K_{min} + \frac{K_{max} - K_{min}}{2} \right) e^{-\alpha d(x_j^u, x_i^{c_p})}, & \text{Se } d(x_j^u, x_i^{c_p}) \leq R, \\ 0, & \text{caso contrário,} \end{cases} \quad (3.13)$$

Ao criar uma conexão, o grau interno do grupo c_p ($g_{in}^{c_p}$) é acrescentado em 1, assim como o grau de saída do grupo c_p (g_{jp}^{out}) e o de saída do neurônio i (G_i^{out}). Após esta fase de busca e criação de conexão, é necessário calcular o grau de convergência do neurônio j para cada grupo c_p , por simplesmente somando os graus de saída de todo grupo diferente de c_p , como na Eq. (3.14):

$$g_{jp}^{conv} = \sum_{l=1, l \neq p}^P g_{jl}^{out} \quad (3.14)$$

Se após este processo não há nenhum grau convergente no neurônio j , ou seja o grau de saída $g_{jl}^{out} = 0$ para todo $l \neq p$, implica que somente o grupo c_p conectou-se a ele, e portanto este oscilador recebe o rótulo c_p ao qual ele se conectou. Caso haja grau convergente, então o oscilador passa a ser disputado, e a vitória ou derrota dos grupos dependem da adaptação das forças de conexão utilizando a equação a seguir:

$$K_{ij} = \begin{cases} K_{max}, & \text{Se } K_{ij} = K_{max}, \\ K_{ij} + \Delta k P(G_{in}, G_{conv}) - \Delta K P(G_{conv}), & \text{Se } K_{min} \leq K_{ij} < K_{max}, \\ 0, & \text{Se } K_{ij} < K_{min}, \end{cases} \quad (3.15)$$

em que ΔK é a intensidade tanto do reforço quanto da punição para a força de conexão. Já $P(G_{in}, G_{conv})$ e $P(G_{conv})$ são funções de probabilidade para o reforço e punição, respectivamente, as quais são:

$$P(G_{in}, G_{conv}) = 1 - e^{-G_{in} e^{-\gamma G_{conv}}} \quad (3.16)$$

$$P(G_{conv}) = 1 - e^{-\beta G_{conv}} \quad (3.17)$$

Em que β e γ são parâmetros de decaimento.

A dinâmica da equação é simples, a variável de grau interno aumenta a probabilidade de reforço, agindo como se fosse o aprendizado Hebbiano, ou seja, neurônios

que disparam juntos estão sincronizados, e portanto pertencem a um mesmo grupo. Estes neurônios reforçam as suas conexões baseado no aumento da quantidade de conexões existentes entre si. Então, supondo que não há convergências de outros grupos $G_{conv} = 0$, e as conexões internas aumentam $G_{in} \rightarrow \infty$, desta maneira:

$$\begin{aligned} \lim_{G_{in} \rightarrow \infty} P(G_{in}, 0) &= 1 - e^{-G_{in}e^{-\gamma_0}} \rightarrow \lim_{G_{in} \rightarrow \infty} P(G_{in}, 0) = 1 - e^{-G_{in}1} \\ &\rightarrow P(\infty, 0) = 1 - e^{-\infty} = 1 - 0 = 1 \end{aligned} \quad (3.18)$$

$$P(G_{conv} = 0) = 1 - e^{-\beta_0} = 1 - 1 = 0 \quad (3.19)$$

Portanto, se não há convergência e o grau interno tende ao infinito, a probabilidade de reforço tende ao valor máximo enquanto a da punição é zero. Em contrapartida, a variável do grau de convergência aumenta a probabilidade de punição e diminui a do reforço, pois o grau de convergência age como se os grupos estivessem competindo pela sincronização do neurônio disputado. Desta forma, os grupos tentam punir as conexões uns dos outros a cada iteração t , eventualmente a punição supera o reforço e as forças de acoplamento começam a diminuir. Aqueles cuja força ficar abaixo de K_{min} perdem a competição e a conexão é zerada, assim vence o grupo que ainda obtiver pelo menos uma conexão com o neurônio antes disputado. Assim, se houver um valor fixo de G_{in} e o grau de convergência tende ao infinito $G_{conv} \rightarrow \infty$, então:

$$\begin{aligned} \lim_{G_{conv} \rightarrow \infty} P(G_{in}, G_{conv}) &= 1 - e^{-G_{in}e^{-\gamma G_{conv}}} \rightarrow P(G_{in}, \infty) = 1 - e^{-G_{in}e^{-\gamma \infty}} \\ &\rightarrow P(G_{in}, \infty) = 1 - e^{G_{in}0} = 1 - 1 = 0 \end{aligned} \quad (3.20)$$

$$\lim_{G_{conv} \rightarrow \infty} P(G_{conv}) = 1 - e^{-\beta G_{conv}} = 1 - e^{-\beta \infty} = 1 - 0 = 1 \quad (3.21)$$

Portanto, como mencionado anteriormente, a punição supera o reforço com o aumento do grau de convergência. Após este processo de competição, não há mais grau de convergência entre os grupos, já que não há conexões oriundas entre si, desta forma o oscilador antes disputado passa a ser classificado pelo grupo que venceu a disputa. Em seguida, a probabilidade de reforço começa a aumentar e a de punição diminuir como provado nas Eqs. (3.18) e (3.19).

Por fim, a terceira e última parte é o cálculo das variáveis do modelo de oscilador utilizando a Eq. (2.10) e a atualização do raio da hipersfera, sempre aumentando de

acordo com:

$$R = R + \frac{6\max\{\sigma_{c_p}\}}{v} \quad (3.22)$$

em que $\max\{\sigma_{c_p}\}$ representa o desvio padrão máximo dentre todos os desvios gerados pelas distribuições das amostras inicialmente classificadas de cada rótulo $c_p \in \mathcal{L}$, e v é uma velocidade de crescimento do raio da hipersfera. Assim o algoritmo pode ser descrito como:

Algoritmo 7: Competição pela Sincronização de Neurônios

Inicializa a matriz de força de acoplamento por 3.12
 Inicializa as matrizes de grau de saída por grupo G_{out} e de convergência G_{conv}
 Inicializa os vetores do grau interno G_{in} e o de saída G_i^{out}
 Inicializa os tensores das variáveis dos osciladores $D(T, |X|, N)$ e das fases $\Phi(T, N)$, sendo T o tempo, $|X|$ a quantidade de variáveis e N o total de amostras.
repita
 Selecione uma amostra não rotulada x_j^u
 repita
 Faça a busca utilizando 3.13
 se $G_i^{out} < G_{lim}^{out}$ **então**
 Atualize G_{out} , G_{in} e G_i^{out} se encontrar conexões
 fim
 até todas as amostras classificadas $x_i^{c_p} \in X^L$;
 Calcule G_{conv} a partir de G_{out}
 Caso não haja convergência, o oscilador já é classificado pelo grupo que ele criou conexão
 Atualize a matriz das forças de acoplamento utilizando 3.15
 Atualize G_{out} , G_{in} , G_{conv} e G_i^{out} caso haja cortes de conexão
 Classifique os dados cujas disputas tenham terminado
 Atualize os valores das variáveis de $X(t)$ para $X(t+1)$ utilizando 2.10
 Calcule $\Phi[t+1]$ utilizando 3.1 e salve em $\Phi(t+1, N)$;
 Atualize o raio da hipersfera utilizando 3.22
até $t = T$ ou todas as amostras forem classificadas;

A complexidade do algoritmo nas inicializações é dominada pela geração do tensor das variáveis dos osciladores, pois o tempo T deve ser maior ou igual a quantidade de amostras N , para que dê tempo o suficiente para o algoritmo classificar todas as amostras não-rotuladas, e como a quantidade de variáveis do oscilador, $|X|$, depende do modelo escolhido, mesmo que este valor seja mínimo, $|X|=1$, assim como o tempo

$T=N$, a complexidade de tempo seria $O(N^2)$, contudo, para o pior caso a complexidade é $O(T|X|N)$, que é superior as complexidades da força de acoplamento, $O(N^2)$, grau interno ($O(P)$), de saída $O(N)$, grau de saída por grupo e o de convergência que são iguais ($O(NP)$) e das fases ($O(TN)$), sendo que $P < N$.

No processo de busca, o elemento não rotulado analisa cada elemento rotulado $x_i^{c_p} \in X^L$ para a criação de novas conexões, sendo L o tamanho do vetor das amostras rotuladas, portanto o laço interno do algoritmo teria complexidade $O(L)$, porém o modelo dinamicamente aumenta o vetor de dados classificados a cada iteração, portanto, no pior caso este laço teria complexidade $O(N - 1)$ quando todas as amostras já foram classificadas, exceto a que está tentando criar uma conexão. O cálculo de G_{conv} a partir de G_{out} é um processo cuja complexidade é $O(P^2)$, pois para o cálculo da convergência em cada grupo g_{jp}^{conv} é necessário somar os graus de saída dos outros grupos de acordo com a Eq. (3.14).

O processo de atualização das forças de acoplamento possui complexidade $O(N^2)$ já que é uma matriz $N \times N$ e a atualização dos graus G_{in} é $O(P)$, já de G_{out} e G_{conv} a complexidade é $O(NP)$, enquanto G_i^{out} é $O(N)$. Assim, a atualização do potencial de ação para cada neurônio com o acoplamento entre N possíveis neurônios é um processo cuja complexidade é $O(N^2)$, portanto, a complexidade que sobressai sobre todas as outras é a de $O(N^2)$. Por fim, o laço externo que finaliza no tempo final T , possui complexidade $O(TN^2)$. Assim, como a quantidade de amostras é muito maior que a de variáveis em um modelo de oscilador, $N \gg |X|$, então a complexidade final do algoritmo é $O(TN^2)$.

3.5.1 Análise do Comportamento da Força de Acoplamento

Nesta subseção foi realizada a análise da força de acoplamento, do termo de reforço e da punição, variando alguns parâmetros da Eq. (3.15). As variações estão presentes na Tabela 14, onde cada linha representa o parâmetro que foi variado ou manteve-se fixo, enquanto as colunas representam as imagens geradas.

As imagens possuem dois gráficos, o primeiro mostra os comportamentos dos termos de reforço e punição variando dois parâmetros, enquanto o gráfico à direita apresenta o comportamento da força de acoplamento.

Tabela 14 – Combinação de parâmetros da força de acoplamento

Parâmetros	Imagem 1	Imagem 2	Imagem 3
Grau Incidente (G_{conv})	$0 \leq G_{conv} \leq 50$	$0 \leq G_{conv} \leq 50$	$0 \leq G_{conv} \leq 50$
Grau Interno (G_{in})	$100 \leq G_{in} \leq 1000$	1000	1000
γ	0,5	$0,1 \leq \gamma \leq 3$	0,3
β	2	2	$0,001 \leq \beta \leq 2$

3.5.2 Seleção de Parâmetros

Nesta subseção, o modelo foi aplicado em alguns conjuntos de dados artificiais variando a quantidade de conexões que um neurônio pode realizar (G_{lim}^{out}), o número de amostras inicialmente classificadas (L), assim como a velocidade de crescimento da hiperesfera (v), para analisar a sua performance. Os parâmetros são testados com o acréscimo dos valores de acordo com a Tabela 15, cada uma das 1350 combinações são testadas 50 vezes para obter a média da porcentagem de acerto na classificação das amostras.

Tabela 15 – Combinação de Valores dos Parâmetros do Modelo

Parâmetros	Valores
G_{lim}^{out}	5, 10, 15, 20, 25, 50
L	2, 5, 10, 12, 15, 20, 22, 25, 30, 32, 35, 40, 42, 45, 50
v	2, 3, 4, 5, 10, 20, 30, 40, 50, 75, 100, 200, 300, 400, 500

3.5.3 Comparação de Performance

Para realizar a análise da performance do modelo de competição pela sincronização dos neurônios, sete conjuntos de dados foram utilizados. As características destes dados se encontram na Tabela 16.

Contudo, a performance do modelo foi comparada com outros modelos de aprendizado semi-supervisionado, sendo eles encontrados na Tabela 17.

No caso dos métodos Self-Training e Tri-Training, foram utilizados quatro classificadores base como realizado em (TRIGUERO; GARCÍA; HERRERA, 2015), com a exceção da árvore de decisão, em que foi utilizado o algoritmo CART ((BREIMAN

Tabela 16 – Características dos Conjuntos de dados

Nome	Classes	Atributos	Amostras
Banknote	2	4	1372
Breast Cancer Winsconsin	2	31	569
Pima Indians Diabetes	2	8	768
Phoneme	2	5	5404
Sonar	2	60	208
Spam	2	57	4601
Wine Quality	7	11	4898

Tabela 17 – Métodos de Aprendizado Semi-Supervisionado utilizados na comparação de performance.

Abreviação	Método	Referência
LP	Label Propagation	(XIAOJIN; ZOUBIN, 2002)
LS	Label Spreading	(ZHAO; CARVALHO; LI, 2004)
ST	Self-Training	(YAROWSKY, 1995)
TT	Tri-Training	(ZHOU; LI, 2005)
PCC	Particle Competition and Cooperation	(BREVE et al., 2011)

et al., 1984)) ao invés do C4.5 ((QUINLAN, 1993)). Assim, a Tabela 18 apresenta os classificadores utilizados e seus parâmetros:

Tabela 18 – Classificadores Base utilizados nos métodos de Self-Training e Tri-Training

Abreviação	Classificador	Parâmetros
KNN	K-Nearest Neighbor	K=3, distância euclidiana
CART	Classification and Regression Tree	medida por entropia, mínimo de amostras em um nó-folha = 2
NB	Naive Bayes	Nenhum parâmetro especificado
SVC	Support Vector Classifier	C = 1,0, tolerância = 0,001, kernel=polinomial, grau polinomial=1, probabilidade=verdade

No caso do modelo de Competição pela Sincronização de Neurônios desenvolvido neste trabalho, os parâmetros escolhidos foram:

Por fim, para todos os modelos foram selecionados 10% de cada conjunto dos dados como os elementos inicialmente classificados, dividindo esta porcentagem igualmente entre as classes. As implementações das metodologias encontradas neste capítulo

Tabela 19 – Parâmetros do modelo de Competição pela Sincronização de Neurônios.

Parâmetro	Valor
Modelo Neural	Izhikevic
Similaridade	Distância Euclideana
α	0,1
β	2,0
γ	1,5
ΔK	0,3
v	70
G_{lim}^{out}	15

foram realizadas com a linguagem de programação Python versão 3.6.8. O equipamento utilizado foi um laptop da Avell C65-7 com um processador Intel Core i7-8750H 2.2 GHz com seis núcleos e 12 threads, uma memória física (RAM) de 16 GB, sistema operacional Windows 10 Home, e uma placa de vídeo NVIDIA GeForce GTX 1060.

4 RESULTADOS

Neste capítulo serão apresentados os resultados obtidos pelas simulações computacionais realizadas nas etapas discutidas no Capítulo 3. Inicialmente serão retratados os estudos das dinâmicas do potencial de membrana dos modelos contínuos (HODGKIN; HUXLEY, 1952; HINDMARSH; ROSE, 1984; LAPICQUE, 1907) com termos estocásticos e os caóticos de tempo discreto (RULKOV, 2002; IZHIKEVICH, 2003; COURBAGE; NEKORKIN; VDOVIN, 2007), possibilitando a criação de N osciladores distintos.

Em sequência, é analisada a possibilidade de sincronização ao acrescentar um termo de acoplamento nos modelos de osciladores, o qual representa a sinapse elétrica entre os neurônios. O procedimento ocorre ao variar a força de acoplamento, equivalente a condutância elétrica, com a intenção de encontrar o intervalo em que o fenômeno de sincronização ocorre. À vista disso, foram selecionados valores dentro deste intervalo da força de acoplamento e aplicados em osciladores que possuem conexões entre si (matriz de adjacência), com a intenção de gerar acoplamento entre alguns osciladores e o não-acoplamento entre outros, de forma a agrupar os neurônios em diferentes grupos.

Na Seção 4.3, o algoritmo de aprendizado semi-supervisionado para tarefas de classificação baseado no processo de construção dos complexos simpliciais pelo método de Čech, foi implementado nos conjuntos de dados *Iris* e *Breast Cancer Winsconsin*, variando tanto o diâmetro da hiperesfera, quanto a quantidade de dados inicialmente rotulados, com o intuito de obter a acurácia do modelo. Em sequência, o modelo foi comparado com os métodos descritos nos Algoritmos 1 e 2 ao utilizar os dados de *Bank Authentication*, *Breast Cancer Winsconsin*, *Pima Indian Diabetes*, *Iris*, *Sonar* e *Wine Quality*.

Na Seção 4.4 são apresentados resultados da dinâmica neural, assim como as diferenças de fases e das trajetórias, utilizando como exemplo o modelo de Hodgkin-Huxley. Estes resultados são obtidos após (*propagação estática*) e durante (*propagação dinâmica*) a classificação dos dados não-rotulados. De forma que seja possível visualizar o processo de classificação após um intervalo temporário de transição da estocasticidade para a ordem através da sincronização dos disparos neurais, assim como a diferença entre

os clusters por meio da segmentação temporal entre os disparos dos osciladores com rótulos distintos.

Por fim, na Seção 4.5 são apresentados os resultados obtidos testando o modelo de competição pela sincronização de neurônios (Seção 3.5), sendo eles os comportamentos da equação de adaptação da força de acoplamento variando os seus parâmetros G_{conv} , G_{in} , β e γ , assim como os mapas das acurácias ao fazer combinações dos parâmetros G_{lim}^{out} , L e v aplicados em seis conjuntos de dados artificiais. Por fim, são obtidas as acurácias do modelo testado em diferentes conjuntos de dados reais comparados a outros métodos de aprendizado semi-supervisionado.

4.1 Simulações da Dinâmica Neural

De acordo com a Seção 3.1 foram gerados os gráficos da dinâmica do potencial de ação para os modelos de tempo contínuo com termos estocásticos e os caóticos de tempo discreto, com o intuito de gerar osciladores com evoluções temporais distintas e assim representar amostra particulares. A seguir as figuras 26, 27 e 28 apresentam as trajetórias e atividades neurais de 100 osciladores dos modelos contínuos que visivelmente disparam em tempos diferentes.

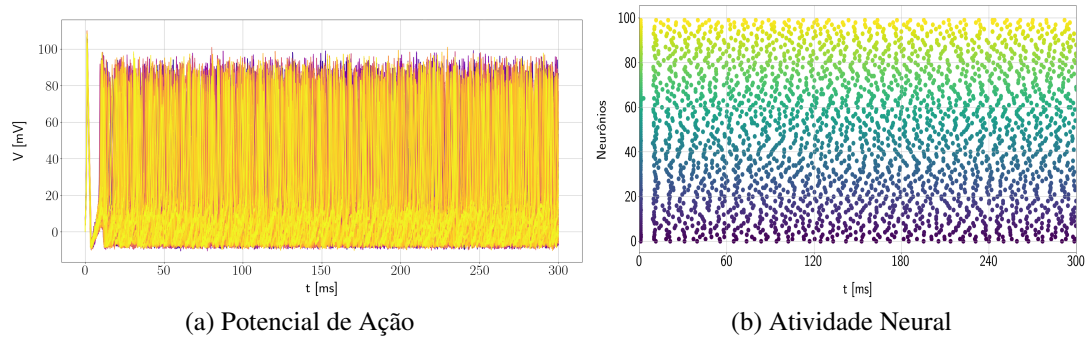


Figura 26 – Evolução temporal do potencial de ação de 100 neurônios do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley

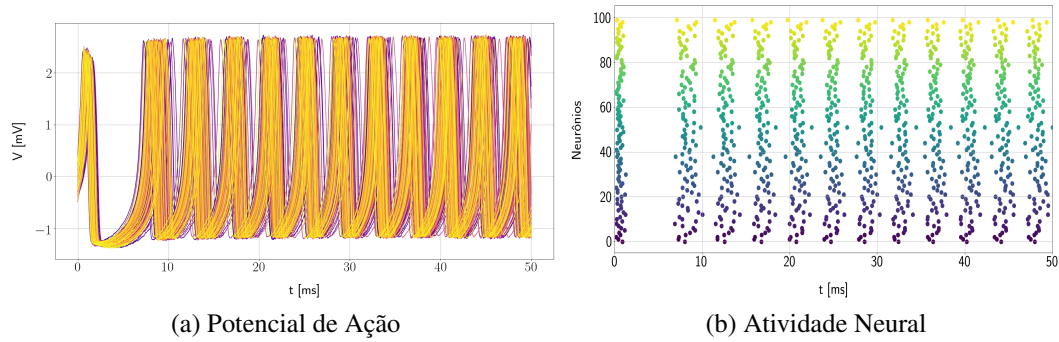


Figura 27 – Evolução temporal do potencial de ação de 100 neurônios do modelo estocástico de Hindmarsh-Rose.

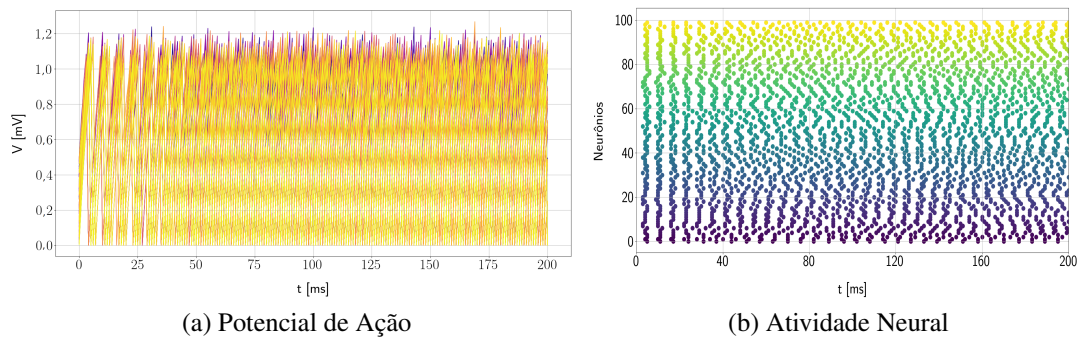


Figura 28 – Evolução temporal do potencial de ação de 100 neurônios do modelo estocástico de Integra-e-Dispara.

Os modelos de tempo discreto e caóticos também apresentaram a possibilidade de gerarem osciladores com evoluções temporais e atividades neurais distintas como apresentados nas figuras 29, 30 e 31.

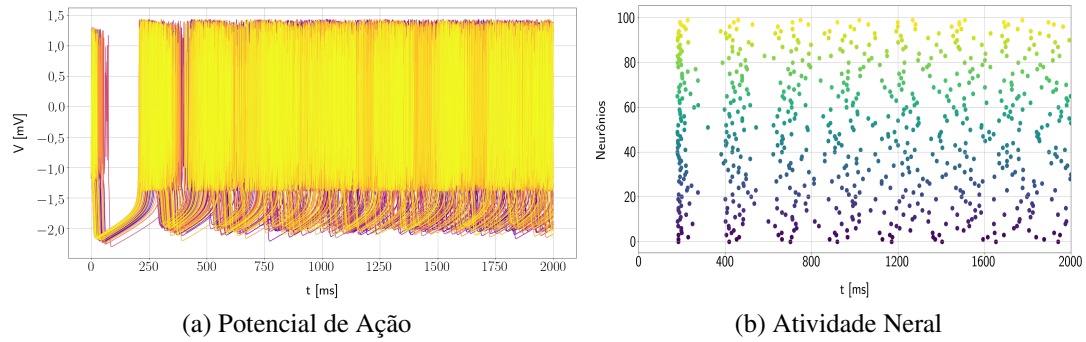


Figura 29 – Evolução temporal do potencial de ação de 100 neurônios do modelo de Rulkov.

