

AAGA : Revisite des mesures d'homophilie



F. Ayed, O. Crouzet, T. Morandeau

November 19, 2025

1 Introduction

L'homophilie est une propriété des graphes qui mesure la tendance des noeuds à se connecter à d'autres noeuds de même classe. Plusieurs mesures ont été proposées pour quantifier l'homophilie, comme l'homophilie par arête, par noeud ou ajustée, mais elles présentent des limites, notamment pour comparer des graphes avec un nombre de classes variable ou des tailles de classes déséquilibrées. Nous allons étudier un article qui, en plus de définir ces mesures, introduit une mesure dite non biaisée pour surmonter ces limites et fournir une évaluation fiable. Ce rapport présente l'implémentation de ces mesures et analyse leur comportement sur différents graphes, à la lumière des mesures présentées dans l'article[8]. Vous pourrez retrouver l'implémentation de notre projet sur github.[4].

2 Mesures d'homophilie

Les mesures suivantes ont été implémentées en Python comme définies dans l'article étudié [8].

2.1 Homophilie par arête

L'homophilie par arête mesure dans quelle proportion les arêtes d'un graphe relient des noeuds de même classe. Concrètement, elle correspond au nombre d'arêtes dont les deux extrémités ont la même étiquette, divisé par le nombre total d'arêtes dans le graphe. Cette mesure permet d'évaluer rapidement si un graphe est plutôt homophile (beaucoup d'arêtes reliant des noeuds similaires) ou hétérophile (les arêtes reliant majoritairement des noeuds de classes différentes).

2.2 Homophilie par noeud

L'homophilie par noeud évalue le degré d'homophilie de chaque noeud individuellement, puis calcule la moyenne sur tous les noeuds du graphe. Pour un noeud donné, on considère la proportion de ses voisins qui partagent la même classe que lui. En faisant la moyenne de cette proportion sur tous les noeuds, on obtient une mesure globale reflétant la tendance générale des noeuds à se connecter à des noeuds similaires.

2.3 Homophilie par classe

L'homophilie par classe évalue dans quelle mesure les noeuds d'une même classe ont tendance à se connecter entre eux, en tenant compte de la taille et du degré de chaque classe. Pour chaque noeud, on calcule la proportion de voisins appartenant à sa propre classe, puis on soustrait la proportion attendue si les arêtes étaient distribuées aléatoirement. On ne retient que les valeurs positives, ce qui représente l'excès réel d'homophilie par rapport au hasard. Ensuite, ces valeurs sont normalisées par le degré total de la classe et moyennées sur toutes les classes. Cette approche permet de corriger le biais dû aux classes de taille différente et fournit une mesure globale qui reflète la tendance de chaque classe à former des regroupements homogènes.

2.4 Homophilie ajustée

L'homophilie ajustée, également appelée coefficient d'assortativité, mesure le niveau d'homophilie d'un graphe tout en corrigeant le biais dû aux tailles et aux degrés des classes. Contrairement aux autres mesures, elle compare la fraction réelle d'arêtes reliant des noeuds de même classe avec la fraction attendue si les arêtes étaient distribuées aléatoirement. Le résultat est ensuite normalisé pour que la valeur maximale atteignable soit 1. Cette mesure est particulièrement utile pour comparer des graphes ayant un nombre de classes différent ou des distributions de classes déséquilibrées, car elle élimine l'effet de la taille des classes sur la mesure d'homophilie.

2.5 Homophilie non-biaisée

Cette nouvelle mesure d'homophilie a été introduite par les auteurs de l'article afin de répondre aux limites des mesures précédentes et de fournir un indicateur le plus fiable possible. Elle satisfait les sept propriétés jugées souhaitables pour une mesure d'homophilie : la monotonie, un accord minimal et maximal, la tolérance aux classes vides, une baseline constante, la symétrie de classe et la continuité. Ces propriétés seront détaillées ultérieurement dans notre rapport. La formule (4), page 7, présente une variante pour faciliter son implémentation, en se basant uniquement sur les interactions intra-classes. La mesure d'homophilie non-biaisée évalue ainsi la tendance des noeuds à se connecter avec d'autres noeuds de la même classe, tout en évitant les biais liés au nombre de classes ou à leur distribution. Elle permet d'obtenir une valeur fiable et comparable d'un graphe à l'autre, même lorsque les classes sont fortement déséquilibrées.