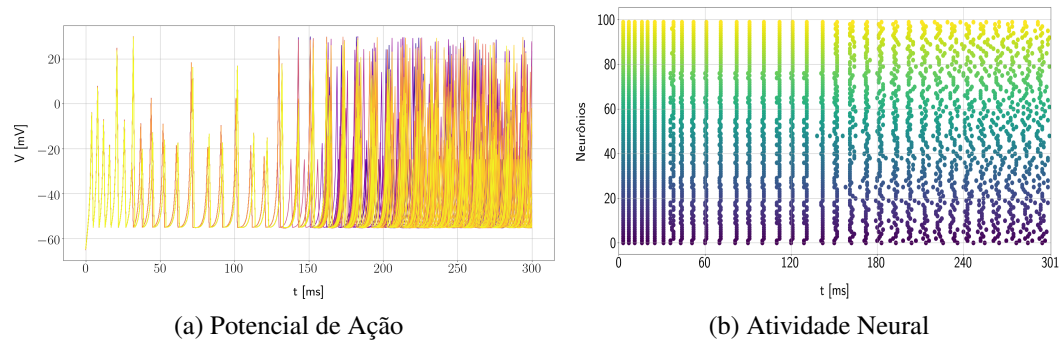


Figura 30 – Evolução temporal do potencial de ação de 100 neurônios do modelo de Izhikevic.

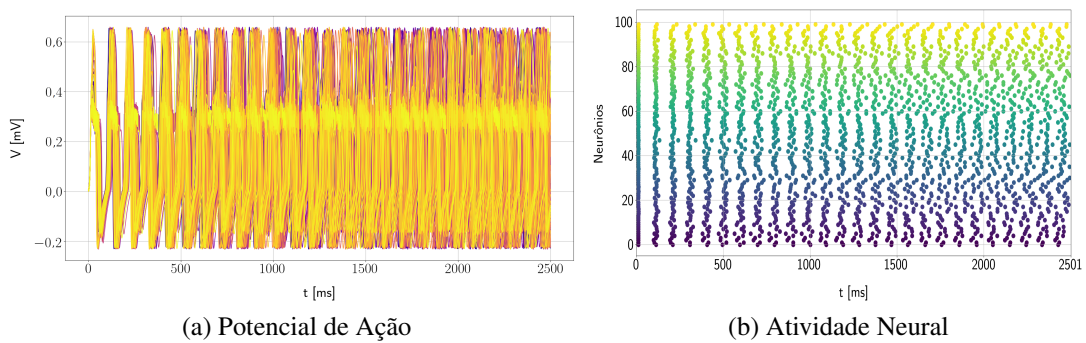


Figura 31 – Evolução temporal do potencial de ação de 100 neurônios do modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin.

As irregularidades nas diferenças entre as fases e das trajetórias dos osciladores, evidenciam a deslocação temporal e espacial das trajetórias, respectivamente, causadas pela estocasticidade quanto pelo caos. Tais fenômenos são evidenciados nas figuras 32, 33, 34, 35, 36, 37.

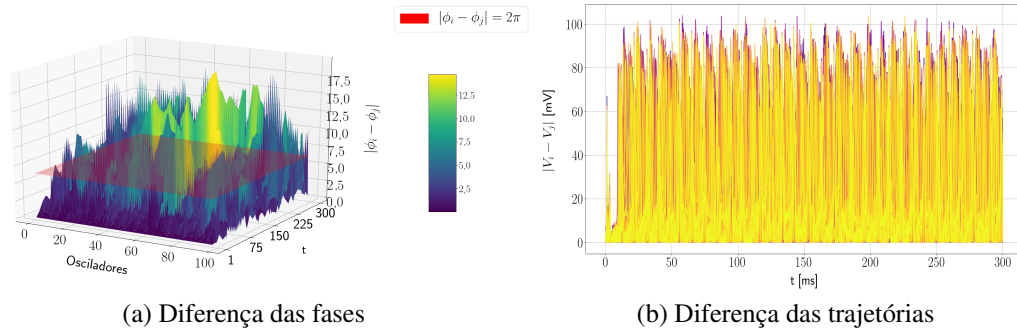


Figura 32 – Diferenças entre osciladores de Hodgkin-Huxley Estocástico.

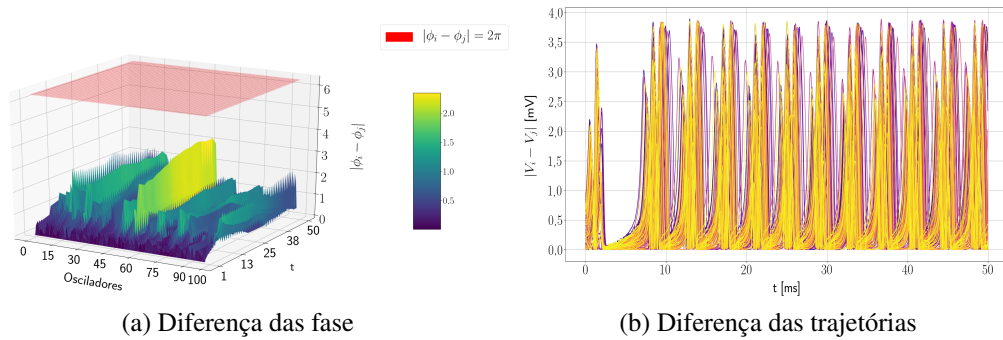


Figura 33 – Diferenças entre osciladores de Hindmarsh-Rose Estocástico.

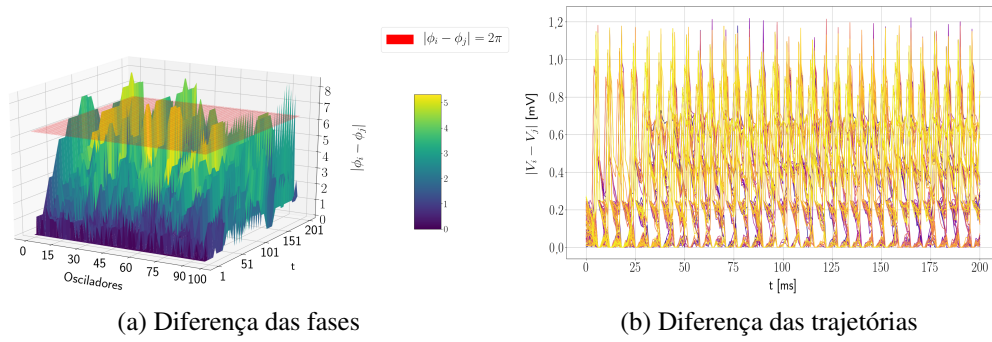


Figura 34 – Diferenças entre osciladores de Integra-e-Dispara Estocástico.

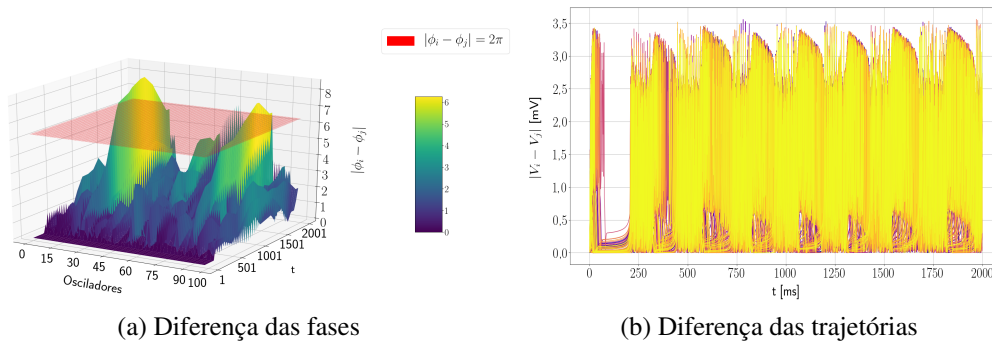


Figura 35 – Diferenças entre osciladores de Rulkov Caótico.

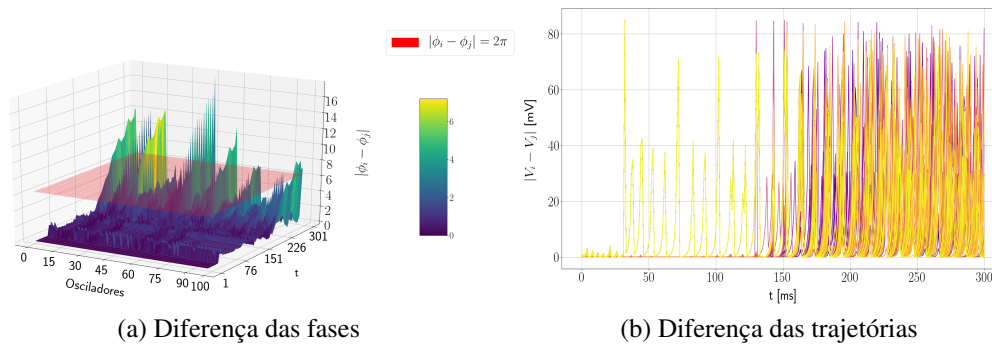


Figura 36 – Diferenças entre osciladores de Izhikevic Caótico.

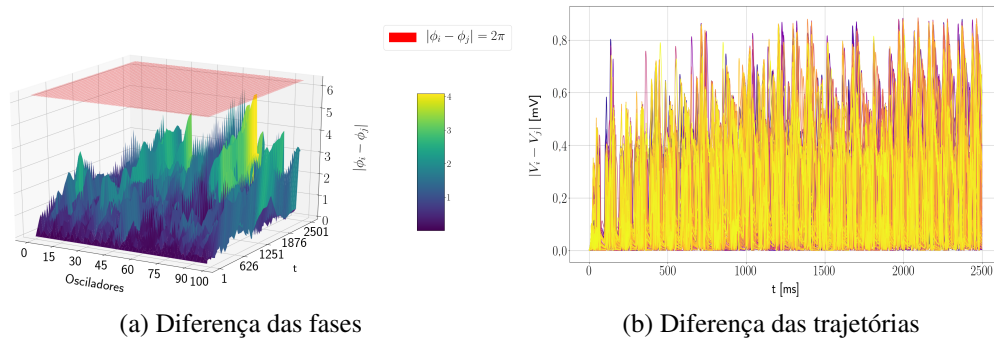


Figura 37 – Diferenças entre osciladores de Courbage-Nekorkin-Vdovin Caótico.

O limite de sincronização determinado para a diferença das fases, como apresentado na Eq. (2.54) foi escolhido em $C = 2\pi$. No entanto, mesmo os osciladores estando não-sincronizados nos resultados apresentados, dependendo do modelo as diferenças nas frequências dos disparos neurais se encontram abaixo deste limite. Isto não significa que os osciladores estejam sincronizados, mas que o alcance da diferença das fases de cada modelo possa ser inferior a 2π , e consequentemente o limite de sincronização se encontra em alguma região entre o valor 0 e este alcance, sendo zero o valor mínimo da Eq. (2.54), implicando na sincronização em fase.

4.2 Simulações de Sincronização

O objetivo é mostrar a possibilidade de sincronização entre os osciladores gerados pelos modelos de neurônios biológicos estudados neste projeto de pesquisa, para isso a força de acoplamento K , representada pela condutância elétrica J_E , variou em 100 iterações entre os valores apresentados na Tabela 9, com intervalos distintos para cada modelo. Em toda iteração i , foram calculadas as diferenças dos crescimentos das fases de modo a identificar se elas estavam presas entre si por um certo limite, determinado pelo valor 2π .

No entanto, os modelos estocásticos são sensíveis a intensidade de estocasticidade que os envolvem e por isso foi analisada a possibilidade de sincronização utilizando diferentes valores de σ_V , para avaliar em quais circunstâncias a influência estocástica permite a sincronização dos osciladores. Para o modelo de Hodgkin-Huxley, utilizaram-se

valores de σ_V em 0,5, 1,0, 1,5 e 2,0 como mostrados nas figuras 38, 39, 40 e 41.

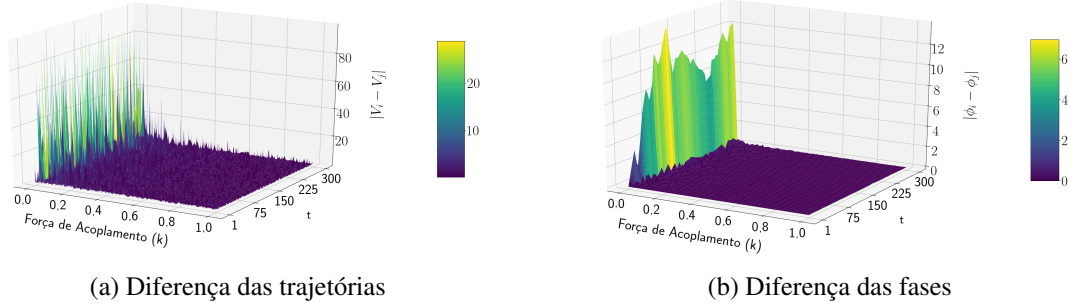


Figura 38 – Modelo estocástico de Hodgkin-Huxley - variando K entre [0,1] e com $\sigma_V = 0,5$

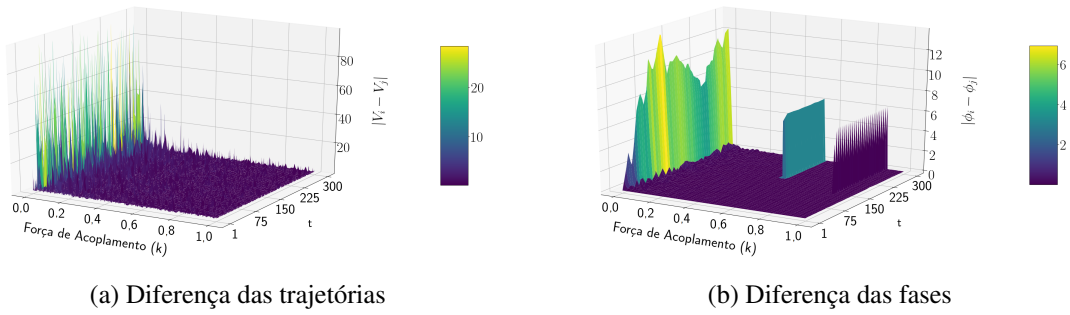


Figura 39 – Modelo estocástico de Hodgkin-Huxley - variando K entre [0,1] e com $\sigma_V = 1,0$

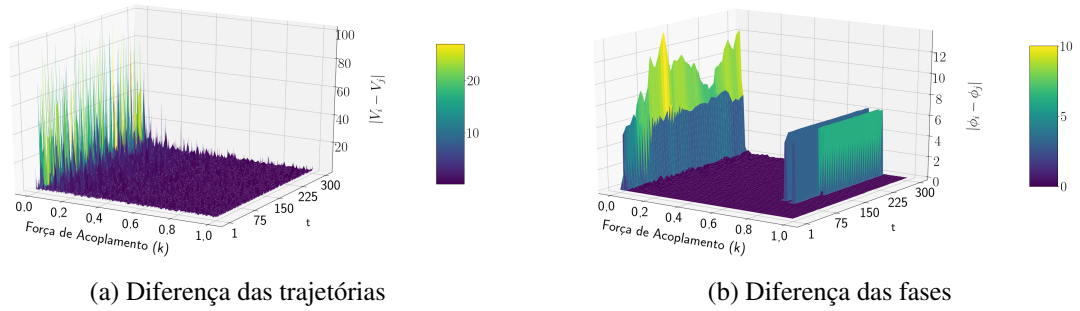


Figura 40 – Modelo estocástico de Hodgkin-Huxley - variando K entre $[0,1]$ e com $\sigma_V = 1,5$

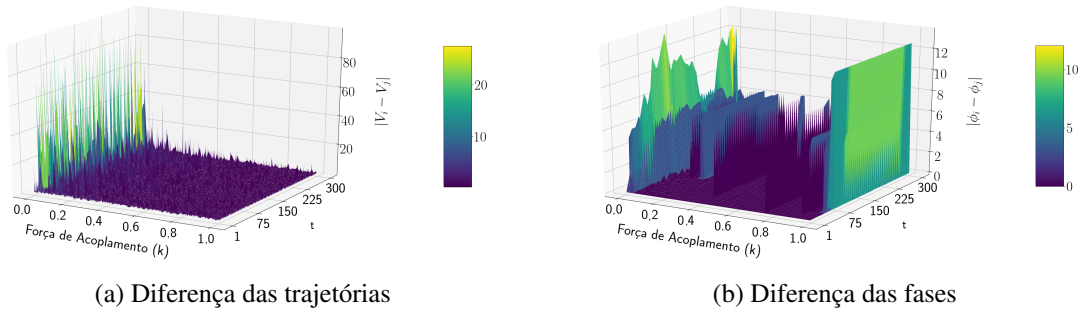


Figura 41 – Modelo estocástico de Hodgkin-Huxley - variando K entre $[0,1]$ e com $\sigma_V = 2,0$

Quando o valor de σ_V é 0,5, as figuras mostram que há um intervalo da força de acoplamento em que as diferenças, tanto das fases quanto das trajetórias, são aproximadamente nulas. Esta região encontra-se em $0,1 \lesssim K \leq 1,0$, implicando em uma sincronização entre os dois osciladores. Para valores de K maiores que 1 e menores que 0, o comportamento das trajetórias do modelo tornam-se divergentes a dinâmica natural e portanto são desconsiderados. Consequentemente, para valores do termo de estocasticidade maiores que 1, irregularidades nas diferenças das fases e trajetórias começam a aparecer, identificando a impossibilidade de sincronização do modelo com altos componentes estocásticos.

Os mesmos valores de σ_V foram utilizados para o modelo estocástico de Hindmarsh-Rose, exceto para o Integra-e-Dispara, cujos valores foram determinados em 0,1 e 0,2.

Os resultados são apresentados nas Figuras 42, 43, 44 e 45 para o modelo de Hindmarsh-Rose enquanto as Figuras 46 e 47 mostram o comportamento da sincronização para o modelo de Integra-e-Dispara com influências estocásticas distintas.

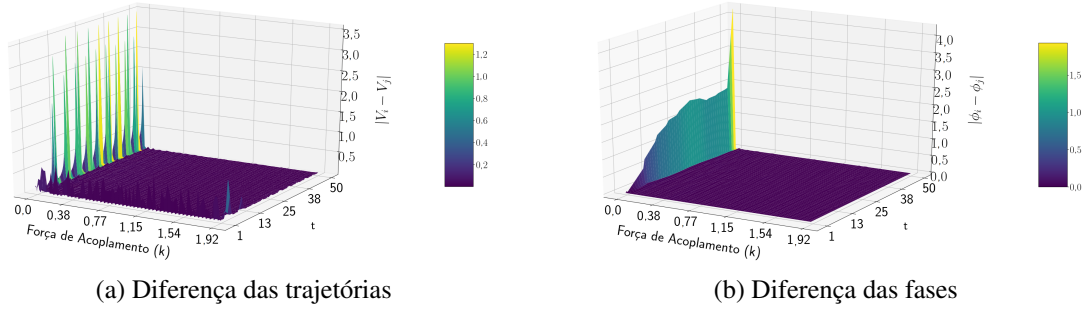


Figura 42 – Modelo estocástico de Hindmarsh-Rose - variando K entre $[0 \text{ e } 1,92]$ com $\sigma_V = 0,5$

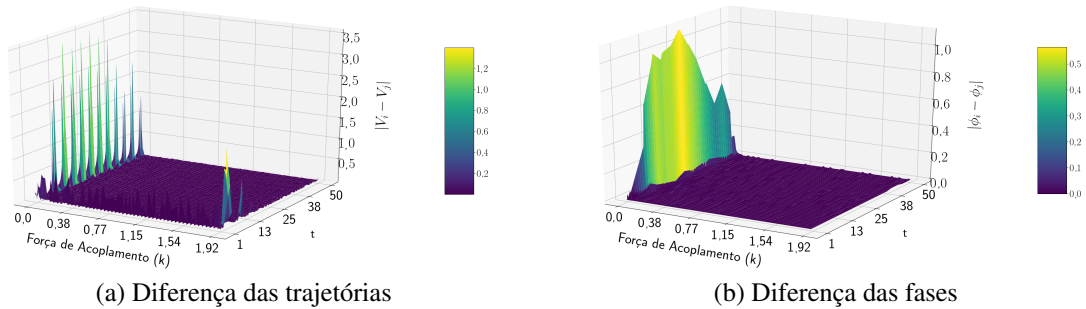


Figura 43 – Modelo estocástico de Hindmarsh-Rose - variando K entre $[0 \text{ e } 1,92]$ com $\sigma_V = 1,0$

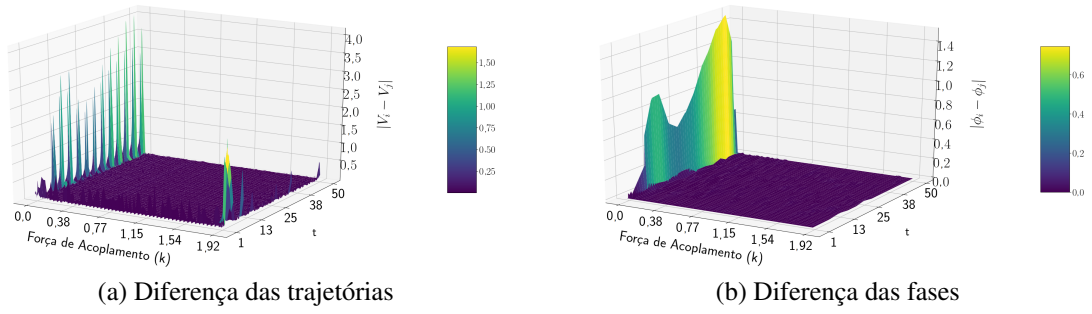


Figura 44 – Modelo estocástico de Hindmarsh-Rose - variando K entre [0 e 1,92] com $\sigma_V = 1,5$

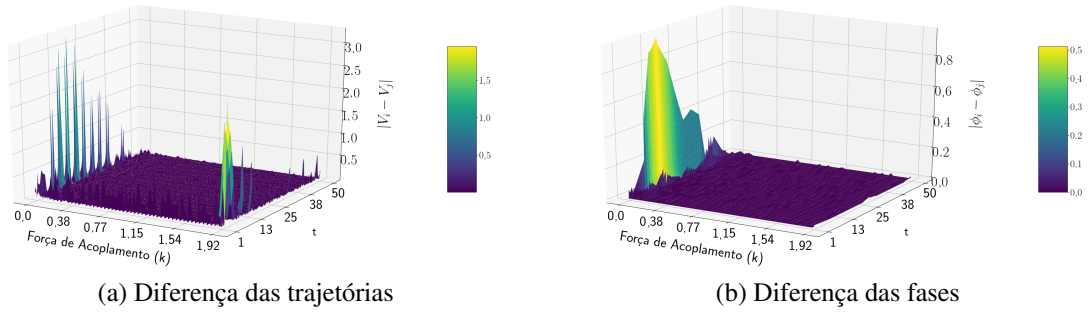


Figura 45 – Modelo estocástico de Hindmarsh-Rose - variando K entre [0 e 1,92] com $\sigma_V = 2,0$

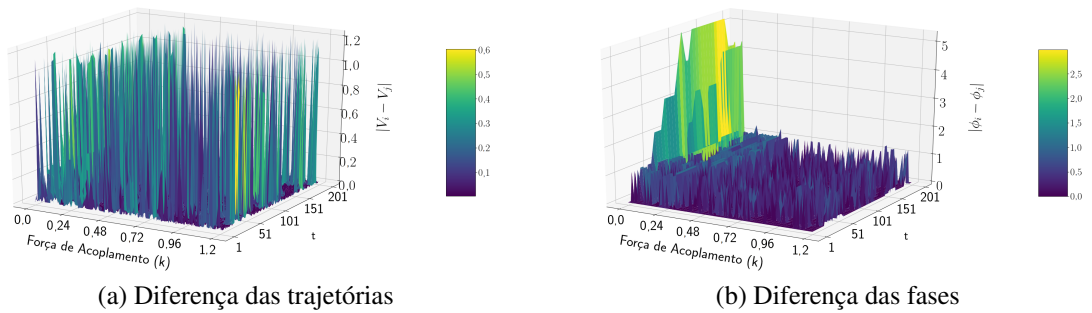


Figura 46 – Modelo estocástico de Integra-e-Dispara - variando K entre [0 e 1,92] com $\sigma_V = 0,1$

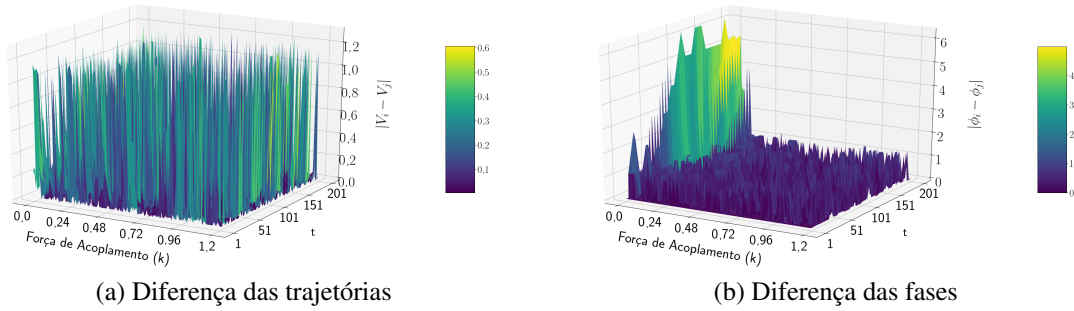


Figura 47 – Modelo estocástico de Integra-e-Dispara - variando K entre $[0 \text{ e } 1,2]$ com $\sigma_V = 0,2$

Os modelos não apresentaram tantas mudanças nas diferenças de fase, porém para o caso de Hindmarsh-Rose, as trajetórias apresentaram um pequeno crescimento em suas diferenças nos intervalos de tempo iniciais. Desta forma, os valores de σ_V para o modelo de Hindmarsh-Rose não evidenciaram significativa influencia estocástica na eminência de provocar a dessincronização como no caso de Hodgkin-Huxley.

O mesmo processo foi realizado para os modelos caóticos de tempo discreto, como evidenciados nas Figuras 48, 49 e 50. No caso dos modelos de Izhikevic e Courbage-Nekorkin-Vdovin, para baixos valores da força de acoplamento existem irregularidades nas diferenças de fases e trajetórias, então a partir de determinados valores de K , subitamente as diferenças tendem a 0, possivelmente evidenciando uma sincronização completa. No cenário do modelo de Rulkov, as diferenças das fases apresentam pequenas irregularidades abaixo de um determinado valor da força de acoplamento ($K \lesssim 0,22$) e então acima de tal limite, as diferenças tornam-se crescentes. Apesar destas pequenas irregularidades presentes abaixo deste limite, as trajetórias apresentam-se aparentemente sincronizadas como serão evidenciadas nos experimentos realizados sobre a segmentação temporal da dinâmica neural.

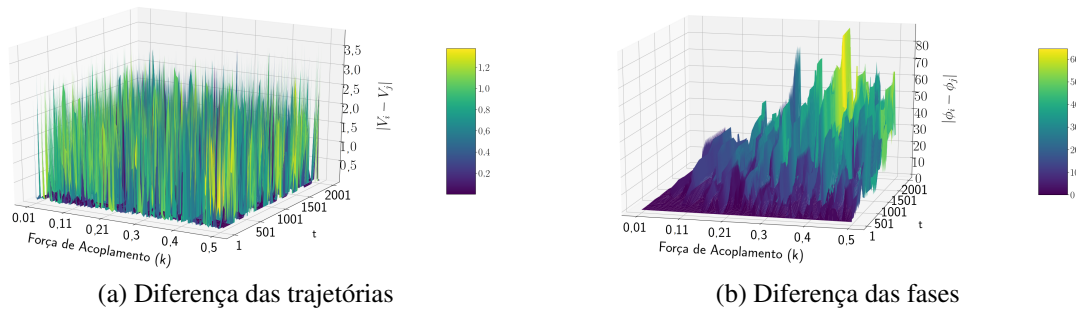


Figura 48 – Modelo caótico de Rulkov - variando K entre [0,01 e 0,5]

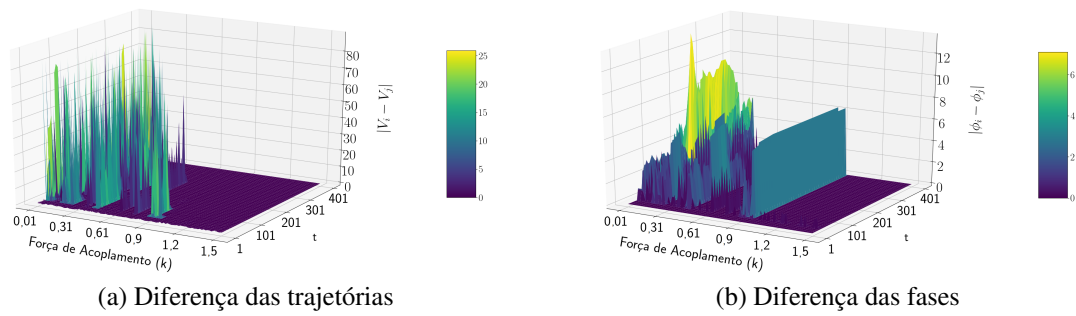


Figura 49 – Modelo caótico de Izhikevic - variando K entre [0,01 e 1,5]

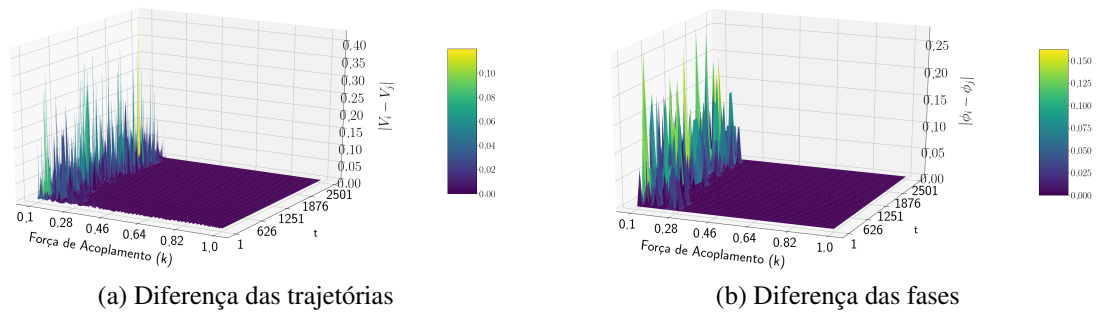


Figura 50 – Modelo caótico de Courbage-Nekorkin-Vdovin - variando K entre [0,1 e 1,0]

Portanto, os intervalos onde ocorre o fenômeno de sincronização $[K_{min}, K_{max}]$, assim como os valores de σ_V escolhidos para os modelos estocásticos estão apresentados na tabela 20

Tabela 20 – Sincronização: Intervalo da força de acoplamento e valor de σ_V

Modelo	K_{min}	K_{max}	σ_V
Hodgkin-Huxley	0,1	1	0,5
Hindmarsh-Rose	0,076	1,92	1
Integra-e-Dispara	0,36	1,2	0,2
Rulkov	0,01	0,22	
Izhikevic	0,9	1,5	
Courbage-Nekorkin-Vdovin	0,298	1	

Desta maneira, os valores da Tabela 11 escolhidos para que ocorra o fenômeno de sincronização e a segmentação temporal em três frequências distintas dos disparos neurais, como descrito na seção 3.2.2, são valores baseados na Tabela 20. A intenção é demonstrar que há a possibilidade de representar amostras que possuem o mesmo rótulo, como osciladores sincronizados, enquanto as amostras de classes distintas, estão dessincronizadas. Para tanto, serão apresentados os gráficos das trajetórias, atividades neurais e para cada classe será selecionado um oscilador que será utilizado como referência para calcular as diferenças de fases em relação a todos os outros osciladores.

No modelo de Hodgkin-Huxley, as Figuras 51, 52 e 53 evidenciam a segmentação, pois as trajetórias na Figura 51a aparentam ter apenas três osciladores devido a mesma quantidade de frequências distintas. No entanto, na Figura 51b, as atividades neurais apresentam 12 neurônios no sistema, sendo quatro sincronizados em cada frequência, consequentemente havendo três tempos diferentes. O travamento destas periodicidades são melhores visualizadas nas diferenças das fases, pois os osciladores de mesmo grupo possuem uma diferença quase nula, mostrando que as suas trajetórias encontram-se sincronizadas por fase. Em contrapartida, as diferenças das fases entre os osciladores de classes distintas possuem altos valores não-nulos e portanto não estão sincronizados.

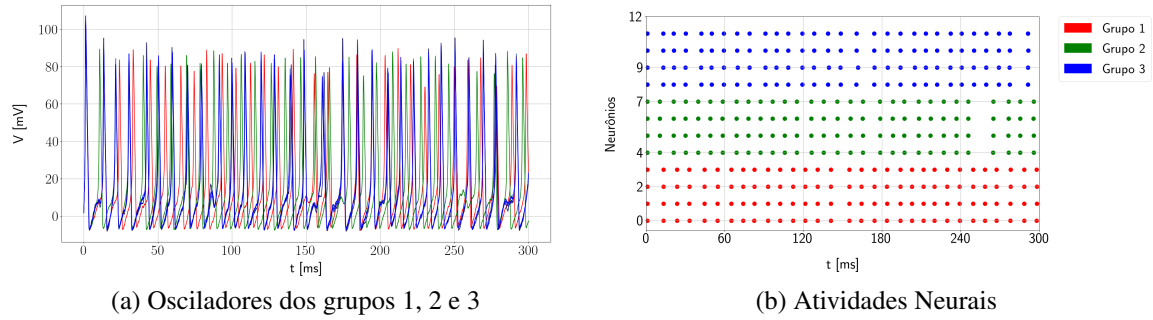


Figura 51 – Trajetórias sincronizadas do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley.

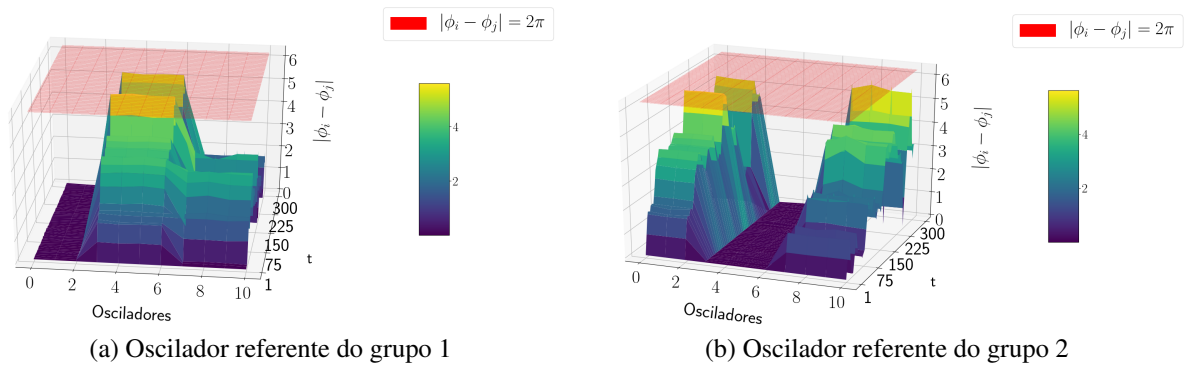


Figura 52 – Diferenças das fases referentes aos grupos 1 e 2 de Hodgkin-Huxley

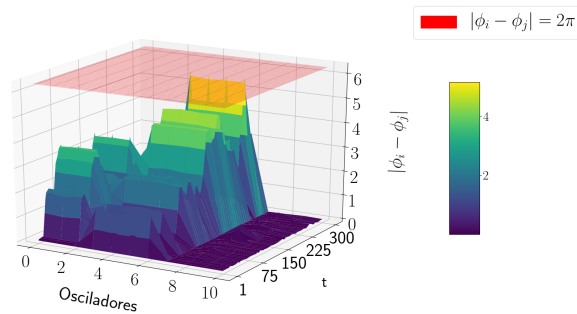


Figura 53 – Diferença das fases referente ao oscilador do grupo 3 de Hodgkin-Huxley

A mesma análise dos modelos estocásticos são apresentadas nas Figuras 54, 55, 56 para o de Hindmarsh-Rose e nas Figuras 57, 58, 59 para o modelo Integra-e-Dispara.

A dinâmica neural de Hindmarsh-Rose apresenta uma sincronização completa e, portanto por fase, pois as diferenças das trajetórias dos osciladores pertencentes a um mesmo grupo tendem a zero. No entanto, o modelo Integra-e-Dispara evidencia oscilações nas diferenças das fases em relação a todos os neurônios, tornando inconclusivo a segmentação por sincronização dos osciladores em diferentes grupos.

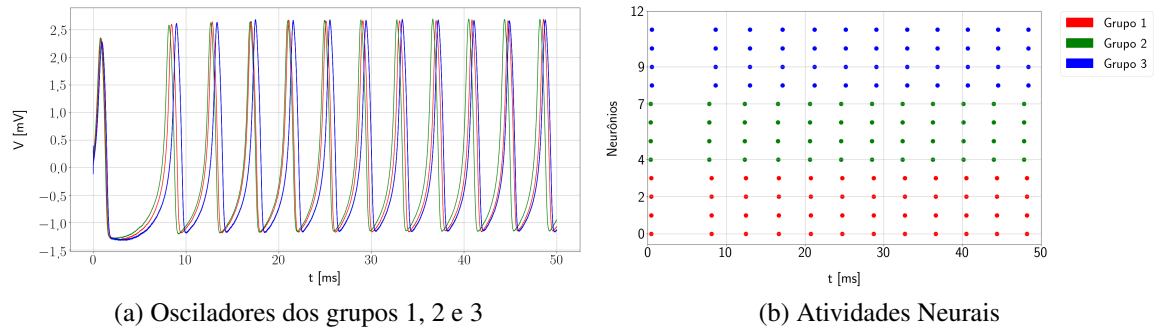


Figura 54 – Trajetórias sincronizadas do modelo estocástico de Hindmarsh-Rose.

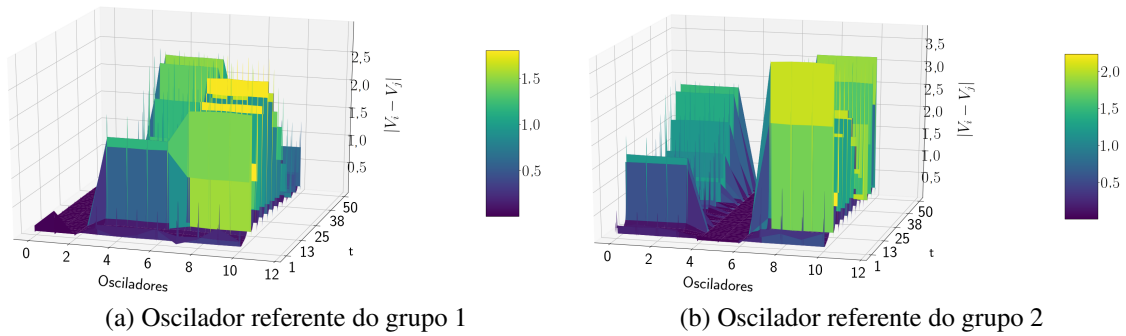


Figura 55 – Diferenças das fases referentes aos grupos 1 e 2 de Hindmarsh-Rose

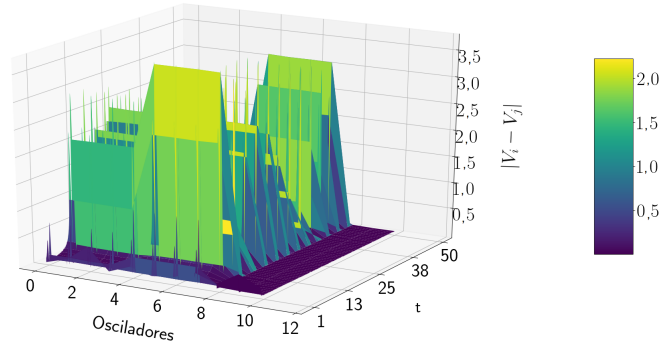


Figura 56 – Diferença das fases referente ao oscilador do grupo 3 de Hindmarsh-Rose

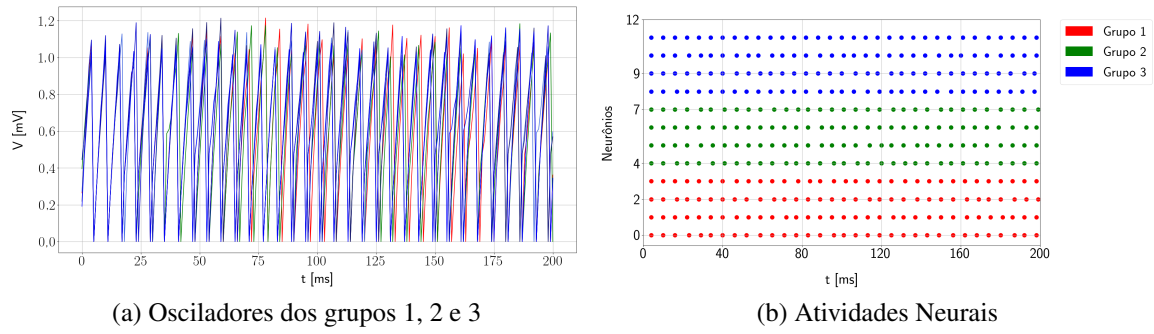


Figura 57 – Trajetórias sincronizadas do modelo estocástico de Integra-e-Dispara

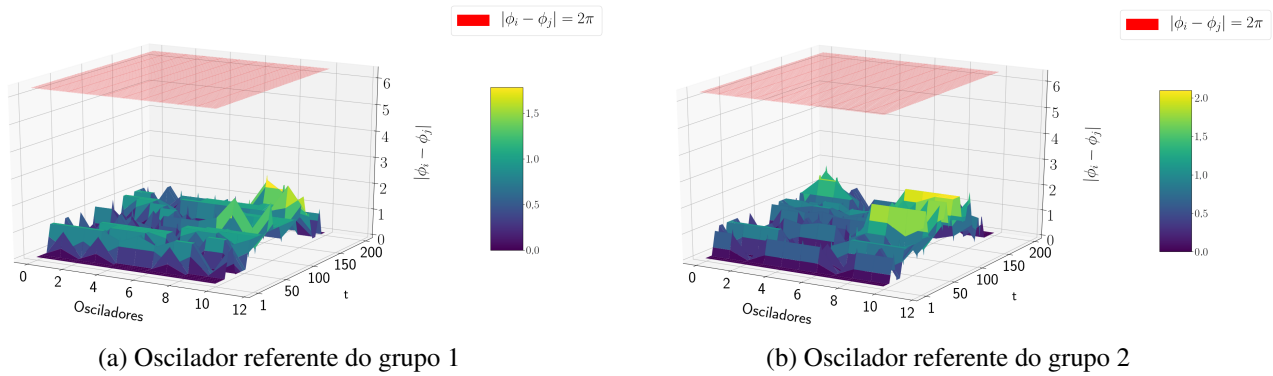


Figura 58 – Diferenças das fases referentes aos grupos 1 e 2 de Integra-e-Dispara

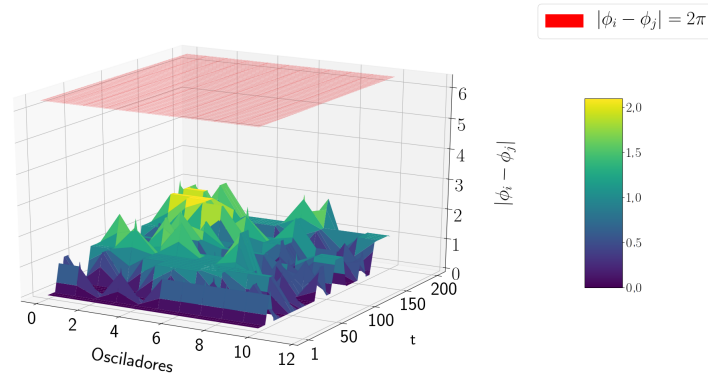


Figura 59 – Diferença das fases referente ao oscilador do grupo 3 de Integra-e-Dispara

Por fim, nas análises dos modelos caóticos evidenciam que no modelo de Rulkov (Figuras 60, 61 e 62), a segmentação por sincronização torna-se tão inconclusiva quanto o modelo Integra-e-Dispara devido as irregularidades nas diferenças das fases e nas atividades neurais, apesar das trajetórias aparentarem três tempos distintos. Em contrapartida, os modelos de Izhikevich (Figuras 63, 64, 65) e Courbage-Nekorkin-Vdovin (Figuras 66, 67, 68), apresentam uma sincronização completa devido as diferenças de trajetória tenderem a zero, isso implica em osciladores iguais e consequentemente fases idênticas.