3 Expérimentations

Nous avons d'abord cherché à reproduire les résultats de la section 3 de l'article afin de vérifier la fiabilité de notre implémentation. La méthodologie décrite dans l'article consiste à sélectionner 1000 paires de graphes, à appliquer les différentes mesures d'homophilie sur chaque paire, puis à comptabiliser, pour chaque couple de mesures, la proportion de paires pour lesquelles elles s'accordent sur le graphe le plus homophile.

3.1 Expérimentations sur le data-set AIDS

Nous avons donc effectué toutes les mesures sur le data-set AIDS et obtenu les résultats suivants :

Table 1: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set AIDS présenté par l'article

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}
h_{edge}	-	91%	60%	73%
h_{node}	91%	-	59%	74%
h_{class}	60%	59%	-	71%
h_{adj}	73%	74%	71%	-

Table 2: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set AIDS

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}
h_{edge}	-	93%	64%	74%
h_{node}	93%	-	62%	75%
h_{class}	64%	62%	-	76%
h_{adj}	75%	76%	76%	-

Dans l'article, les inconsistances des mesures sont présentées comme suit: les mesures d'homophilie (edge, node, class, adjusted) ne sont pas toujours d'accord entre elles lorsqu'il s'agit de déterminer quel graphe est plus homophile (Tableau 1). h_{edge} et h_{node} sont assez cohérents (91% d'accord). Les autres combinaisons sont moins fiables. h_{class} est la mesure la plus divergente. De notre côté (Tableau 2) les mesures obtenues confirment les résultats présentés dans la Section 3 de l'article. L'accord entre h_{edge} et h_{node} est très élevé (93%), tandis que h_{class} montre des accords plus faibles avec les autres mesures (63–76%). La mesure d'homophilie ajusté reste relativement cohérente avec toutes les autres mesures, confirmant son rôle de mesure robuste et moins biaisée par la distribution des classes. Ces résultats reproduisent les observations de l'article et valident notre implémentation des mesures. Une légère variation des résultats peut être observée entre nos mesures et celles de l'article, cela est dû à la méthode utilisée au niveau des choix du data-set. Dans l'article, il n'y a pas de détails sur le pré-processing des data-sets ni leur choix, nous ne savons pas si ce sont les 1000

premières paires du data-set qui ont été choisies ou si elles ont été choisies aléatoirement. De notre côté nous avons choisi les 2000 premiers graphes du data-set qui contient 4238 graphes.

Nous avons ensuite testé nos résultats sur les data-set MUTAG et PROTEIN comme présenté dans l'article.

3.2 Expérimentations sur le data-set MUTAG et PROTEIN

Le data-set MUTAG représente des molécules sous forme de graphes, avec des nœuds pour les atomes et des arêtes pour les liaisons covalentes. Chaque molécule est classée comme mutagen ou nonmutagen. Le data-set PROTEIN représente des graphes dont les nœuds correspondent aux éléments de structure secondaire (hélices, feuillets, boucles), et dont les arêtes relient chaque nœud à ses trois voisins les plus proches.

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}
h_{edge}	-	97%	30%	89%
h_{node}	97%	-	30%	88%
h_{class}	30%	30%	-	41%
h_{adj}	88%	88%	41%	-

Table 3: "Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set MUTAG" tiré de l'article

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}
h_{edge}	-	0.952	0.780	0.704
h_{node}	0.952	-	0.774	0.730
h_{class}	0.780	0.774	-	0.708
h_{adj}	0.704	0.730	0.708	-

Table 4: Expérimentation: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set MUTAG

Nous pouvons voir au niveau du tableau 3 et 4 que nos mesures sont équivalentes avec celles de l'article uniquement pour h_{node} et h_{edge} comme observé précédemment. La mesure de classe est celle qui diverge le plus avec 30% d'accord au niveau de l'article contre 70% à 78% dans nos mesures. Une telle divergence nous permet de remettre en question les résultats présentés par l'article car la valeur de 30% pour l'homophilie de classe est assez inédite et apparaît uniquement sur le data-set MUTAG. Ces résultats seront réinterprétés plus tard dans l'article pour tenter d'apporter des éléments de réponse pertinents.