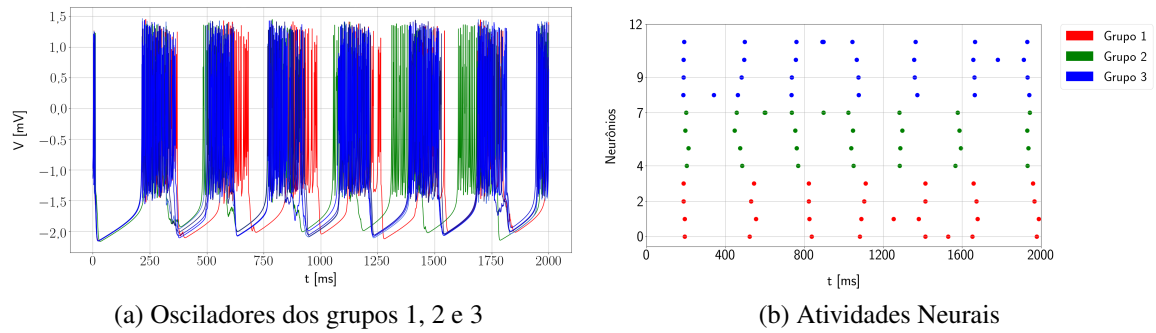


Figura 60 – Trajetórias sincronizadas do modelo caótico de Rulkov

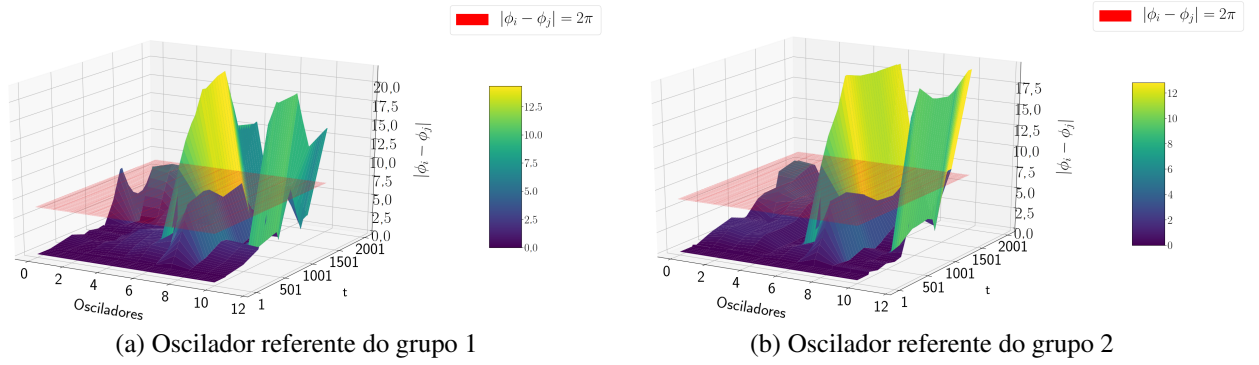


Figura 61 – Diferenças das fases referentes aos grupos 1 e 2 de Rulkov

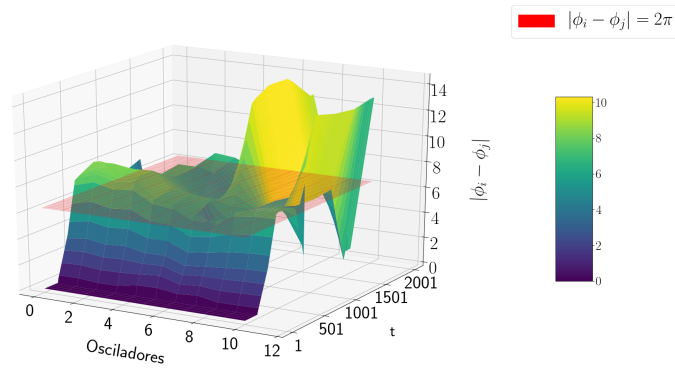


Figura 62 – Diferença das fases referente ao oscilador do grupo 3 de Rulkov

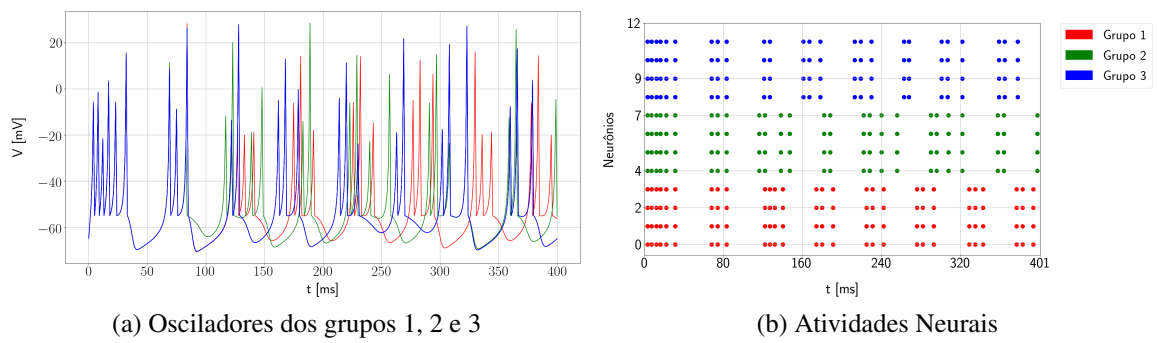


Figura 63 – Trajetórias sincronizadas do modelo caótico de Izhikevich

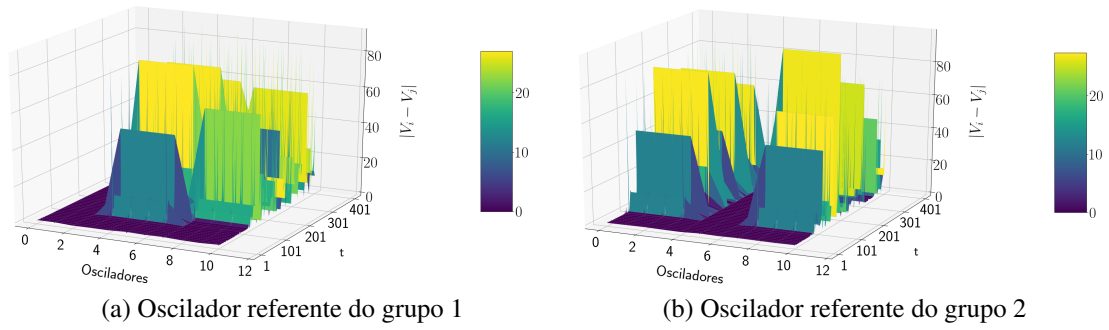


Figura 64 – Diferenças das fases referentes aos grupos 1 e 2 de Izhikevich

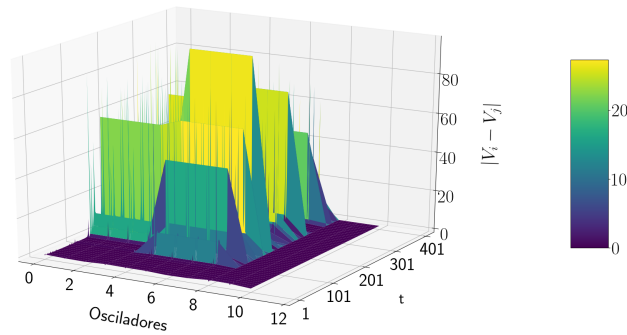


Figura 65 – Diferença das fases referente ao oscilador do grupo 3 de Izhikevich

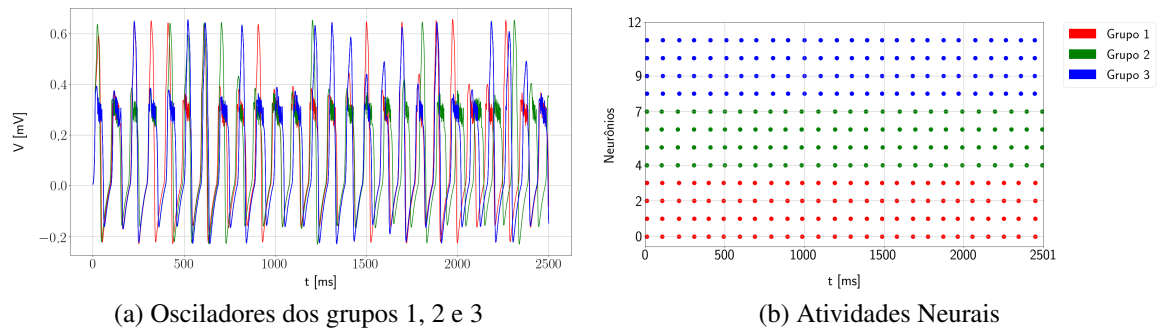


Figura 66 – Trajetórias sincronizadas do modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin

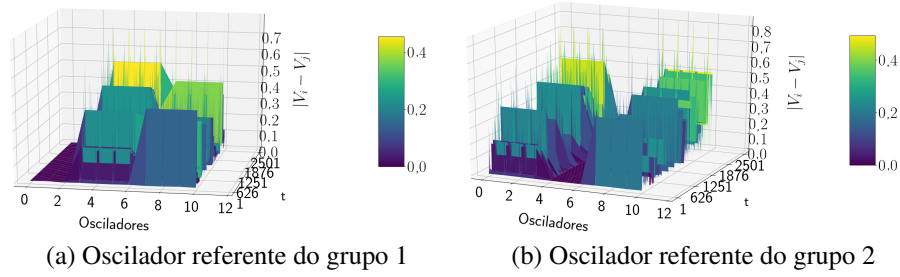


Figura 67 – Diferenças das fases referentes aos grupos 1 e 2 de Courbage-Nekorkin-Vdovin

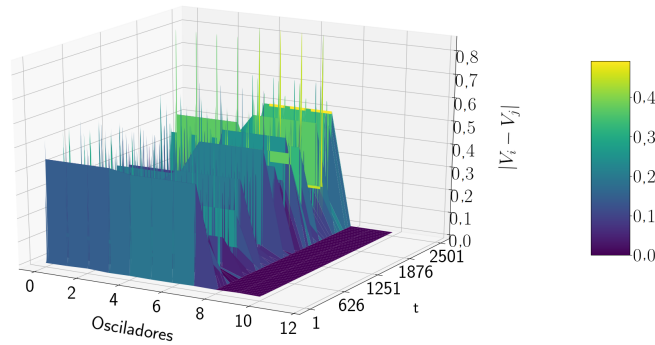


Figura 68 – Diferença das fases referente ao oscilador do grupo 3 de Courbage-Nekorkin-Vdovin

4.3 Simulações do Algoritmo de Complexos Simpliciais Propagando Rótulos

Nesta seção serão exibidos os resultados obtidos após a realização das etapas da Seção 3.3. Inicialmente, será apresentado na Figura 69 o gráfico da complexidade de tempo do Algoritmo 3 para diferentes valores de α . O objetivo é observar se o número de elementos inicialmente rotulados tem influência na quantidade de operações, dado que o numerador da Eq. (3.9) é esta porção de dados classificados.

No entanto, não houve uma divergência significativa no número de operações, dado valores diferentes de α , independentemente da quantidade N de amostras em um

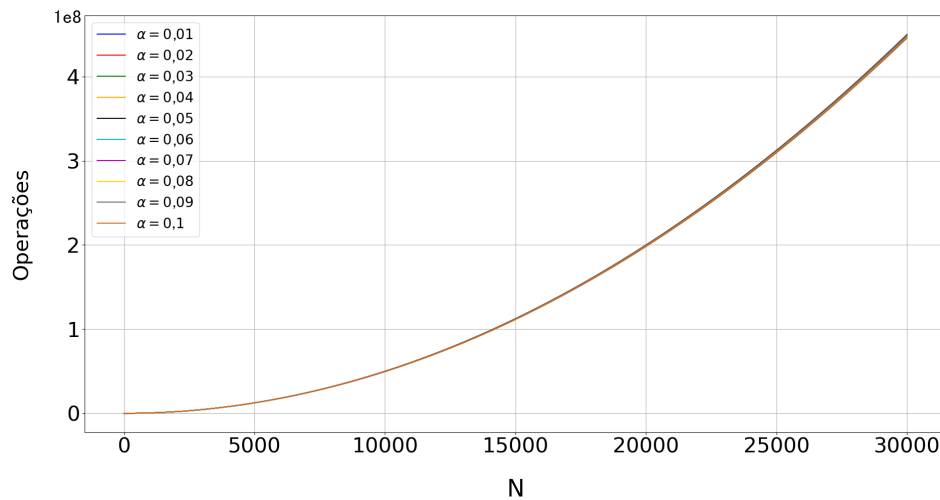


Figura 69 – Análise da complexidade de tempo do algoritmo 3 variando os valores de α entre 0,01 a 0,1.

conjunto de dados.

Na sequência, foram calculadas as acurácias que o Algoritmo 4 obteve ao classificar os elementos não-rotulados nos conjuntos de dados *Iris* e *Breast Cancer Winsconsin*. Ademais, será apresentado o comportamento da quantidade de amostras classificadas em relação ao diâmetro da hiperesfera e, os valores mínimos para que ocorra a classificação de todos os elementos dos conjuntos de dados.

Contudo, para o caso do conjunto de dados *Breast Cancer Winsconsin*, em razão de seus atributos possuírem desvios padrões com altas discrepâncias entre si, foi efetuada a Análise de Componentes Principais e, obtida uma acumulação dos autovalores de cada componente, como mostrado na Figura 70.

Sendo estabelecida uma variância máxima de 95%, foram selecionados os componentes cuja soma de seus autovalores atingiu no máximo este valor, como exibido na legenda da Figura 70. Portanto, foram selecionados os nove primeiros componentes que compõem uma soma acumulada de 94,1% da variância.

As Figuras 71 e 72 mostram a quantidade de elementos classificados pelo Algoritmo 4 em relação ao diâmetro das hiperesferas. Visto que, inicialmente foram determinadas 135 amostras não-rotuladas para o conjunto de dados *Iris* e 549 para a coleção *Breast Cancer Winsconsin*, pode-se visualizar que para determinados valores do diâmetro

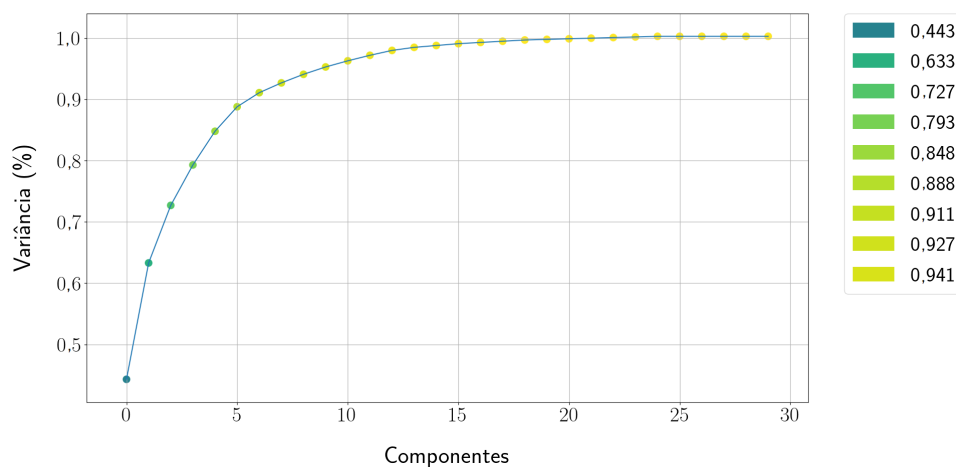


Figura 70 – Variância acumulada por componentes

D, o algoritmo classifica apenas uma porcentagem dos elementos não-rotulados.

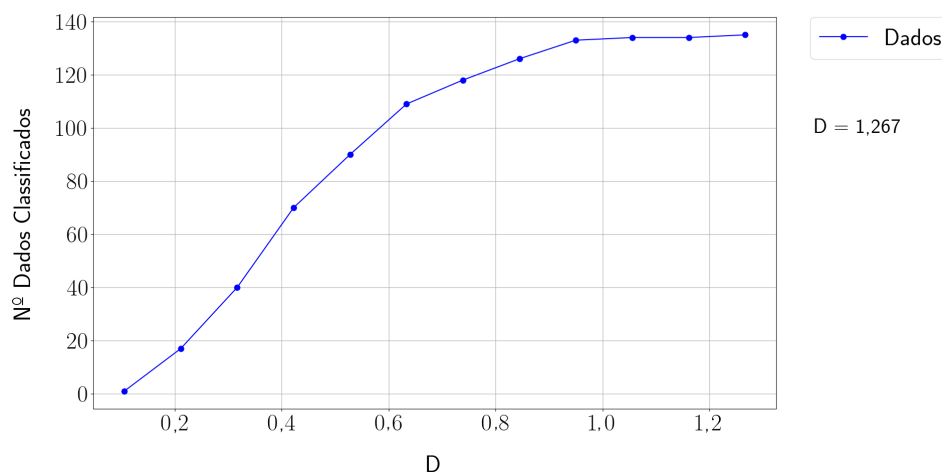


Figura 71 – Diâmetros da hipersfera em relação a quantidade de elementos rotulados do conjunto Iris.

Aparentemente, ambos os gráficos possuem comportamentos parecidos, similar a uma função sigmoide. Dado que, o formato assemelha-se a um S, onde poucas amostras são classificadas em situações onde o diâmetro da hipersfera é baixo, mas com o aumento do diâmetro o número de itens rotulados cresce consideravelmente, até alcançar um certo ponto de saturação. Esta região é o valor de D em que todas as amostras foram

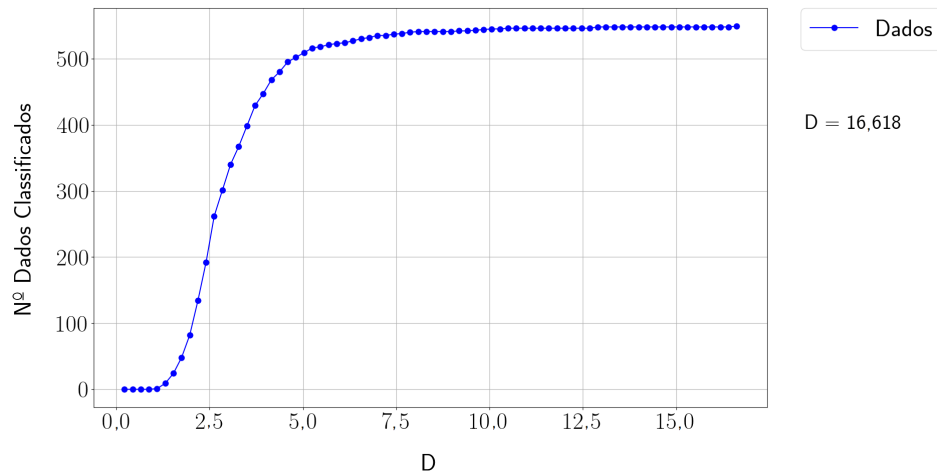


Figura 72 – Diâmetros da hipersfera em relação a quantidade de elementos rotulados do conjunto de dados Breast Cancer Winsconsin.

classificadas, ou existem elementos anômalos (*outliers*) no espaço de atributos e por isso estão *distantes* dos elementos já rotulados. Consequentemente, existe a necessidade de valores maiores do diâmetro da hipersfera para alcançá-los, e portanto, classificá-los.

Nas simulações realizadas, os diâmetros encontrados para os conjuntos de dados *Iris* e *Breast Cancer Winsconsin* foram $D_{Iris} = 1,372$ e $D_{bcw} = 16,4$. Estes valores foram encontrados nas iterações 12 e 74, respectivamente, em um intervalo de $n = 100$ épocas e um passo do diâmetro da hipersfera de $6\sigma_{max}/n$. Estas informações encontram-se na Tabela 21, assim como o desvio padrão máximo estimado para a classificação de todas as amostras ($\sigma_{max}^{estimado}$), sendo definido pela equação a seguir:

$$\sigma_{max}^{estimado} = \frac{Dn}{6i} \quad (4.1)$$

onde D é o diâmetro da hipersfera encontrado pelo Algoritmo 4, i é a iteração quando encontra-se o valor do diâmetro (12 para *Iris* e 74 para *Breast Cancer Winsconsin*) e n é o número de épocas. Além do desvio padrão estimado, são apresentados na Tabela 21: o passo $\Delta D = 6\sigma_{max}/n$ a cada iteração e o erro entre os desvios padrões reais e estimados. Na sequência, as acurácias, em porcentagem, das classificações referente às amostras não-rotuladas dos conjuntos *Iris* e *Breast Cancer Winsconsin*, são apresentadas nas tabelas 22 e 23, respectivamente:

No entanto, para uma melhor análise da porcentagem de acerto na classificação

Tabela 21 – Informações sobre diâmetros da hiperesfera e desvios padrões para os conjuntos de dados Iris e Breast Cancer Winsconsin

Conjunto de Dados	Iris	Breast Cancer Winsconsin
Diâmetro (D)	1,372	16,4
Iteração (i)	12	74
Desvio Padrão Estimado ($\sigma_{max}^{estimado}$)	1,9056	3,69
Desvio Padrão Real (σ_{max}^{real})	1,765	3,644
Passo (ΔD)	0,1059	0,2186
Erro ($\Delta\sigma = \sigma_{max}^{real} - \sigma_{max}^{estimado}$)	0,1406	0,0496

Tabela 22 – Acurácia da classificação do conjunto de dados Iris

Classe	Setosa	Virginica	Versicolor
Acurácia (%)	100	91,11	97,78

Tabela 23 – Acurácia da classificação do conjunto de dados BCW

Classe	Maligno	Benigno
Acurácia (%)	92,08	94,24

dos dados, para cada quantidade de elementos inicialmente rotulados (sementes), foram realizados 100 testes com o algoritmo e obtidos as médias e os desvios padrões das acurácias em relação a cada classe. Os gráficos apresentados nas Figuras 73 e 74 mostram as acurácias médias de cada rótulo em relação aos números de elementos inicialmente rotulados.

Dessa forma, é observável que em média, a acurácia manteve-se na faixa dos 90 a 100%, sem muitas variações significativas ao aumentar a quantidade de amostras inicialmente rotuladas. Implicando que o número de sementes não influencia na acurácia do modelo para o caso dos conjuntos de dados *Iris* e *Breast Cancer Winsconsin*. Contudo veremos que, ao medirmos o *score*, a quantidade total de classificações verdadeiras, há a influência do número de elementos inicialmente rotulados.

Igualmente, foram calculadas as médias e desvios padrões dos diâmetros das hiperesferas que permitiram a classificação completa dos dados não-rotulados para cada quantidade de amostras primeiramente rotuladas.

Os gráficos das Figuras 75 e 76 mostram que os diâmetros também não variam significativamente com a quantidade de elementos inicialmente classificados, implicando

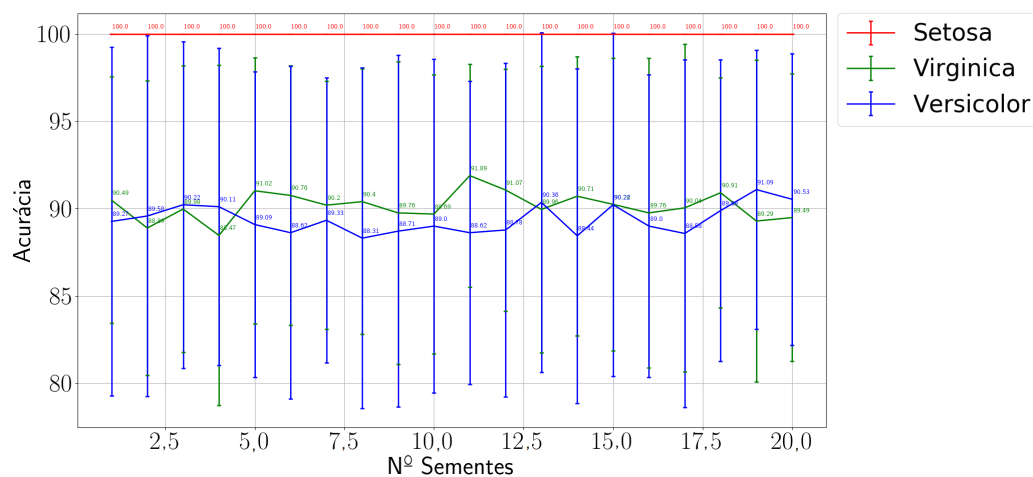


Figura 73 – Iris - Média e desvios padrões da porcentagem de acerto realizado em 100 testes para cada quantidade de *sementes*, ou seja, número de elementos inicialmente classificados.

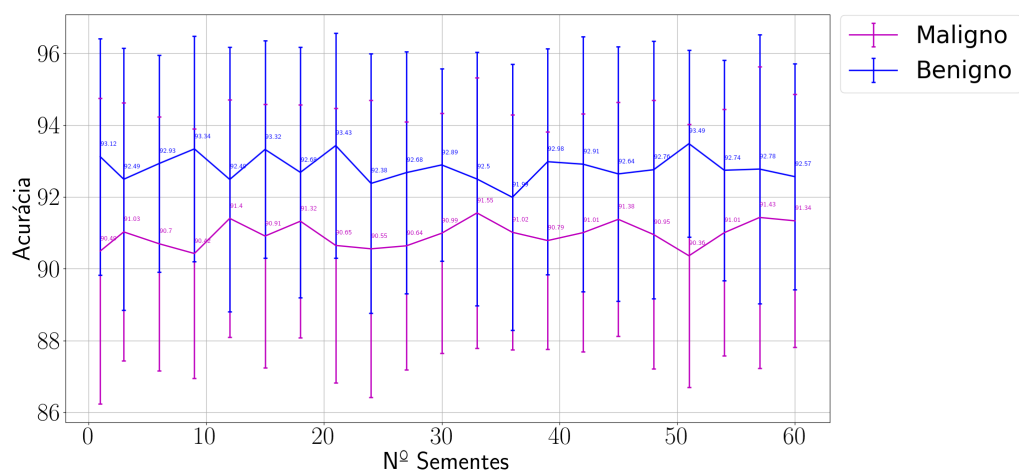


Figura 74 – BCW - Média e desvios padrões da porcentagem de acerto realizado em 100 testes para cada quantidade de *sementes*, ou seja, número de elementos inicialmente classificados.

apenas que os diâmetros são distintos para cada conjunto de dados, ou seja o seu valor depende da distribuição total dos elementos no espaço de atributos.