Table 5: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set Proteins

Table 6: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set CODE2

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}
h_{edge}	-	96%	76%	81%
h_{node}	96%	-	76%	81%
h_{class}	76%	76%	-	92%
h_{adj}	81%	81%	92%	-

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}
h_{edge}	-	90%	83%	84%
h_{node}	90%	-	83%	72.5%
h_{class}	83.3%	81.7%	-	91%
h_{adj}	84.7%	83%	91%	-

Pour le data-set PROTEIN, nos mesures expérimentales sont assez équivalentes, néanmoins il est important de noter que notre data-set ne contient que 600 graphes, or l'article parle de 1000 paires de graphes.

3.3 Introduction de deux nouveaux data-sets

Pour prendre du recul, nous introduisons deux nouveaux data-sets : MOLPCBA, un ensemble de données moléculaires et CODE2, un ensemble d'AST, tout deux venant d'OGB [6][5].

Table 7: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set MOLPCBA

Table 8: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set CODE2

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}
h_{edge}	-	93.6%	59.1%	66.9%
h_{node}	93.6%	-	57.1%	66.9%
h_{class}	59.1%	57.1%	-	77.4%
h_{adj}	66.9%	66.9%	77.4%	-

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}
h_{edge}	-	96.9%	83.4%	72.0%
h_{node}	96.9%	-	82.1%	72.5%
h_{class}	83.4%	82.1%	-	69.4%
h_{adj}	72.0%	72.5%	69.4%	-

On remarque des valeurs plutôt similaires à celles que nous avons déjà présentées et celles de l'article. On notera que l'homophilie de classe reste la plus inconsistante : ici entre les

deux data-sets on remarque des différences notables. Si on se fie à l'article [8] de Mironov et Prokhorenkova, elle serait aussi descendue à 30%. Selon les data-sets, on voit donc des écarts de plus de 53% d'accord entre l'homophilie de classe et d'arête ou de noeud par exemple.

3.4 Expérimentations sur la mesure non-biaisé

Pour pouvoir tester expérimentalement la nouvelle mesure dite non-biaisée, nous avons introduit deux nouveaux data-sets. Un premier, qui représente des molécules de ZINC [1] avec environ 24 noeuds et arêtes par graphes. Puis, un deuxième sur des enzymes [2][9] avec en moyenne environ 300 noeuds et 700 arêtes.

Table 9: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set ZINC

	h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}	h_{unbi}		h_{edge}	h_{node}	h_{class}	h_{adj}	h_{unbi}
h_{edge}	-	0.921	0.727	0.762	0.666	h_{edge}	-	0.94	0.49	0.49	0.47
h_{node}	0.921	-	0.704	0.763	0.675	h_{node}	0.94	-	0.50	0.51	0.49
h_{class}	0.727	0.704	-	0.771	0.725	h_{class}	0.49	0.50	-	0.89	0.87
h_{adj}	0.762	0.763	0.771	-	0.900	h_{adj}	0.49	0.51	0.89	-	0.94
h_{unbi}	0.666	0.675	0.725	0.900	-	h_{unbi}	0.47	0.49	0.87	0.94	-

Table 10: Accord entre les différentes mesures d'homophilie sur le data-set DD (enzymes)

On remarque une différence flagrante entre les expérimentations sur DD, sur le tableau 10, et sur le reste des data-sets. On voit ici clairement que h_{node} et h_{edge} se comportent de la même manière, que h_{adj} , h_{class} et h_{unbi} sont aussi plutôt similaires, et que ces deux groupes sont par contre très peu similaires. Ces résultats ne sont pas du tout aussi flagrants sur les autres data-sets que nous avons choisi. Bien qu'on voyait que h_{edge} et h_{node} était souvent très similaires, ces nouveaux résultats révèlent deux groupes distincts dans les mesure d'homophilie. On peut alors sincèrement se demander si le choix de graphes petits, que ça soit pour MUTAG, AIDS, Protein, ou les nôtres, permettrait d'expliquer à la fois les différences de mesures que nous avons observé entre nous et l'article [8], mais aussi les différences sur l'accord entre plusieurs data-sets. Avoir pris des data-sets dont les graphes sont plutôt petits est néanmoins très facile à expliquer : il est beaucoup plus facile d'en trouver que des data-sets avec des gros graphes, avec tout de même un nombre important de graphes et dont les noeuds sont labélisés...