Por fim, o mesmo procedimento da média das acurácias em 100 testes variando o

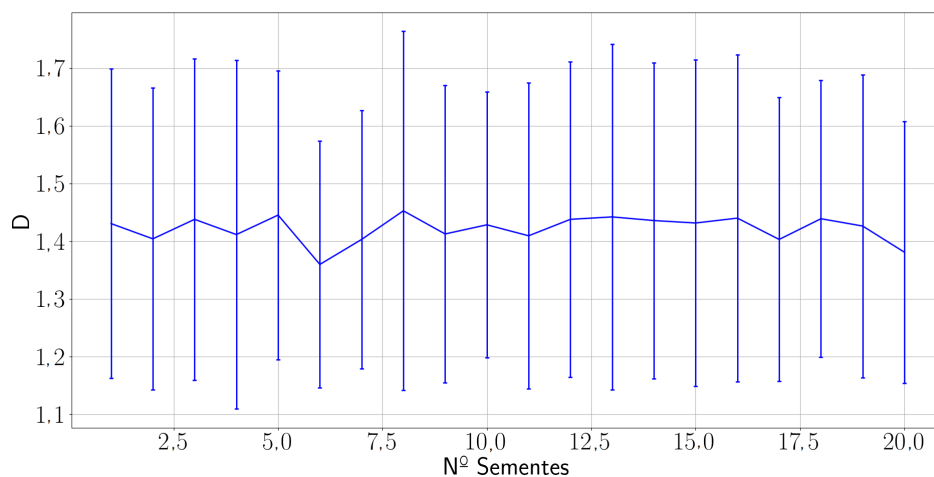


Figura 75 – Iris - Médias e desvios padrões dos diâmetros da hipersfera os quais classificam todos os dados não-rotulados realizados em 100 testes para cada quantidade de *sementes*, ou seja, dados inicialmente classificados.

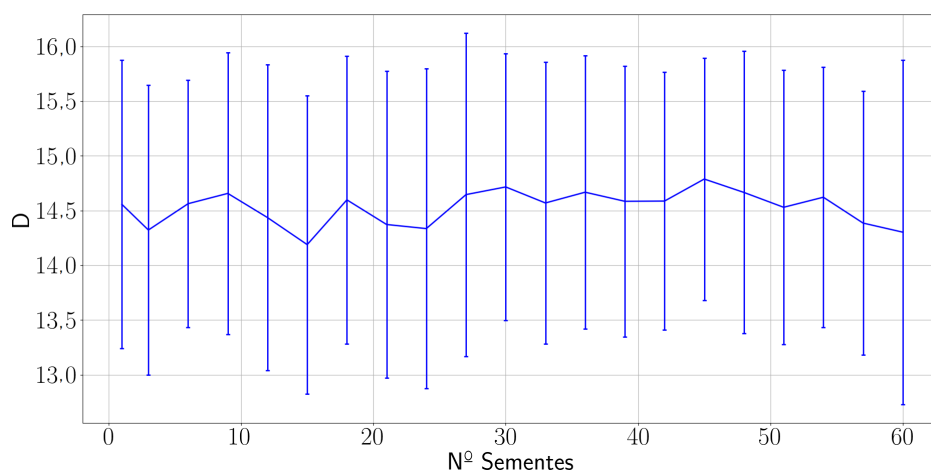


Figura 76 – BCW - Médias e desvios padrões dos diâmetros da hipersfera os quais classificam todos os dados não-rotulados realizados em 100 testes para cada quantidade de *sementes*, ou seja, dados inicialmente classificados.

número de sementes (quantidade de amostras preliminarmente rotuladas) foi realizado. Contudo, desta vez as acurácias são relativas ao número total de elementos classificados corretamente, e não à quantidade de acertos por classe. Além disto, os Algoritmos 1 e 2 foram utilizados com intuito de comparar as acurácias dos modelos em cinco conjuntos

de dados: *Bank Authentication* (Figura 77), *Breast Cancer Winsconsin* (Figura 78), *Iris* (Figura 79), *Pima Indian Diabetes* (Figura 80) e *Sonar* (Figura 81).

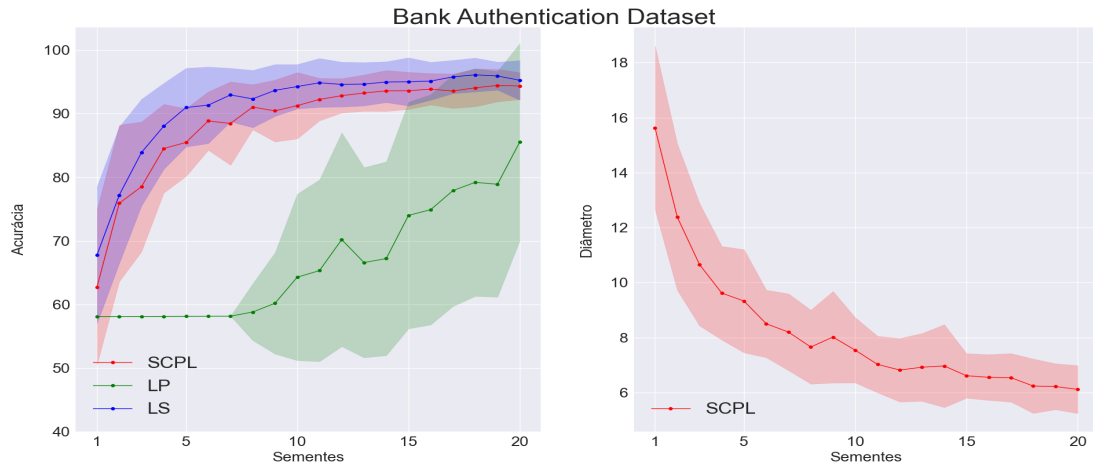


Figura 77 – À esquerda: Média das acurácias e desvios padrões obtidos pelos métodos 4 (SCPL), 1 (LP) e 2 (LS) variando a quantidade de elementos inicialmente rotulados. À direita: Médias e desvios padrões dos diâmetros da hipersfera em relação a quantidade de elementos inicialmente rotulados.

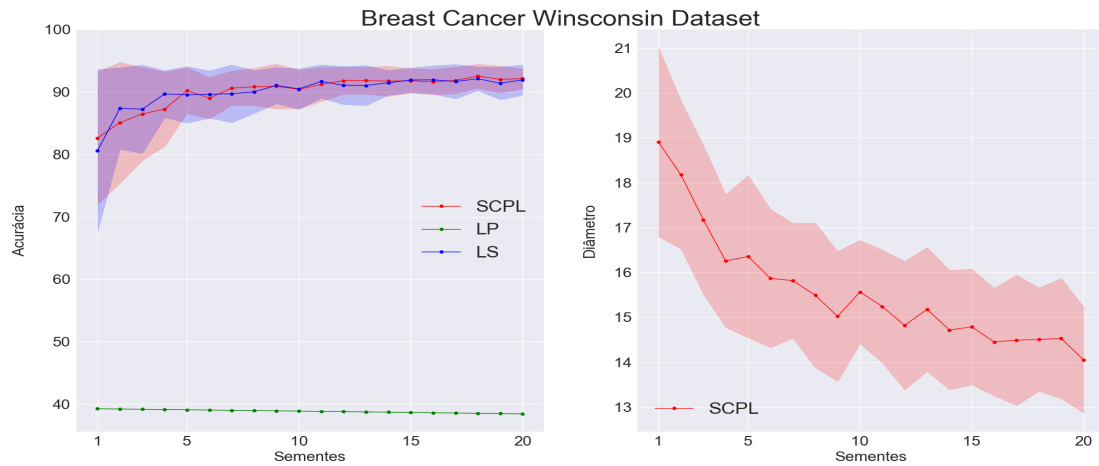


Figura 78 – À esquerda: Média das acurácias e desvios padrões obtidos pelos métodos 4 (SCPL), 1 (LP) e 2 (LS) variando a quantidade de elementos inicialmente rotulados. À direita: Médias e desvios padrões dos diâmetros da hipersfera em relação a quantidade de elementos inicialmente rotulados.

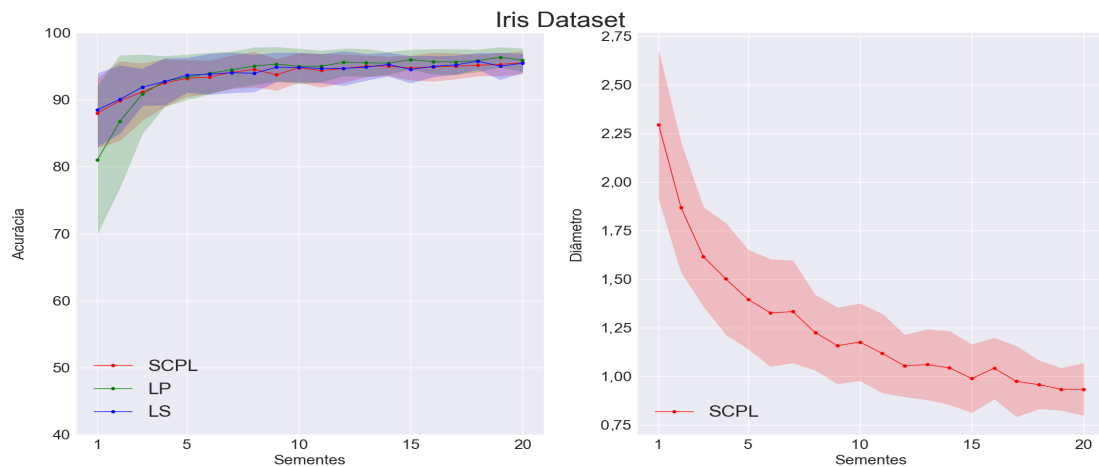


Figura 79 – À esquerda: Média das acurácias e desvios padrões obtidos pelos métodos 4 (SCPL), 1 (LP) e 2 (LS) variando a quantidade de elementos inicialmente rotulados. À direita: Médias e desvios padrões dos diâmetros da hipersfera em relação a quantidade de elementos inicialmente rotulados.

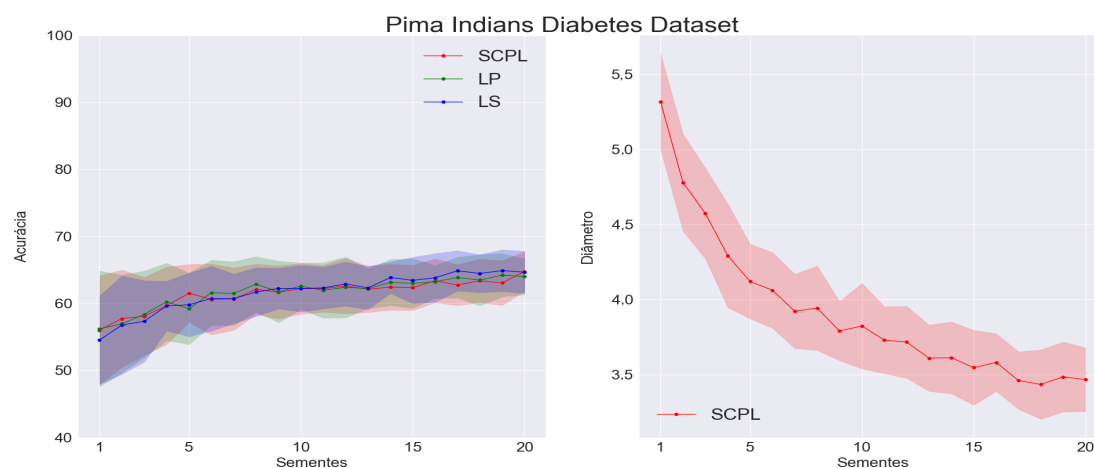


Figura 80 – À esquerda: Média das acurácias e desvios padrões obtidos pelos métodos 4 (SCPL), 1 (LP) e 2 (LS) variando a quantidade de elementos inicialmente rotulados. À direita: Médias e desvios padrões dos diâmetros da hipersfera em relação a quantidade de elementos inicialmente rotulados.

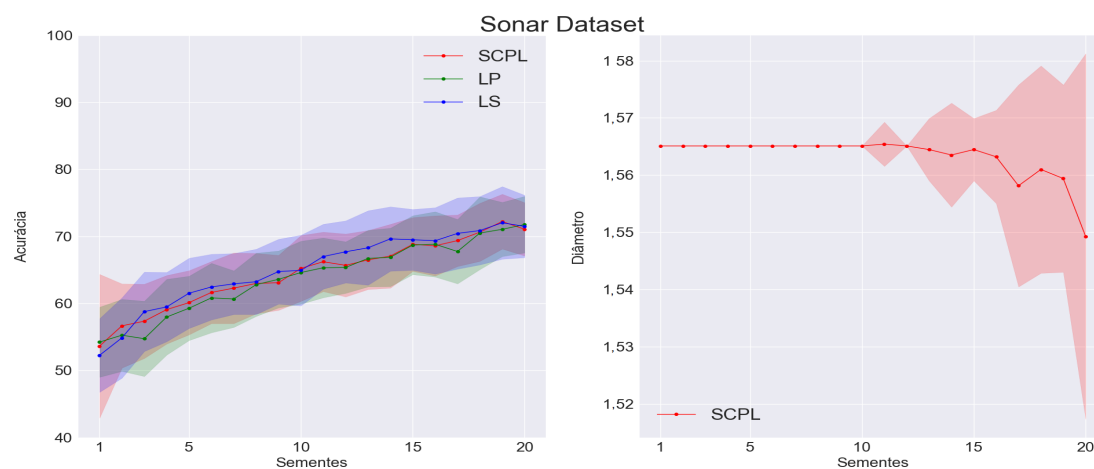


Figura 81 – À esquerda: Média das acurácias e desvios padrões obtidos pelos métodos 4 (SCPL), 1 (LP) e 2 (LS) variando a quantidade de elementos inicialmente rotulados. À direita: Médias e desvios padrões dos diâmetros da hipersfera em relação a quantidade de elementos inicialmente rotulados.

Nos cinco casos, o crescimento do número de sementes influenciou no aumento

da acurácia, assim como na diminuição do diâmetro da hiperesfera. Visto que há um aumento na quantidade de sementes, diminui-se o número dos elementos não-classificados e, portanto o algoritmo classifica-os mais rapidamente com valores do diâmetro cada vez menores.

4.4 Simulação da Propagação de Rótulos em um Grafo de Neurônios

Nesta seção são apresentados os resultados obtidos com as simulações das etapas retratadas na Seção 3.4. O procedimento é uma prova de conceito dos estudos da dinâmica e sincronização neural com o Algoritmo SCPL. O objetivo é representar os elementos em um conjunto de dados como se fossem neurônios, em que os dados não-rotulados são osciladores que disparam de forma estocástica ou caótica, mas após o processo de classificação, as amostras que recebem os rótulos acoplam-se aos elementos que propagaram as suas respectivas classes, ocorrendo a sincronização da dinâmica neural dos osciladores que os representam. O processo ocorre até todos os exemplos do conjunto entrarem em sincronização, segmentando os disparos neurais em P tempos diferentes, sendo P a quantidade de rótulos presentes no modelo.

Esta técnica de propagação das classes e sincronização ocorreram de duas maneiras: a *estática* e *dinâmica*. Na primeira, inicialmente ocorre a classificação dos dados não-rotulados e em seguida calcula-se a dinâmica neural, desta maneira os neurônios iniciam-se sincronizados e segmentados. Em referência a propagação dinâmica, o processo de classificação e cálculo da trajetória neural ocorrem simultaneamente no decorrer do tempo. Desta forma é visível, através das trajetórias e atividades dos neurônios, a transição da estocasticidade para a organização dos disparos neurais, segmentados por uma diferença temporal na ocorrência das atividades neurais.

No modelo dinâmico, descrito pelo Algoritmo 6, houve uma ínfima mudança na estrutura condicional onde ocorre a propagação do rótulo (se $i \leq N$ então). Ao invés de a cada iteração i ocorrer a propagação, o modelo *congela* o(s) rótulo(s) encontrados por 50 iterações e então propaga-os para os elementos não-rotulados. Este processo foi utilizado, pois o modelo usado como teste foi o de Hodgkin-Huxley e como as trajetórias são geradas em 15000 iterações, se propagar os rótulos nas 135 primeiras épocas, não

é possível visualizar muito bem esta transição da estocasticidade para a segmentação temporal, para tanto diminuiu-se a velocidade de propagação dos rótulos, de forma que todos as amostras sincronizaram-se na iteração $i = 6750$.

A sincronização das 150 trajetórias (150 itens de dados do conjunto Iris) e a segmentação em três tempos diferentes dos disparos neurais, evidenciam a classificação dos dados em suas três classes (Setosa, Virginica e Versicolor). A Figura 82 apresenta as trajetórias na propagação estática, onde é visível a segmentação das trajetórias em três tempos distintos, enquanto que na Figura 83 as trajetórias estocásticas que representam os dados não-rotulados vão transitando para uma dinâmica sincronizada, ou seja, os dados estão sendo classificados e por volta de 135 ms (6750 iterações com passos de 0,02 ms), todas os neurônios sincronizam-se e segmentam-se em três grupos de trajetórias.

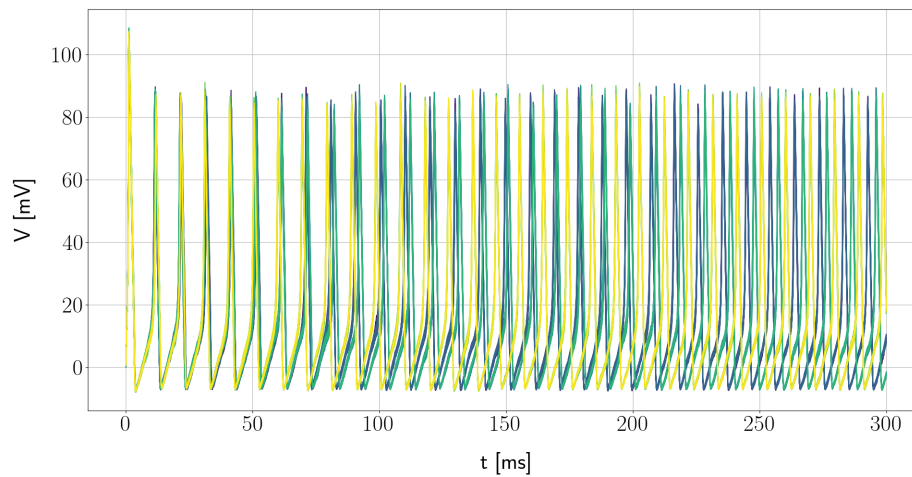


Figura 82 – 150 trajetórias sincronizadas do potencial de membrana do modelo de Hodgkin-Huxley utilizando a Propagação Estática.

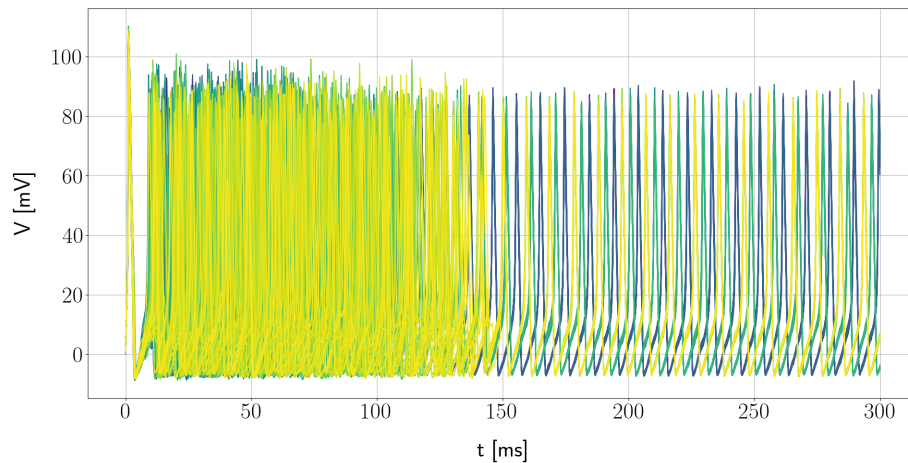


Figura 83 – 150 trajetórias sincronizadas do potencial de membrana do modelo de Hodgkin-Huxley utilizando a Propagação Dinâmica.

O mesmo fenômeno é observável nas Figuras 84 e 85 que representam as atividades neurais do modelo de Hodgkin-Huxley. A primeira imagem, os neurônios sincronizados disparam em um mesmo instante de tempo (linha vertical), e após um período transiente é possível visualizar os disparos ocorrerem em três tempos distintos, ou seja, representam os osciladores pertencentes a cada uma das classes (Setosa, Virginica e Versicolor).

Além das linhas verticais, é possível visualizar pontos que estão atrasados ou adiantados em relação a estas linhas, mas estão sincronizados com os grupos ao centro ou na parte superior. Estas são as amostras erroneamente classificadas, portanto, no grupo das Virginicas há três elementos que foram classificados como Versicolor (por estarem sincronizados ao grupo superior), assim como há dois elementos da Versicolor que foram classificados como Virginica. Assim, por terem 45 elementos não-rotulados inicialmente (5 itens de dados preliminarmente classificados para cada classe), a acurácia do modelo é apresentada na Tabela 24.

Tabela 24 – Acurácia do modelo na propagação estática

Classe	$\frac{(Total - Erro)}{Total}$	Acurácia (%)
Setosa	$\frac{(45 - 0)}{45}$	100
Virginica	$\frac{(45 - 3)}{45}$	93,33
Versicolor	$\frac{(45 - 2)}{45}$	95,55

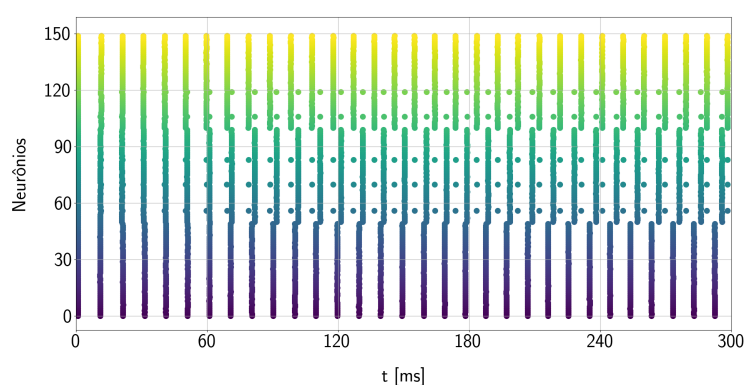


Figura 84 – Atividade Neural do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley utilizando Propagação Estática.

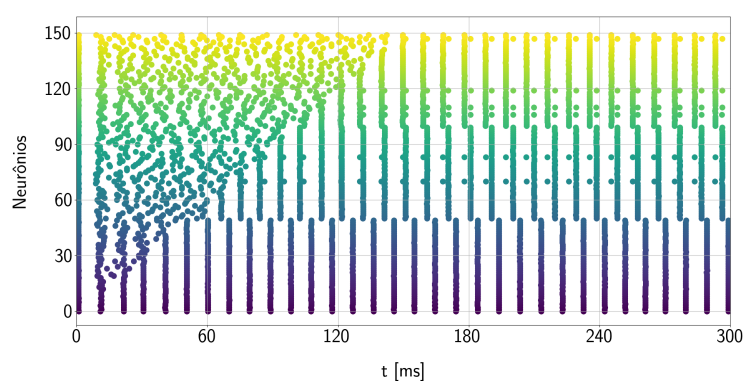


Figura 85 – Atividade Neural do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley utilizando Propagação Dinâmica.

No caso das atividades neurais no modelo dinâmico, os disparos iniciais dos dados não-rotulados são aleatórios e, com o decorrer do tempo, a quantidade de neurônios que entram em sincronização começa a aumentar devido ao processo de classificação. À vista disso, os osciladores passam a segmentar-se em grupos de elementos que disparam em tempos iguais para aqueles que são igualmente rotulados, e em tempos distintos para aqueles que pertencem a classes diferentes. Esta fase de transição ocorre até o instante em que todos os elementos são rotulados e, conseqüentemente não há neurônios com disparos estocásticos.

O crescimento das fases indica que os osciladores mantêm-se presos pela frequência dos disparos, por conta da diferença entre elas manterem-se constantes. No caso da propagação dinâmica, inicialmente as fases crescem de forma estocástica e a partir do instante 135 ms, que é quando ocorre a classificação total das amostras, as fases apresentam crescimento linear regular, mas diferem na quantidade de fases que convergem em uma linha. No caso estático, as fases tendem para três linhas distintas, as quais representam as três classes, porém na propagação dinâmica as fases convergem para mais do que três linhas, e a hipótese levantada para esta ocorrência é que antes de começar a contagem das fases, o potencial da membrana deve estabilizar (alcançar o primeiro potencial limite, valor em que ocorre o disparo neural), devido a propriedade estocástica ou caótica do sistema, os tempos em que esta estabilização ocorre para os osciladores normalmente são diferentes, assim há um erro propagado no cálculo dos períodos entre os disparos neurais (Figuras 86, 87).

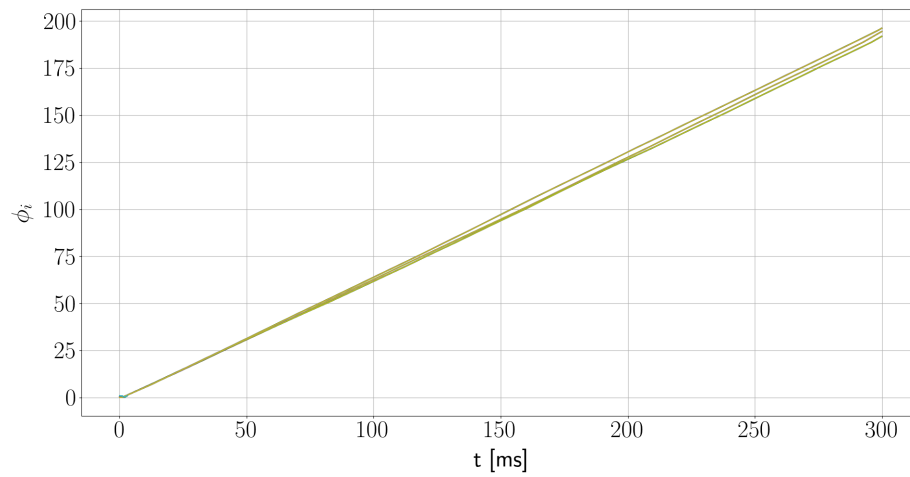


Figura 86 – Fases do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley utilizando Propagação Estática.

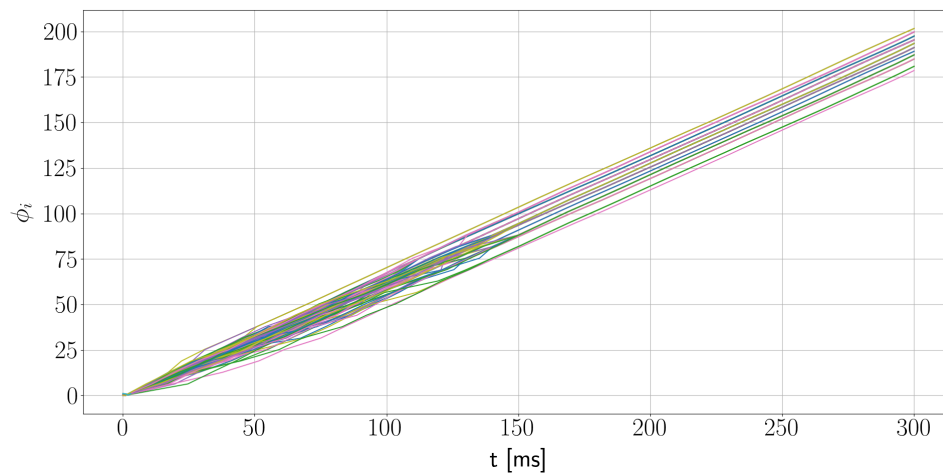


Figura 87 – Fases do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley utilizando Propagação Dinâmica.

As diferenças das fases referentes aos neurônios de cada classe evidenciam estas análises levantadas anteriormente. Na propagação estática, as fases dos osciladores que pertencem ao mesmo grupo que o neurônio referência, demonstram uma diferença muito pequena e quase nula em comparação as altas diferenças apresentadas pelos osciladores pertencentes a grupos distintos.

Contudo, as diferenças de fases na propagação dinâmica, mesmo entre os osciladores pertencentes a uma mesma classe e sincronizados, apresentam variações nas diferenças (Figuras 88, 89, 90).

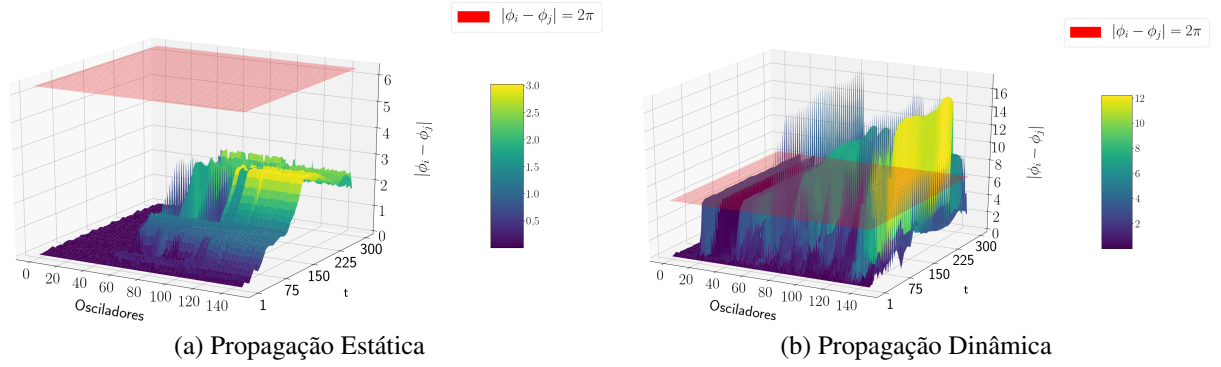


Figura 88 – Diferença das fases dos neurônios do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley em relação ao oscilador classificado como Setosa

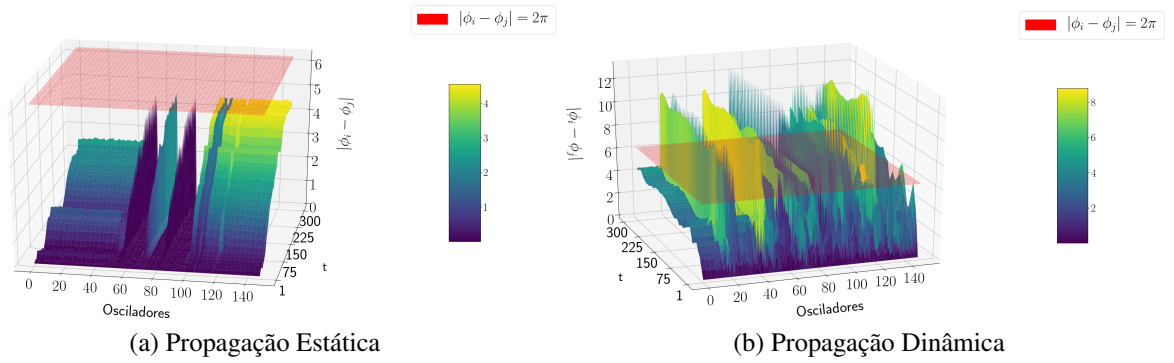


Figura 89 – Diferença das fases dos neurônios do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley em relação ao oscilador classificado como Virginica

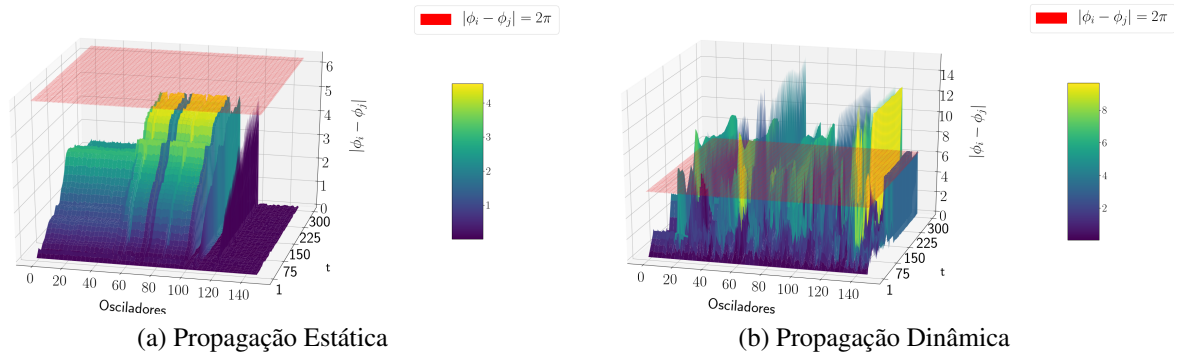


Figura 90 – Diferença das fases dos neurônios do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley em relação ao oscilador classificado como Versicolor

Por fim, as diferenças das trajetórias identificam o fenômeno de sincronização melhor que a dissemelhança das fases, por conta que não há erro propagado nos potenciais da membrana. Assim, nas Figuras 91a, 92a e 93a a baixa diferença entre as trajetórias pertencentes a uma mesma classe, indica que há uma quase sincronização completa, enquanto a diferença referente aos osciladores com outros rótulos implica a dessincronização.

Da mesma forma, este efeito pode ser observado para as Figuras 91b, 92b e 93b, onde ocorre a propagação dinâmica. Neste caso, é possível visualizar a evolução temporal da sincronização através da diferença das trajetórias, que inicialmente são altas devido ao período em que os neurônios disparam estocasticamente e diminuem quase a zero à medida que vão sincronizando entre si e dessincronizando em relação aos demais.

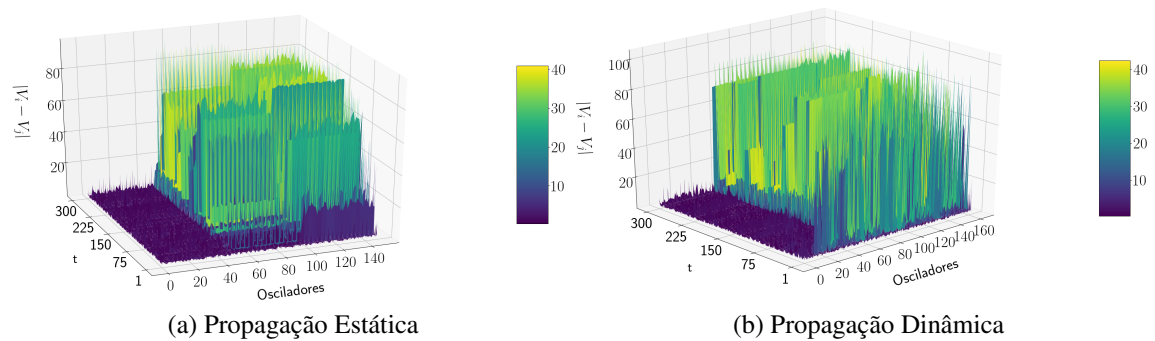


Figura 91 – Diferença das trajetórias dos neurônios do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley em relação ao oscilador classificado como Setosa

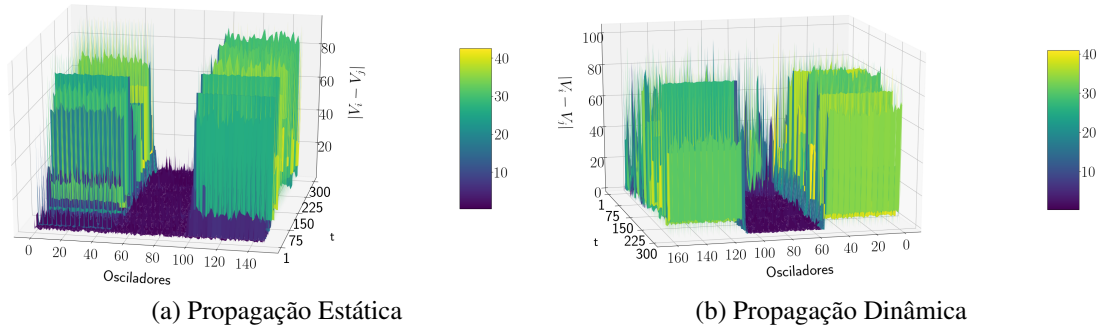


Figura 92 – Diferença das trajetórias dos neurônios do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley em relação ao oscilador classificado como Virginica

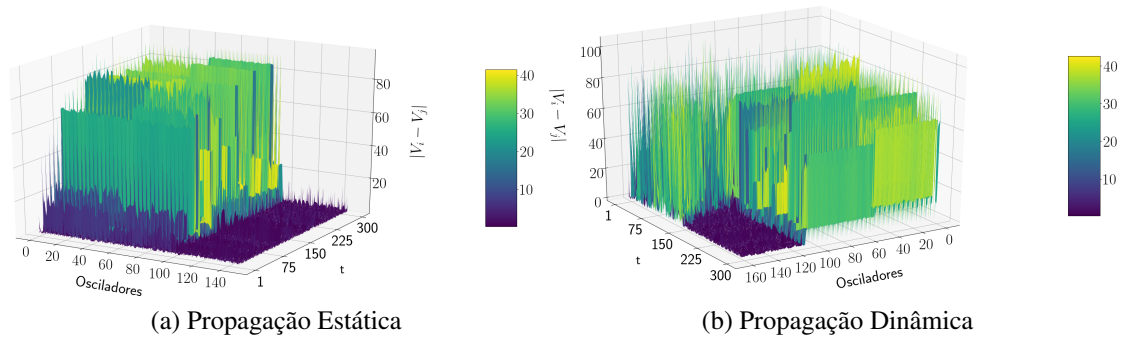


Figura 93 – Diferença das trajetórias dos neurônios do modelo estocástico de Hodgkin-Huxley em relação ao oscilador classificado como Versicolor

4.5 Simulações do Modelo de Competição pela Sincronização de Neurônios

Nesta última seção, o algoritmo de propagação dos rótulos em um grafo de neurônios foi adaptado para o Algoritmo 7. Esta alteração envolve a força de acoplamento, a qual se adapta a cada iteração por um sistema de reforço e punição. A estratégia depende da quantidade de conexões internas e externas a um grupo i de elementos, em que as conexões internas são a coleção das ligações entre os elementos do grupo i e as conexões externas são oriundas de neurônios pertencentes a outros grupos $\{j, k, l, \dots\}$.

Portanto, como mencionado na subseção 3.5.1, os parâmetros das Eq.s (3.15),

(3.16) e (3.17) foram variados de acordo com a Tabela 14 para analisar os comportamentos das equações descritas anteriormente nos gráficos que são apresentados a seguir:

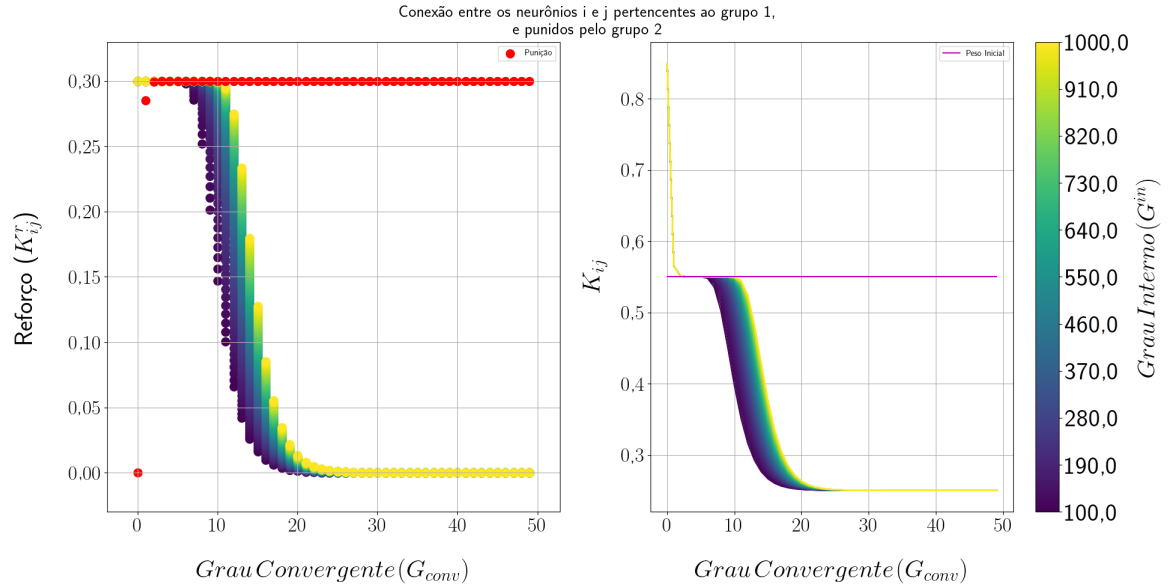


Figura 94 – À esquerda: comportamento dos termos de reforço K_{ij}^r e punição K_{ij}^p . À direita: força de acoplamento K_{ij} . Ambos variaram em relação ao grau de convergência G_{conv} e o interno G_{in}

A Figura 94 exhibe o decaimento do termo de reforço e a ascensão da curva de punição no gráfico à esquerda, como mostrado nas suas respectivas equações de probabilidade (3.20 e 3.21). À direita, a força de acoplamento é inicializada no valor 0.55, entretanto ao variar o grau de convergência (G_{conv}) pode-se verificar que para valores pequenos, o grau interno possui uma influência maior na força de conexão, e consequentemente o reforço é maior que a punição, gerando o pico inicial na força de acoplamento. Contudo, ao aumentar a convergência, o termo de punição começa a crescer até alcançar um platô definido por ΔK na Eq. (3.15), contrariamente, o reforço passa a diminuir.

Além da variação do grau de convergência, a quantidade de conexões internas também foi utilizada como parâmetro, evidenciando que, maior o grau interno, maior deve ser o grau convergente para ocorrer o decaimento de K_{ij}^r e K_{ij} .

A Eq. (3.15) também possui outros parâmetros, sendo eles β e γ . Ambos influ-

enciam no decaimento e ascensão dos termos de reforço e punição, respectivamente. Assim, a Figura 95 apresenta o quão rápido, em relação ao grau de convergência, ocorre o declínio do reforço devido aos altos valores de γ . Quanto menor for o parâmetro γ , maior deve ser G_{conv} para que ocorra o declínio do termo de reforço.

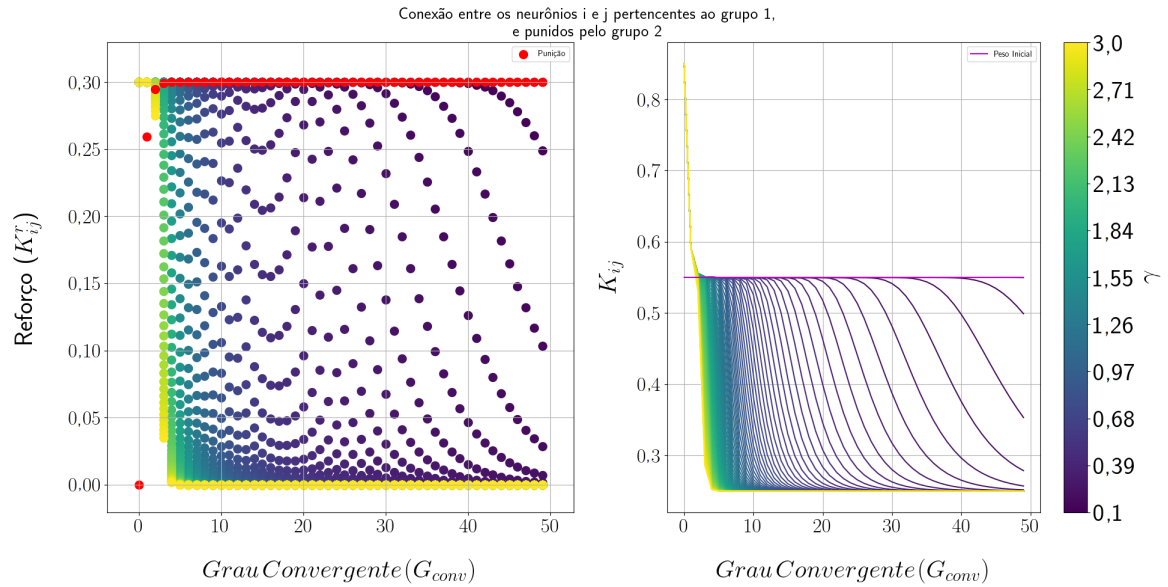


Figura 95 – Comportamento da força de acoplamento K_{ij} e dos termos de reforço K_{ij}^r e de punição K_{ij}^p variando o grau de convergência G_{conv} e o gama γ

Em relação a Figura 96, o parâmetro β influencia a punição. Desta forma, para valores pequenos de β , requer-se um aumento no grau de convergência para que a punição supere o reforço. Caso contrário, valores menores de G_{conv} são o suficientes para a punição ser maior que o reforço nos casos em que o parâmetro β aumenta. Assim, esta faixa de valores do grau de convergência em que o reforço sofre um declínio encontra-se em torno de $18 \lesssim G_{conv} \lesssim 35$.

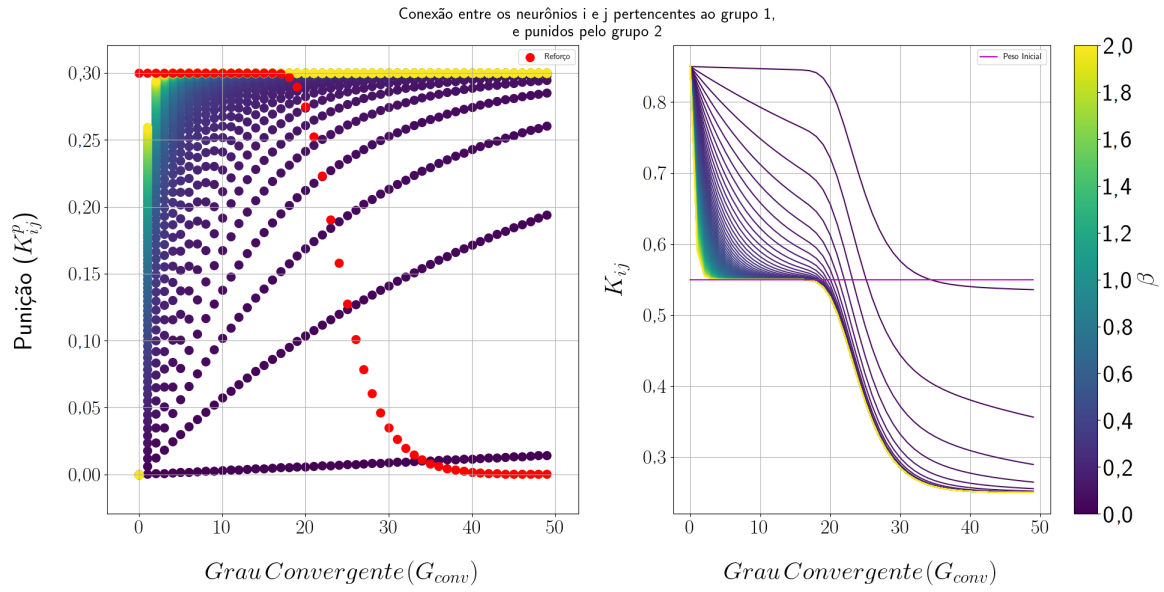


Figura 96 – Comportamento da força de acoplamento K_{ij} e dos termos de reforço K_{ij}^r e de punição K_{ij}^p variando o grau de convergência G_{conv} e o beta β

Nas simulações computacionais, os valores escolhidos de β e γ são 2,0 e 1,5, respectivamente, para que ocorra uma rápida ascensão da punição assim como uma queda do reforço. Contudo, as variáveis G_{in} e G_{conv} não são estáticas e dependem de muitos fatores, como alguns parâmetros do modelo, assim como da distribuição do conjunto de dados. Estes parâmetros incluem a velocidade de crescimento do raio de busca (v), a qual chamaremos de *expansão*, a quantidade de amostras inicialmente classificadas ou sementes (L), assim como o número máximo de vizinhos que um neurônio pode se conectar (G_{lim}^{out}). Portanto, diferentes combinações de valores foram utilizadas no modelo para o cálculo da acurácia em diversos conjuntos de dados artificiais, seguindo a Tabela 15. À vista disso, foram gerados os gráficos dos mapas de calor para analisar quais combinações de parâmetros do modelo apresentam as melhores acurácias em cada conjunto, todavia, a cada combinação foram realizados 50 testes para obter a média da acurácia. Cada mapa representa um valor de vizinhos (G_{lim}^{out}) que os neurônios podem se conectar e as dimensões do mapa de calor são as combinações dos valores de *sementes* (L) e *expansão* (v).