3.5 Homophilie sur différents data-sets

Table 11: Comparaison des mesures d'homophilie sur différents data-sets

Dataset	Edge	Node	Class	Adjusted	Unbiased
AIDS_GML	0.470	0.439	0.033	-0.168	-0.798
Mutagenicity_GML	0.370	0.246	0.047	-0.229	-0.955
OGB_CODE2_GML	0.029	0.017	0.009	-0.101	-0.950
OGB_MOLPCBA_GML	0.595	0.575	0.017	-0.095	-0.786
TUD_DD_GML	0.843	0.851	0.012	0.009	-0.105
TUD_ZINC_GML	0.570	0.558	0.023	-0.114	-0.332
Protein_GML	0.668	0.672	0.138	0.274	0.277

Enfin, nous avons décidé de recréer une table de comparaison, comme la table 5 de l'article, afin de comparer nos mesures sur d'autres data-sets que ceux de l'article. Dans le tableau 11, nous observons globalement que les mesures d'homophilie h_{edge} et h_{node} sont fortement en accord, tandis que les mesures d'homophilie h_{class} , $h_{adjusted}$ et $h_{unbiased}$ sont plus en accord entre elles. Plus particulièrement, $h_{adjusted}$ et $h_{unbiased}$ donnent des résultats très similaires. Ces résultats concordent bien avec les différents accord entre les mesures d'homophilie observées au préalable.

4 Mesures d'homophilie dans les hypergraphes

Dans la suite de ce rapport, nous allons présenter quelques mesures d'homophilie dans et sur les hypergraphes, et discuter de leur propension à respecter les différentes propriétés désirables que présentent Mironov et Prokhorenkova [8].

4.1 Homophilie de nœuds et d'hyperarêtes

L'article "When Hypergraph Meets Heterophily: New Benchmark Datasets and Baseline" [7] présente deux mesures. L'hyperedge homophily qui est la proportion moyenne de pairs de nœuds au sein d'une hyperarête à appartenir à une même classe. Et la h_{node} , qui est, pour chaque noeud, sur un noeud donné, la proportion de ses voisins à être de même classe. Ses voisins sont les noeuds qui appartiennent aux mêmes hyperarêtes que le noeud donné. Ces mesures sont intéressantes car elles sont intellectuellement très proches des mesures vu plus tôt dans les graphes. En ce sens, on peut avoir l'intuition qu'elles auront plus ou moins les même propriétés que h_{node} et h_{edge} [8]. Par ailleurs, pour éviter la confusion entre les deux h_{node} , on parlera par la suite de hyper node homophily pour celle dans les hypergraphes.

4.2 Mesure d'affinités entre les groupes

L'article *Combinatorial characterizations and impossibilities for higher-order homophily* [10] nous présente une mesure d'homophilie dans des hyper-graphes. Plus précisément, elle est décrite comme la mesure de l'influence d'un label (un label et une classe sont des termes équivalents.) sur les interactions entre groupes d'une taille fixe k . On note $d(v)$ le degré d'un nœud tel que le nombre de groupes auxquels il appartient. On définit pour chaque $t \in [k] = \{1, 2, \dots, k\}$ un entier positif, un score d'affinité nommé type- t . On note $d_t(v)$ le degré type- t d'un nœud v le nombre de groupes auxquels il appartient tel qu'ils contiennent exactement t membres tel que leurs label est celui de v . Le degré de classe $D(X)$ est la somme des degrés des nœuds appartenant à la classe X . Le degré type- t de classe $D_t X$ est la somme des degrés type- t des nœuds appartenant à la classe X . Le type- t score d'affinité peut donc être défini comme suit :

$$h_t(X) = \frac{D_t(X)}{D(X)} = \frac{\sum_{v \in X} d_t(v)}{\sum_{v \in X} d(v)}$$

Si $k = t = 2$, et qu'on somme notre score pour chaque classe, puis qu'on divise par le nombre de nœuds du graphe, on retrouve la node homophily présentée dans l'article *Revisiting Graph Homophily Measure* [8].

L'article raffine cette mesure en ajoutant une baseline, qui correspond à un score d'affinité dans un cas où il n'y aurait pas corrélation entre groupe et classe. Ils définissent $b_t(X)$ comme suit :

$$b_t(X) = \frac{\binom{|X|-1}{t-1} \binom{n-|X|}{k-t}}{\binom{n-1}{k-1}}$$

L'article définit une homophilie majoritaire d'ordre j sur une classe X tel que les top j scores d'affinité type- t sont supérieurs à la baseline, i.e. $h_{k-j+1}(X) > b_{k-j+1}(X), h_{k-j+2}(X) > b_{k-j+2}(X), \dots, h_k(X) > b_k(X)$. Et une homophilie monotone d'ordre j sur une classe telle que $\frac{h_t(X)}{b_t(X)}$ augmente quand t augmente.

La thèse fondamentale de l'article est que, dans un hypergraphe, même si chaque individus voulait participer à des interactions homophiles majoritaires ou monotones par rapport à leur classe, c'est mathématiquement impossible pour des raisons combinatoires. Les auteurs proposent alors de dé-biaiser ces mesures en mettant en lumière qu'un résultat faible peut l'être uniquement pour des raisons combinatoires, et alors le comparer au maximum et au minimum qu'il puisse atteindre.

4.3 Propriétés sur ces mesures

On peut maintenant se poser la question suivante : l'article de Prokhorenkova et Mironov [8] parle de 7 propriétés qu'une mesure d'homophilie devrait respecter. Est-ce que ce qu'on

a présenté respecte ces propriétés ?

On notera que l'article parle d'arête homophile et hétérophile. Pour des raisons de simplicité on parlera ici d'hyperarête complètement homophile (hétérophile), i.e. l'entièreté des nœuds au sein de cette hyperarête sont de même classe (de classe différente).

4.3.1 Hyper node homophily et hyperedge homophily

Propriété 1 : *La monotonie est la nécessité pour un graphe que si on ajoute une arête homophile, ou qu'on retire une arête hétérophile, la mesure d'homophilie du graphe augmente.*

Pour l'hyper node homophily, contrairement à la node homophily, elle respecte bien la monotonie. En effet : pour un nœud v choisi, on somme le nombre de nœud de même classe pour chaque hyperarête auxquels il appartient. Pour une hyperarête complètement hétérophile, on obtient 0, soit autant que si cette relation n'existe pas. Néanmoins, on vient normaliser cette somme en la divisant par le nombre d'hyperarête auxquels v appartient, on aura donc un score plus bas. Et pour l'hyperedge homophily, on peut s'en convaincre sur le même principe. On peut aussi se convaincre facilement en regardant les définitions qu'ajouter une relation homophile augmente le score des deux mesures.

Propriété 2 : *L'accord minimal est la nécessité qu'un graphe dont toutes les arêtes sont hétérophiles obtiennent la valeur minimale d'une mesure d'homophilie.*

On peut se convaincre facilement que c'est le cas pour les deux mesures qui feront un score de 0. En effet, dans le cas où toutes les hyperarêtes sont complètement hétérophiles,

$$\forall u, v, \quad |\{(u, v) \in e_j \mid y_u = y_v\}| = 0$$

Donc $H_{edge} = H_{node} = 0$.

Propriété 3 : *L'accord maximal est la nécessité qu'un graphe dont toutes les arêtes sont homophiles obtiennent la valeur maximale d'une mesure d'homophilie.*

On peut aussi se convaincre que c'est le cas pour les deux mesures qui feront un score de 1. En effet, dans le cas où les hyperarêtes sont complètement homophiles,

$$\forall u, v, \quad |\{(u, v) \in e_j \mid y_u = y_v\}| = n_j$$

Par définition. Donc $H_{edge} = H_{node} = 1$

Propriété 4 : *La tolérance sur les classes vides est la propriété d'une mesure d'homophilie à ne pas changer si on ajoute un label qui ne s'applique à aucun nœud.*

Cette propriété est respectée pour les deux mesures qui n'utilisent pas le nombre de label dans leur calcul.