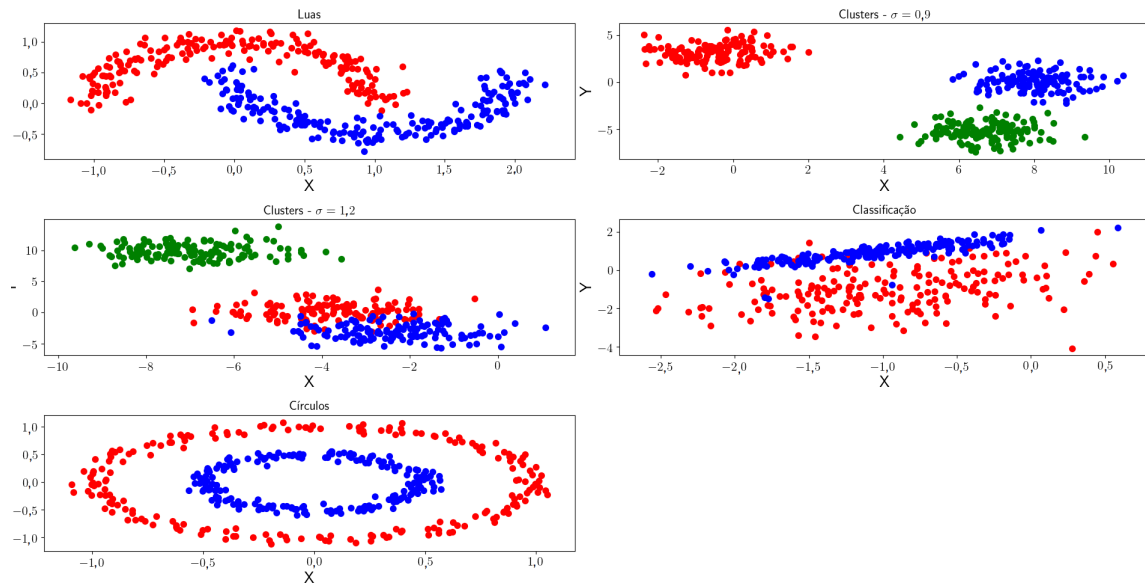


Figura 97 – Datasets artificiais utilizados na variação dos parâmetros G_{lim}^{out} , L e v em que as cores das amostras representam os rótulos genéricos

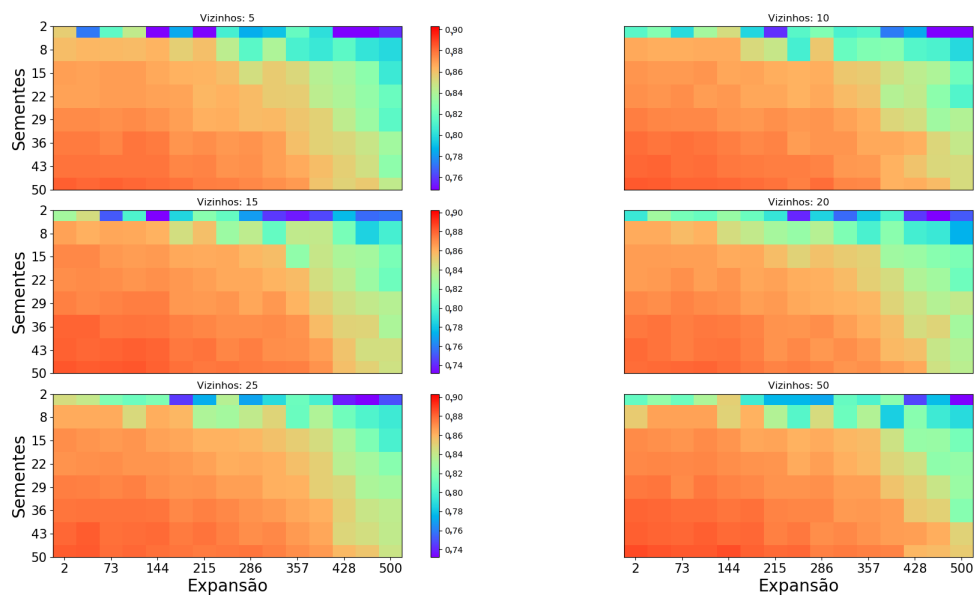


Figura 98 – Acurácia do conjunto de dados Luas com 400 amostras, metade para cada classe e ruído branco igual a 0.1

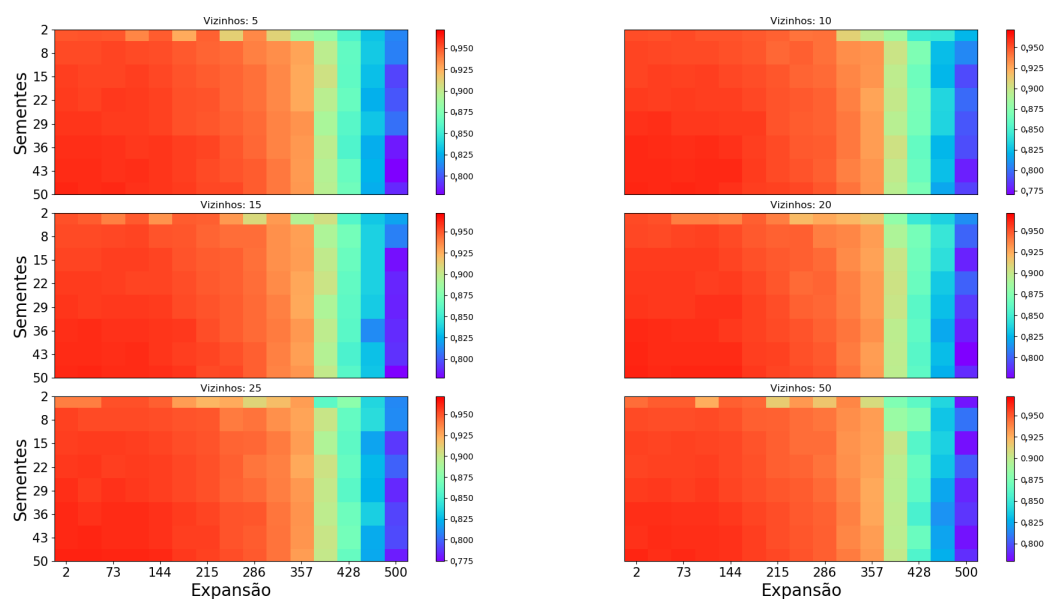


Figura 99 – Acurácia do conjunto de dados Cluster com 400 amostras, divididas em 133, 133 e 134 para cada classe e desvio padrão igual a 0.9

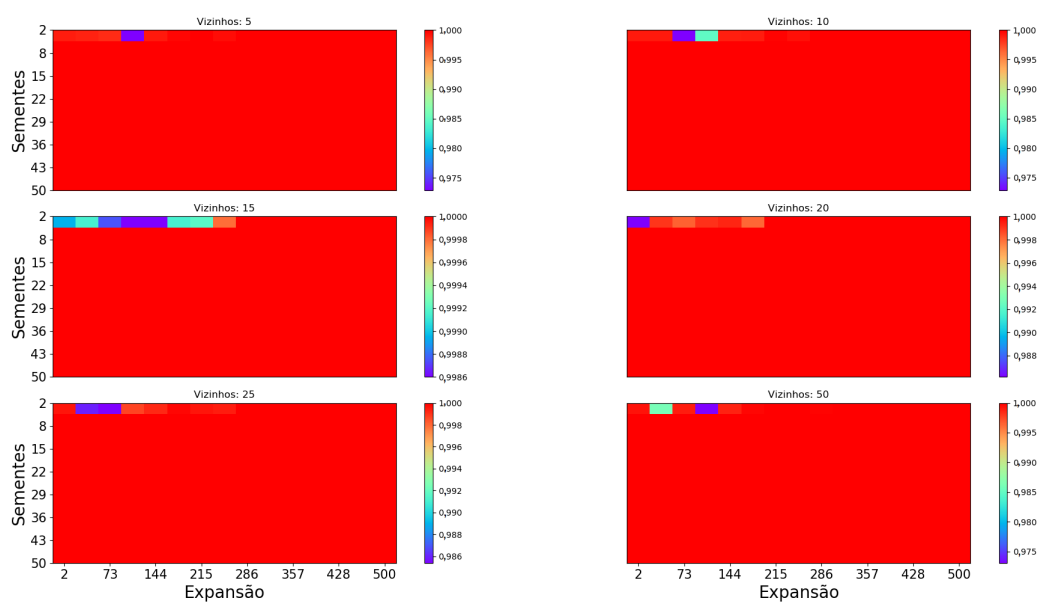


Figura 100 – Acurácia do conjunto de dados Cluster com 400 amostras, divididas em 133, 133 e 134 para cada classe e desvio padrão igual a 1.2

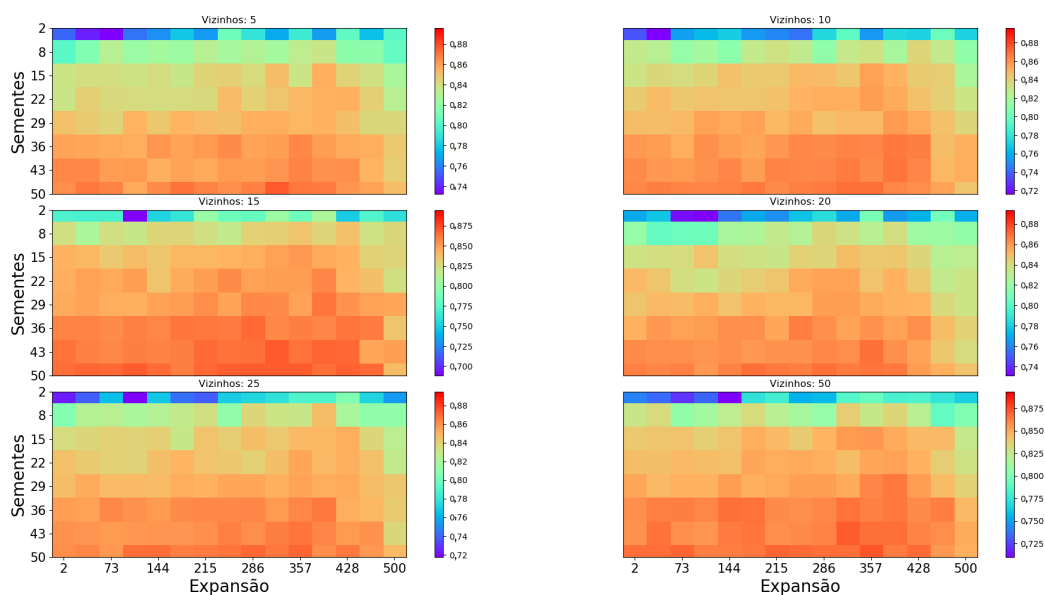


Figura 101 – Acurácia do conjunto de dados Classificação com 400 amostras, metade para cada classe

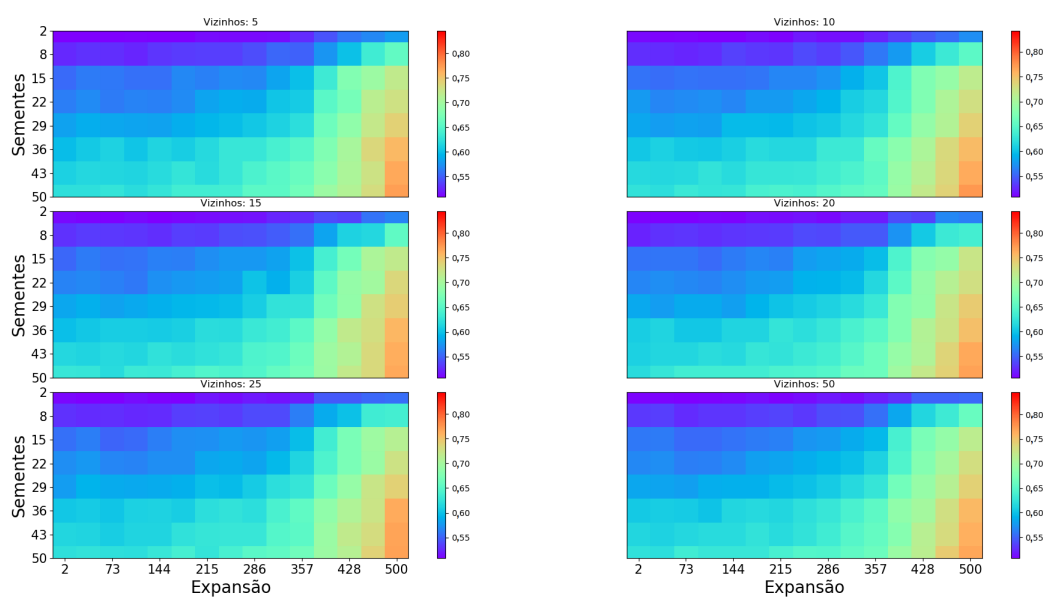


Figura 102 – Acurácia do conjunto de dados Círculos com 400 amostras, metade para cada classe e ruído branco igual a 0.05

As Figuras 98, 99, 100, 101 e 102 evidenciam um aumento na acurácia quando há um crescimento no número de amostras inicialmente classificadas ($2 \leq L \leq 50$), contudo em relação a variação da expansão ($2 \leq v \leq 500$), a acurácia depende da distribuição dos dados. Pois, para alguns conjuntos a acurácia foi maior quando $v \rightarrow 500$, como no caso da Figura 102, ou seja, a taxa de crescimento do raio R é menor. No entanto, para os dados das *Luas* e *Clusters* com desvio de 0,9, a acurácia foi maior quando $v \rightarrow 2$, ou seja, a taxa de crescimento do raio R é maior. Por fim, para os conjuntos *Cluster* com desvio igual a 1,2 e *Classificação*, o valor de v foi indiferente na acurácia.

Além destes parâmetros, a quantidade de vizinhos (G_{lim}^{out}) também variou. Contudo, estes valores foram indiferentes na acurácia do modelo, independente dos conjuntos de dados utilizados. Após a implementação do modelo em dados artificiais, foi realizado um teste no conjunto de dados *Iris* para exibir o fenômeno de competição pela sincronização de neurônios:

Tabela 25 – Configuração do Teste de Competição pela Sincronização

Modelo	Tempo	ΔK	G_{lim}^{out}	v	L	Acurácia(%)
CNV	1000	0,2	15	100	10	93

A Figura 103 apresenta as superfícies de decisões, em que as cores azul, verde e vermelho representam as classes *Iris Setosa*, *Versicolor* e *Virginica*, respectivamente, enquanto as cores das amostras são as classificações geradas pelo modelo.

As Figuras 104a e 104b exibem as trajetórias do potencial de ação e as atividades neurais das 150 amostras, em que demonstram a segmentação no tempo em três frequências distintas, tais quais representam as três classes do conjunto de dados. Por fim, o fenômeno de sincronização é visualizado nas Figuras 105a, 105b e 105c, onde cada gráfico apresenta as diferenças de fases em relação a um oscilador pertencente a cada uma das três classes, desta forma osciladores de mesmo rótulo que o oscilador referência, possuem diferenças mínimas nas fases, enquanto os osciladores de classes distintas apresentam perturbações maiores nas separações das fases.

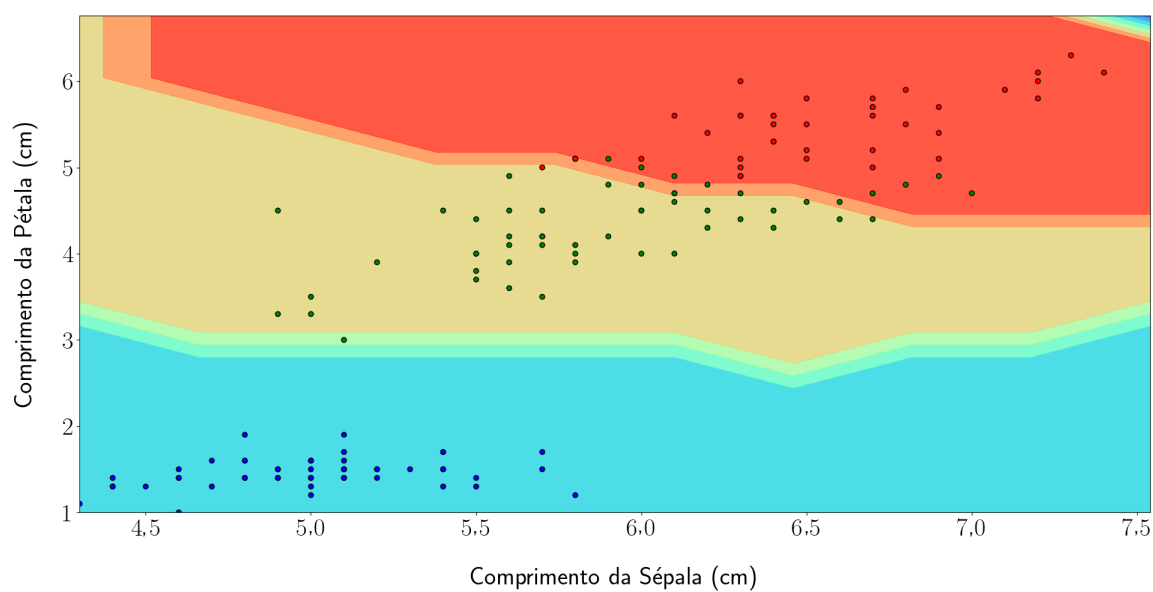


Figura 103 – Superfície de Decisão do conjunto de dados Iris

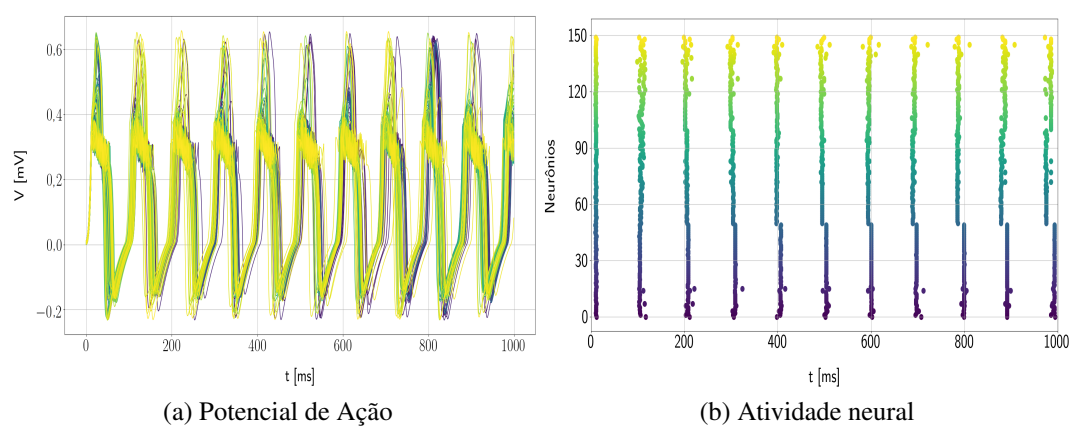


Figura 104 – Modelo de Courbage-Nekorkin-Vdovin aplicado ao conjunto Iris

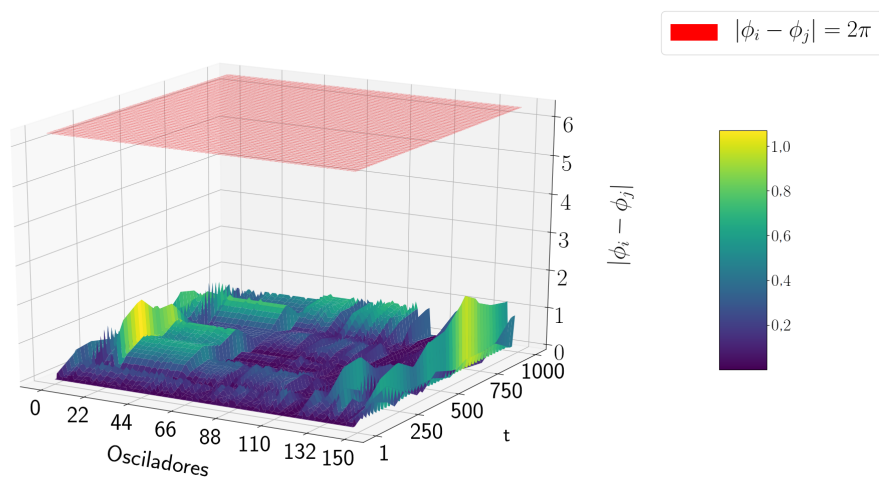
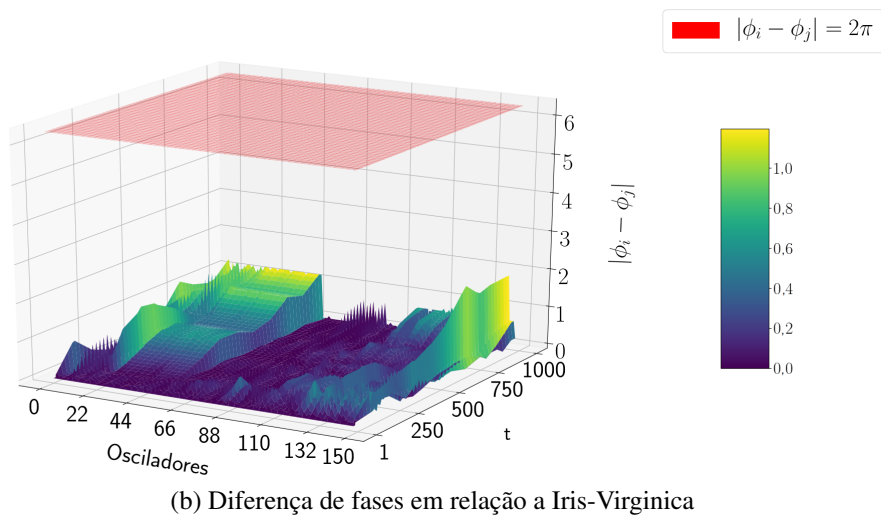
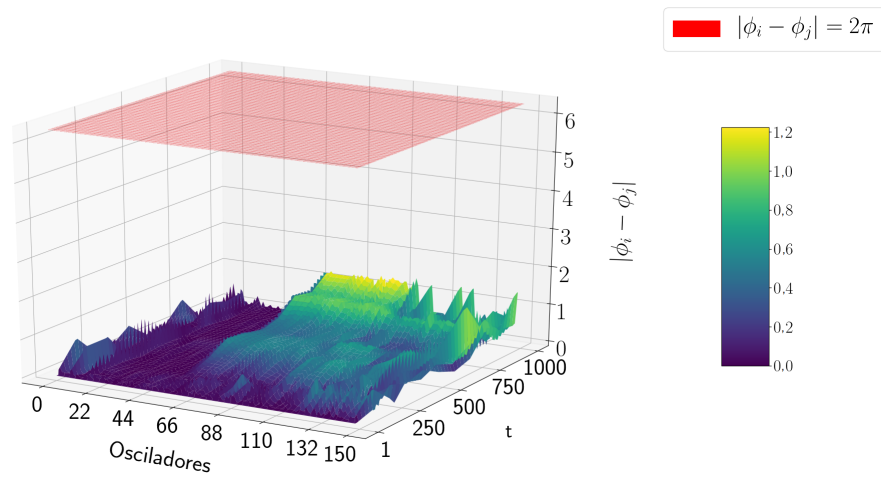


Figura 105 – Diferença de fases

Por fim, o modelo de Competição pela Sincronização de Neurônios (CSN) foi comparado com outros métodos de aprendizado semi-supervisionado (Tabelas 17 e 18) utilizando os dados apresentados em 16. A média da acurácia obtida por cada método encontra-se na Tabela 26:

Tabela 26 – Acurácia dos Modelos Semi-Supervisionados em (%)

Métodos	Bank	BCW	Diabetes	Phoneme	Sonar	Spam	Wine
CSN	76 ± 4	92 ± 1	74 ± 2	71 ± 0,4	58 ± 3	77 ± 14	38 ± 4
PCC	99 ± 1	92 ± 3	70 ± 4	82 ± 1	62 ± 10	90 ± 1	74 ± 2
TT+SVM	98 ± 1	95 ± 1	74 ± 2	71 ± 2	57 ± 6	90 ± 1	68 ± 1
TT+DT	93 ± 2	88 ± 4	70 ± 3	81 ± 2	65 ± 5	88 ± 14	77 ± 4
TT+NB	84 ± 2	90 ± 3	72 ± 2	70 ± 1	64 ± 4	87 ± 1	69 ± 2
TT+KNN	99 ± 0,6	95 ± 1	70 ± 2	80 ± 1	59 ± 3	86 ± 1	72 ± 2
SST+SVM	98 ± 0,5	95 ± 1	75 ± 2	76 ± 3	58 ± 7	91 ± 1	67 ± 1
SST+DT	95 ± 2	90 ± 1	70 ± 4	80 ± 2	68 ± 5	86 ± 2	77 ± 7
SST+NB	78 ± 0,7	88 ± 2	69 ± 2	70 ± 0,3	63 ± 3	85 ± 2	68 ± 2
SST+KNN	99 ± 0,9	95 ± 1	72 ± 2	82 ± 1	68 ± 4	87 ± 3	71 ± 3
LS	99 ± 0,4	94 ± 2	68 ± 3	83 ± 1	68 ± 4	84 ± 1	77 ± 4
LP	99 ± 1	37 ± 0	69 ± 3	83 ± 1	64 ± 4	60 ± 0	78 ± 2

Os valores das acurácias demonstram que no teste realizado, o modelo CSN manteve-se um pouco abaixo das acurácias dos modelos das Tabelas 17 e 18, e consideravelmente inferior para os conjuntos dos dados de autenticação bancária (*Bank*), o de identificação de spam (*Spam*) e o da qualidade de vinho (*Wine*). Estes baixos valores na acurácia talvez seja devido a complexidade da distribuição das amostras em seus respectivos espaços de atributos, e o algoritmo não possui capacidade o suficiente para identificar as superfícies de decisões nestes conjuntos de dados.