Propriété 5 : *La baseline constante est la propriété qu'une mesure d'homophilie est égale à une certaine baseline si sa structure est indépendante des labels de ses nœuds.*

Cette propriété est plutôt complexe à prouver. On peut avoir une intuition qui serait la suivante. Les mesures étant des parallèles plutôt évident avec les node et edge homophily[8], on pourrait y observer les mêmes comportements, et voir que l'hyper edge homophily ne respecte pas cette propriété. Néanmoins, il faudrait refaire les méthodes utilisés dans le papier qui présente ces propriétés [8] pour s'en assurer.

Propriété 6 : *La symétrie des classes est la propriété d'une mesure d'homophilie à ne pas changer si on réarrange (ou renomme) les classes.*

Les deux mesures respectent cette propriété, aucune d'elle n'utilise le nom ou l'ordre des classes dans leurs calculs.

Propriété 7 : La continuité est la propriété d'une mesure à peu changer dans le cas où un graphe change peu.

Nos deux mesures sont proportionnelles aux nombres d'hyperarêtes, on peut donc penser qu'elles respectent cette mesure.

4.3.2 Score type- t

Les mesures que nous avons vu ne décrivent pas exactement l'homophilie d'un hypergraphe. On peut néanmoins proposer une tel mesure, qui utilise le score type- t . On pose $r_t(X)$ tel que le score type- t sur la baseline :

$$r_t(X) = \frac{h_t(X)}{b_t(X)}$$

La mesure globale d'ordre t serait la moyenne de ces $r_t(X)$ pondérée par l'activité des classes X :

$$H_t = \sum_{X \in \mathcal{C}} w_X r_t(X)$$

Avec $w_X = D_X / D_{total}$ et $D_{total} = \sum_{X \in \mathcal{C}} D_X$.

De la même manière que vu plus tôt [10], on pourrait dire qu'un hypergraphe est top- j majoritairement homophile quand $H_{k-j+1} > 1, H_{k-j+2} > 1, \dots, H_k(X) > 1$. Et il serait top- j monotonement homophile quand $H_t > H_{t-1}$ pour $t \geq k - j$.

Cette mesure ne nous donne pas directement une valeur pour un hypergraphe, mais nous permet en tout cas de pouvoir réfléchir de manière plus honnête sur les propriétés que nous voudrions respecter.

Propriété 1

Pour cette propriété, nous pourrions dire qu'ajouter une relation clairement homophile d'une classe Y ferait baisser le score de $h_t(X)$, mais ça n'est pas très intéressant.

Par ailleurs, même avec la définition de l'homo/hétérophilie des hyperarêtes que nous avons proposé et qui est plutôt simple, qu'on pourrait estimer incomplète ou insatisfaisante, on se rend compte que prouver que cette propriété est vraie ou fausse n'est pas trivial.

Propriété 2

Il est plutôt trivial d'observer que notre mesure respect l'accord minimal. En effet, dans le cas où toutes les relations ne présentent que des noeuds de classe différentes, le degré type- t de chaque classe est de 0 pour tout $t > 1$. Alors, $\forall X, h_t(X) = 0 \implies r_t(X) = 0 \implies H_t = 0$, et par définition $H_t \geq 0$.

Propriété 3

Cette propriété aussi n'est pas trivial à prouver.

Propriété 4

Cette propriété est respectée pour $h_t(X)$ car le nombre de classe n'est pas présent pour le calcul. Malheureusement, il l'est dans la baseline, et donc pour H_t . En effet, la baseline étant le score dans le cas où les noeuds et relations entre eux étaient sélectionnés de manière aléatoire, rajouter une classe vide augmentera l'homophilie liée à la baseline.

Propriété 5

La propriété est respectée pour $r_t(X)$ de manière évidente, dans un tel cas $r_t(X) = 1$. On aurait donc $H_t = \sum_{X \in \mathcal{C}} w_X$, ce qui par définition est égal à 1.

Propriété 6

La propriété est respectée car on ne mesure rien sur les noms des classes.

Propriété 7

On peut penser qu'on respecte cette propriété car on est proportionnel au nombre d'hyperarêtes.

4.4 Conclusion

On notera que la définition de l'homophilie sur les hyperarêtes elles-mêmes est plutôt insatisfaisante, notamment parce que tout un pan des hyperarêtes n'est pas du tout pris en compte. Cependant, proposer des définitions plus fines rendent soudainement les propriétés désirables beaucoup plus dur à prouver. Par ailleurs, on se rend compte que quand on réfléchit au score type- t , les propriétés qui sont définies en rapport avec l'homophilie d'une hyperarête deviennent aussi très compliquées à prouver. Il serait peut-être intéressant de réfléchir à définir de nouvelles propriétés plus adaptées à ces mesures.

5 Ouverture

Étant donné qu'on peut faire un parallèle entre la mesure présentée dans l'article [7] et la node homophilie ou l'edge homophilie, on peut se poser la question suivante : peut-on, en partant des autres mesures sur les graphes présentés dans l'article de Prokhorenkova et Mironov [8], trouver des mesures parallèles dans les hypergraphes ? On notera aussi que les mesures type- t [10] sont applicables à des hypergraphes à deux classes, mais l'article note que chercher à les généraliser pour un nombre x de classe est une piste de réflexion. Par ailleurs, toutes ces mesures s'appliquent à une classe, et non à l'homophilie générale du graphe. Bien que nous ayons proposé une piste de réflexion sur cette question, elle n'a pas du tout été mis à l'épreuve.

Par ailleurs, après s'être plongé dans ces graphes, nous avons pu voir deux approches : l'une axée sur les individus, l'autre sur leurs relations et leurs groupes. En effet, le graphe fait des liens noeuds à noeuds, l'hypergraphe produit des groupes. Même au sein des hypergraphes, les mesures ici aussi divergent, l'hyper homophilie des noeuds et celle des hyperarête[3] reste philosophiquement des mesures centrées sur des pairs d'individus, là où les mesures type- t étaient plus pensées autour des groupes. Cette différence est intéressante, et interpelle quand à la manière dont nous avons de créer, penser et travailler sur ces structures. À quel point nos conditions matérielles d'existence, la société occidentale dans laquelle nous vivons, qui travaille à atomiser les rapports humains et déconstruire les communautés, biaise nos manière de travailler, à nous informaticien, développeur, chercheur ?

References

- [1] Xavier Bresson and Thomas Laurent. A two-step graph convolutional decoder for molecule generation, 2019.
- [2] P. D. Dobson and A. J. Doig. Distinguishing enzyme structures from non-enzymes without alignments. *Journal of Molecular Biology*, 330(4):771–783, July 2003.
- [3] Albert Einstein. Zur Elektrodynamik bewegter Körper. (German) [On the electrodynamics of moving bodies]. *Annalen der Physik*, 322(10):891–921, 1905.
- [4] T. Morandeau F. Ayed, O. Crouzet. Aaga graph homophily. https://github.com/AshiInSun/AAGA_Graph_Homophily.
- [5] Weihua Hu, Matthias Fey, Hongyu Ren, Maho Nakata, Yuxiao Dong, and Jure Leskovec. Ogb-lsc: A large-scale challenge for machine learning on graphs. *arXiv preprint arXiv:2103.09430*, 2021.
- [6] Weihua Hu, Matthias Fey, Marinka Zitnik, Yuxiao Dong, Hongyu Ren, Bowen Liu, Michele Catasta, and Jure Leskovec. Open graph benchmark: Datasets for machine learning on graphs. *arXiv preprint arXiv:2005.00687*, 2020.
- [7] Ming Li, Yongchun Gu, Yi Wang, Yujie Fang, Lu Bai, Xiaosheng Zhuang, and Pietro Liò. When hypergraph meets heterophily: New benchmark datasets and baseline. *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*, 39(17):18377–18384, Apr. 2025.
- [8] Mikhail Mironov and Liudmila Prokhorenkova. Revisiting graph homophily measures, 2024.
- [9] Nino Shervashidze, Pascal Schweitzer, Erik Jan Van Leeuwen, Kurt Mehlhorn, and Karsten M Borgwardt. Weisfeiler-lehman graph kernels. *Journal of Machine Learning Research*, 12(9), 2011.
- [10] Nate Veldt, Austin R Benson, and Jon Kleinberg. Combinatorial characterizations and impossibilities for higher-order homophily. *Science Advances*, 9(1):eabq3200, 2023.