5 CONCLUSÕES

Este trabalho propõe como objetivo principal o estudo da sincronização por acoplamento em diferentes sistemas de neurônios biológicos, tanto caóticos quanto estocásticos e, como prova de conceito, o desenvolvimento de um modelo de aprendizado de máquina semi-supervisionado. O método utiliza osciladores sincronizados como os exemplos rotulados inicialmente e, neurônios em estados caóticos ou estocásticos como exemplos não-rotulados. No processo de treinamento, as amostras supervisionadas realizam uma busca pelas não-supervisionadas no espaço de atributos, a medida que elas são encontradas, os osciladores sincronizados criam conexões com os dessincronizados, então um processo de competição pela sincronização passa a ocorrer entre osciladores, cujas amostras possuem rótulos distintos. Após um certo período, um dos grupos ganha a competição e o oscilador disputado sincroniza-se aos elementos pertencentes ao grupo vencedor.

Para este feito foram inicialmente estudadas versões estocásticas dos modelos para tempo contínuo de Hodgkin-Huxley, Hindmarsh-Rose e Integra-e-Dispara, assim como modelos caóticos de tempo discreto, como os de Rulkov, Izhikevich e Courbage-Nekorkin-Vdovin, analisando as trajetórias dos potenciais da membrana, identificando as características estocásticas ou caóticas dos modelos através das atividades neurais, diferenças de fases e das trajetórias. Em sequência, foi analisada a possibilidade de sincronização por fase e/ou completa ao acrescentar um termo de acoplamento nos modelos, que é representado biologicamente pela sinapse elétrica. O intuito foi identificar os intervalos das forças de acoplamento (condutância elétrica) para cada modelo, em que ocorre o fenômeno de sincronização, desta forma variou-se a força em intervalos específicos para cada modelo, também variando o parâmetro que controla a estocasticidade nos modelos de tempo contínuo, com o objetivo de observar a região da força de acoplamento em que ocorre o fenômeno de sincronização. Em seguida, foi estudada para cada modelo a possibilidade de segmentação dos osciladores em diferentes grupos, sincronizando os neurônios que pertencem a um mesmo grupo e dessincronizando aqueles que são de agrupamentos distintos.

Um modelo prático baseado no conceito teórico estudado anteriormente é pro-

posto como um método de aprendizado semi-supervisionado. O modelo foi desenvolvido para tarefas de classificação baseando-se nos estudos de topologia na construção de complexos simpliciais, de modo que uma amostra rotulada propaga a sua classe para amostras não-rotuladas que estão inseridas em uma hiperesfera gerada pela amostra rotulada. Esta técnica foi implementada nos conjuntos de dados *Iris* e *Breast Cancer Winsconsin*, testando a média da acurácia variando a quantidade de elementos inicialmente rotulados, assim como foi realizada a análise da acurácia e quantidade de amostras rotuladas variando o diâmetro das hiperesferas, por fim foram comparados os métodos de Propagação de Rótulos e de Consistência Global e Local com esta nova técnica.

Na sequência, foi desenvolvido um modelo de classificação utilizando a técnica de Complexos Simpliciais Propagando Rótulos em conjunto com a sincronização de osciladores estocásticos ou caóticos, de modo que os neurônios com um mesmo rótulo sincronizam entre si, e osciladores pertencentes a classes distintas dessincronizam-se. O modelo foi produzido de forma estática e dinâmica, em que o primeiro classifica e depois cria as trajetórias já sincronizadas, enquanto no segundo os processos de classificação e sincronização ocorrem simultaneamente, de forma que é possível visualizar a transição da estocasticidade ou o caos para a sincronização dos osciladores separados em grupos que disparam cada um em seu tempo.

Por fim, o modelo dinâmico foi evoluído para adaptar as forças de acoplamento com termos de reforço e punição, os quais dependem das quantidades de conexões internas a um grupo de elementos pertencentes a mesma classe, assim como do número de conexões que convergem em um grupo e se originam de classes distintas. À vista disso, foi realizada a análise da equação de adaptação variando os seus parâmetros, demonstrando que o termo de reforço ascende quando o grau de conexões internas aumenta, como no aprendizado Hebbiano, porém a punição pode sobressair o valor do reforço quando vários grupos começam a competir pela classificação de um neurônio. Assim, os grupos penalizam as conexões um dos outros enfraquecendo-as até o ponto em que elas deixam de existir ($K_{ij} < K_{min}$). Por fim, vence o grupo cuja conexão ainda estiver remanescente, a partir de então estas conexões retornam a aumentar devido o reforço.

Após esta análise, o desempenho do algoritmo foi verificado em alguns conjuntos de dados artificiais variando os parâmetros que influenciam nas variáveis da equação de adaptação da força de acoplamento, sendo eles a quantidade máxima de conexões que um neurônio pode realizar (G_{lim}^{out}), assim como o número de amostras inicialmente

classificadas (L) e a velocidade de crescimento do raio da hipersfera (v). Desta análise verificou-se que o valor de G_{lim}^{out} não possui influência na acurácia do modelo, porém a quantidade de dados inicialmente classificados influencia, caso aumente a acurácia também tende ao aumento; já o parâmetro velocidade de expansão (v), depende da distribuição do conjunto de dados. Pois, dependendo dos conjuntos, são necessários valores pequenos ou maiores de v para apresentar alta acurácia.

Por fim, o modelo foi comparado com outros métodos de aprendizado semi-supervisionado aplicando-os em conjuntos de dados reais. O modelo de Competição pela Sincronização de Neurônios (CSN) apresentou uma acurácia ligeiramente abaixo dos resultados apresentados pelos métodos comparados, exceto para os conjuntos de dados *Bank*, *Spam* e *Wine* em que o modelo apresentou uma acurácia relativamente abaixo da média.

Conclui-se então que é possível sincronizar por acoplamento diferentes sistemas, estocásticos ou caóticos, de modelos neurais com N exemplos e empregar o fenômeno de sincronização por fase para segmentar P grupos de neurônios no tempo em P frequências distintas de disparos neurais. Como prova de conceito, foi desenvolvido um modelo de aprendizado de máquina semi-supervisionado, capaz de realizar tarefas de classificação utilizando topologias complexas em um espaço amostral, representando os exemplos supervisionados como uma rede biológica de neurônios que disparam em sincronismo, enquanto osciladores da rede pertencentes a outros grupos, disparam em tempos diferentes. Com base no desenvolvimento deste trabalho, outros modelos poderão ser desenvolvidos baseados na sincronização por acoplamento e segmentação temporal de osciladores neurais, envolvendo outras abordagens de aprendizado de máquina e aplicações no mundo real, como até mesmo a atenção visual.

REFERÊNCIAS

- AFRAIMOVICH, V. S.; HSU, S.-B. *Lectures on chaotic dynamical systems*. [S.l.]: American Mathematical Soc., 2003.
- AIHARA, K.; TAKABE, T.; TOYODA, M. Chaotic neural networks. *Physics letters A*, Elsevier, v. 144, n. 6-7, p. 333–340, 1990.
- BOCCALETTI, S. et al. Complex networks: Structure and dynamics. *Physics reports*, Elsevier, v. 424, n. 4-5, p. 175–308, 2006.
- BOSSY, M.; FONTBONA, J.; OLIVERO, H. Synchronization of stochastic mean field networks of hodgkin–huxley neurons with noisy channels. *Journal of mathematical biology*, Springer, v. 78, n. 6, p. 1771–1820, 2019.
- BREIMAN, L. et al. *Classification and regression trees*. Monterey, CA: Wadsworth & Brooks/Cole Advanced Books & Software, 1984. (The Wadsworth statistics/probability series). Disponível em: <<https://cds.cern.ch/record/2253780>>.
- BREVE, F. Aprendizado de máquina utilizando dinâmica espaço-temporal em redes complexas. *São Carlos: Universidade de São Paulo (Tese de Doutorado)*, 2010.
- BREVE, F. et al. Particle competition and cooperation in networks for semi-supervised learning. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, IEEE, v. 24, n. 9, p. 1686–1698, 2011.
- BREVE, F. A. et al. Chaotic phase synchronization for visual selection. In: IEEE. *2009 International Joint Conference on Neural Networks*. [S.l.], 2009. p. 383–390.
- BULLMORE, E.; SPORNS, O. Complex brain networks: graph theoretical analysis of structural and functional systems. *Nature reviews neuroscience*, Nature Publishing Group, v. 10, n. 3, p. 186–198, 2009.
- CAJAL, S. Ramon y. Histologie du système nerveux de l’homme et des vertébrés. *Maloine, Paris*, v. 2, p. 153–173, 1911.
- CAPORALE, N.; DAN, Y. Spike timing–dependent plasticity: a hebbian learning rule. *Annu. Rev. Neurosci.*, Annual Reviews, v. 31, p. 25–46, 2008.
- CARABALLO, T.; KLOEDEN, P. E. The persistence of synchronization under environmental noise. *Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, The Royal Society London, v. 461, n. 2059, p. 2257–2267, 2005.

- COOKE, S.; BLISS, T. Plasticity in the human central nervous system. *Brain*, Oxford University Press, v. 129, n. 7, p. 1659–1673, 2006.
- CORTEZ, P. et al. Modeling wine preferences by data mining from physicochemical properties. *Decision support systems*, Elsevier, v. 47, n. 4, p. 547–553, 2009.
- COURBAGE, M.; NEKORKIN, V.; VDOVIN, L. Chaotic oscillations in a map-based model of neural activity. *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science*, AIP, v. 17, n. 4, p. 043109, 2007.
- CROOM, F. H. *Basic concepts of algebraic topology*. [S.l.]: Springer Science & Business Media, 2012.
- FISHER, R. A. The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Annals of eugenics*, Wiley Online Library, v. 7, n. 2, p. 179–188, 1936.
- FRIES, P. A mechanism for cognitive dynamics: neuronal communication through neuronal coherence. *Trends in cognitive sciences*, Elsevier, v. 9, n. 10, p. 474–480, 2005.
- FUJISAKA, H.; YAMADA, T. Stability theory of synchronized motion in coupled-oscillator systems. *Progress of theoretical physics*, Oxford University Press, v. 69, n. 1, p. 32–47, 1983.
- GERSTNER, W. A framework for spiking neuron models: The spike response model. In: *Handbook of Biological Physics*. [S.l.]: Elsevier, 2001. v. 4, p. 469–516.
- GERSTNER, W.; KISTLER, W. M. *Spiking neuron models: Single neurons, populations, plasticity*. [S.l.]: Cambridge university press, 2002.
- GHRIST, R. W. *Elementary applied topology*. [S.l.]: Createspace Seattle, WA, 2014. v. 1.
- GORMAN, R. P.; SEJNOWSKI, T. J. Learned classification of sonar targets using a massively parallel network. *IEEE Transactions on Acoustics, Speech, and Signal Processing*, IEEE, v. 36, n. 7, p. 1135–1140, 1988.
- GUPTA, N.; SINGH, S. S.; STOPFER, M. Oscillatory integration windows in neurons. *Nature communications*, Nature Publishing Group, v. 7, n. 1, p. 1–10, 2016.
- HEBB, D. O. *The organization of behavior: a neuropsychological theory*. [S.l.]: J. Wiley; Chapman & Hall, 1949.
- HIGGINS, E. *The neuroscience of clinical psychiatry : the pathophysiology of behavior and mental illness*. Philadelphia: Wolters Kluwer, 2019. ISBN 978-1-49-637200-0.

- HINDMARSH, J. L.; ROSE, R. A model of neuronal bursting using three coupled first order differential equations. *Proceedings of the Royal society of London. Series B. Biological sciences*, The Royal Society London, v. 221, n. 1222, p. 87–102, 1984.
- HODGKIN, A. L.; HUXLEY, A. F. A quantitative description of membrane current and its application to conduction and excitation in nerve. *The Journal of physiology*, Wiley-Blackwell, v. 117, n. 4, p. 500, 1952.
- HUSSEIN, H. J. A.; ABED, F. S. On some dynamical properties of unimodal maps. *Pure Mathematical Sciences*, v. 1, 2012.
- IBARZ, B.; CASADO, J. M.; SANJUÁN, M. A. Map-based models in neuronal dynamics. *Physics reports*, Elsevier, v. 501, n. 1-2, p. 1–74, 2011.
- IZHIKEVICH, E. M. Simple model of spiking neurons. *IEEE Transactions on neural networks*, IEEE, v. 14, n. 6, p. 1569–1572, 2003.
- IZHIKEVICH, E. M. *Dynamical systems in neuroscience*. [S.l.]: MIT press, 2007.
- IZHIKEVICH, E. M.; HOPPENSTEADT, F. Classification of bursting mappings. *International Journal of Bifurcation and Chaos*, World Scientific, v. 14, n. 11, p. 3847–3854, 2004.
- KANDEL, E. R. et al. *Principles of Neural Science, Fifth Edition*. [S.l.]: Cengage Publisher Services, Columbia, MD, USA, 2013.
- KLOEDEN, P. E.; PLATEN, E. *Numerical solution of stochastic differential equations*. [S.l.]: Springer Science & Business Media, 2013. v. 23.
- LAPICQUE, L. Recherches quantitatives sur l’excitation électrique des nerfs traitée comme une polarisation. *Journal de Physiologie et de Pathologie Generale*, v. 9, p. 620–635, 1907.
- LOHWEG, . V. *Banknote Authentication*. 2012. Data retrieved from UCI Machine Learning Repository, <<https://archive.ics.uci.edu/ml/datasets/banknote+authentication>>.
- LÓPEZ-MUÑOZ, F.; BOYA, J.; ALAMO, C. Neuron theory, the cornerstone of neuroscience, on the centenary of the nobel prize award to santiago ramón y cajal. *Brain research bulletin*, Elsevier, v. 70, n. 4-6, p. 391–405, 2006.
- MALSBURG, C. V. D.; SCHNEIDER, W. A neural cocktail-party processor. *Biological cybernetics*, Springer, v. 54, n. 1, p. 29–40, 1986.
- MALSBURG, C. von der. The correlation theory of brain function (internal report 81-2). *Goettingen: Department of Neurobiology, Max Planck Institute for Biophysical Chemistry*, 1981.

- MOHRI, M.; ROSTAMIZADEH, A.; TALWALKAR, A. *Foundations of machine learning*. [S.l.]: MIT press, 2018.
- NEWMAN, M. E. The structure and function of complex networks. *SIAM review*, SIAM, v. 45, n. 2, p. 167–256, 2003.
- NOBUKAWA, S. et al. Chaotic states induced by resetting process in izhikevich neuron model. *Journal of Artificial Intelligence and Soft Computing Research*, Sciendo, v. 5, n. 2, p. 109–119, 2015.
- NYHUS, E.; CURRAN, T. Functional role of gamma and theta oscillations in episodic memory. *Neuroscience & Biobehavioral Reviews*, Elsevier, v. 34, n. 7, p. 1023–1035, 2010.
- PANOVKO, I. G.; GUBANOVA, I. I. *Stability and oscillation of elastic systems: modern concepts, paradoxes and errors*. [S.l.]: National Aeronautics and Space Administration, 1973. v. 751.
- PECORA, L. M.; CARROLL, T. L. Synchronization in chaotic systems. *Physical review letters*, APS, v. 64, n. 8, p. 821, 1990.
- PEDREGOSA, F. et al. Scikit-learn: Machine learning in Python. *Journal of Machine Learning Research*, v. 12, p. 2825–2830, 2011.
- PIKOVSKY, A. et al. *Synchronization: a universal concept in nonlinear sciences*. [S.l.]: Cambridge university press, 2003. v. 12.
- POL, B. Van der. Lxxxviii. on “relaxation-oscillations”. *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science*, Taylor & Francis, v. 2, n. 11, p. 978–992, 1926.
- QUINLAN, J. R. *C4.5 : programs for machine learning*. San Mateo, Calif: Morgan Kaufmann Publishers, 1993. ISBN 978-1-55860-238-0.
- ROSENBLUM, M. G.; PIKOVSKY, A. S.; KURTHS, J. Phase synchronization of chaotic oscillators. *Physical review letters*, APS, v. 76, n. 11, p. 1804, 1996.
- RULKOV, N. F. Regularization of synchronized chaotic bursts. *Physical Review Letters*, APS, v. 86, n. 1, p. 183, 2001.
- RULKOV, N. F. Modeling of spiking-bursting neural behavior using two-dimensional map. *Physical Review E*, APS, v. 65, n. 4, p. 041922, 2002.
- SANES, D. *Development of the nervous system*. Amsterdam: Academic Press, 2019. ISBN 9780128040287.

SCHNITZLER, A.; GROSS, J. Normal and pathological oscillatory communication in the brain. *Nature reviews neuroscience*, Nature Publishing Group, v. 6, n. 4, p. 285–296, 2005.

SHILNIKOV, A. L.; RULKOV, N. F. Subthreshold oscillations in a map-based neuron model. *Physics Letters A*, Elsevier, v. 328, n. 2-3, p. 177–184, 2004.

SINGER, W. Synchronization of cortical activity and its putative role in information processing and learning. *Annual review of physiology*, Annual Reviews 4139 El Camino Way, PO Box 10139, Palo Alto, CA 94303-0139, USA, v. 55, n. 1, p. 349–374, 1993.

SMITH, J. W. et al. Using the adap learning algorithm to forecast the onset of diabetes mellitus. In: AMERICAN MEDICAL INFORMATICS ASSOCIATION. *Proceedings of the annual symposium on computer application in medical care*. [S.l.], 1988. p. 261.

TERMAN, D.; WANG, D. Global competition and local cooperation in a network of neural oscillators. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, Elsevier, v. 81, n. 1-2, p. 148–176, 1995.

TOSO, G. M.; BREVE, F. A. Synchronization analysis in models of coupled oscillators. In: *Computational Science and Its Applications – ICCSA 2020 - 20th International Conference, Cagliari, Italy, July 1–4, 2020, Proceedings, Part II*. [S.l.]: Springer International Publishing, 2020. (Lecture Notes In Computer Science).

TRIGUERO, I.; GARCÍA, S.; HERRERA, F. Self-labeled techniques for semi-supervised learning: taxonomy, software and empirical study. *Knowledge and Information systems*, Springer, v. 42, n. 2, p. 245–284, 2015.

UHLENBECK, G. E.; ORNSTEIN, L. S. On the theory of the brownian motion. *Physical review*, APS, v. 36, n. 5, p. 823, 1930.

WANG, D. The time dimension for scene analysis. *IEEE Transactions on Neural Networks*, IEEE, v. 16, n. 6, p. 1401–1426, 2005.

WANG, D.; TERMAN, D. Locally excitatory globally inhibitory oscillator networks. *IEEE transactions on neural networks*, IEEE, v. 6, n. 1, p. 283–286, 1995.

WOLBERG, W. H.; MANGASARIAN, O. L. Multisurface method of pattern separation for medical diagnosis applied to breast cytology. *Proceedings of the national academy of sciences*, National Acad Sciences, v. 87, n. 23, p. 9193–9196, 1990.

XIAOJIN, Z.; ZOUBIN, G. Learning from labeled and unlabeled data with label propagation. *Tech. Rep., Technical Report CMU-CALD-02-107*, Carnegie Mellon University, 2002.

YAROWSKY, D. Unsupervised word sense disambiguation rivaling supervised methods. In: *33rd annual meeting of the association for computational linguistics*. [S.l.: s.n.], 1995. p. 189–196.

ZHAO, L.; BREVE, F. A. Chaotic synchronization in 2d lattice for scene segmentation. *Neurocomputing*, Elsevier, v. 71, n. 13-15, p. 2761–2771, 2008.

ZHAO, L. et al. Visual selection and shifting mechanisms based on a network of chaotic wilson-cowan oscillators. In: IEEE. *Third International Conference on Natural Computation (ICNC 2007)*. [S.l.], 2007. v. 5, p. 754–762.

ZHAO, L.; CARVALHO, A. de; LI, Z. Pixel clustering by adaptive pixel moving and chaotic synchronization. *IEEE Transactions on Neural Networks*, IEEE, v. 15, n. 5, p. 1176–1185, 2004.

ZHAO, L.; DAMIANCE, A. P.; CARVALHO, A. C. A self-organized network for data clustering. In: SPRINGER. *International Conference on Natural Computation*. [S.l.], 2005. p. 1189–1198.

ZHOU, D. et al. Learning with local and global consistency. In: *Advances in neural information processing systems*. [S.l.: s.n.], 2004. p. 321–328.

ZHOU, Z.-H.; LI, M. Tri-training: Exploiting unlabeled data using three classifiers. *IEEE Transactions on knowledge and Data Engineering*, IEEE, v. 17, n. 11, p. 1529–1541, 2005.