

# Das Versprechen der Vernetzung

Dorothea Strecker | Lukas C. Bossert | Évariste Demandt

December 15, 2020<sup>\*</sup>

## 1 Netzwerkvisualisierung

In diesem JupyterNotebook zeigen wir euch, wie man ein Netzwerk visualisiert und analysiert. Wir machen dies am Beispiel der Konsortien, die sich bei der Nationalen Forschungsdateninfrastrukturinitiative (NFDI) beteiligen bzw. beworben haben.

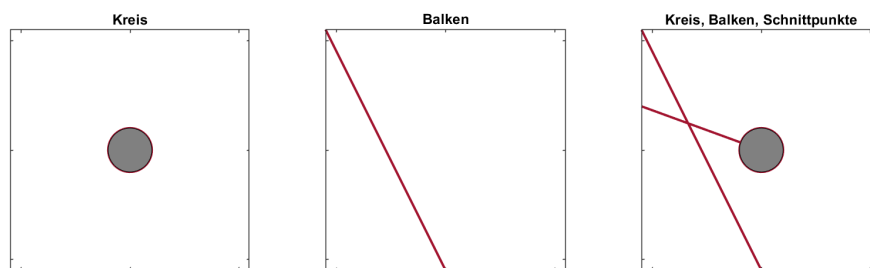
Als Datengrundlage nehmen wir die *Letters of Intent* der jeweiligen Konsortien, in denen Kooperationspartner genannt werden. Diese Nennungen sind Ausgangspunkt unseres Netzwerkes<sup>1</sup>.

Die Visualisierung machen wir in einem JupyterNotebook bzw. R Notebook<sup>2</sup>, sodass keine lokale Installation von R notwendig ist. JupyterNotebooks sind so aufgebaut, dass man verschiedene Zellen hat, in die man Code schreibt (in unserem Fall R-Code). Um die Zelle mit dem Code auszuführen, können wir im Menü auf “Cell” und “Run Cells” klicken. Oder mit dem Cursor in die Zelle klicken und anschließend gleichzeitig *SHIFT* und “ENTER” drücken. Ihr seht dann das Ergebnis des Codes direkt unter der Zelle angezeigt.

Bevor wir loslegen, möchten wir noch ein paar Begriffe klären. Ein Netzwerk besteht aus zwei Komponenten:

- Knoten (Kreis)
- Kanten (Balken)

Knoten (*nodes* oder *vertices*) werden als Kreise dargestellt und repräsentieren Konsortien. Kanten (*edges*) werden als mehr oder minder gebogene Balken dargestellt und gehen von den Knoten aus. Sie zeigen eine Verbindung zwischen zwei Knoten an.



<sup>\*</sup> Die automatisierte Konvertierung des R Notebooks wurde erstellt mit LuaHBTeX, Version 1.12.0 (TeX Live 2020).

<sup>1</sup> Siehe dazu auch das Repositorium von Dorothea Strecker ([https://github.com/dorothearr/NFDI\\_Netzwerk](https://github.com/dorothearr/NFDI_Netzwerk)), in dem sie bereits eine ähnliche Visualisierung und Analyse vorgenommen hat.

<sup>2</sup> <https://rnotebook.io> vgl. <https://bookdown.org/yihui/rmarkdown/notebook.html>

R ist so aufgebaut, dass verschiedene Bibliotheken für unterschiedliche Funktionen geladen werden können. Für die Netzwerkanalyse werden wir auf das Paket `igraph`<sup>3</sup> zurückgreifen. Mit `library('igraph')` laden wir das Paket.

```
library('igraph')
```

Attaching package: 'igraph'

The following objects are masked from 'package:stats':

`decompose`, `spectrum`

The following object is masked from 'package:base':

`union`

Die Datengrundlage steht bereits in Form einer Auflistung zur Verfügung,<sup>4</sup> sodass wir die Daten kopieren und in die nächste Zelle einfügen können.

Fangen wir bei der Funktion `read.table` an. Es gibt drei Parameter:

- `header=TRUE` (es gibt eine Kopfzeile)
- `sep=","` (die Trennung der Werte erfolgt durch ein Komma)
- `text=""` (die Werte selbst stehen zwischen den Anführungszeichen)

Diese Werte übergeben wir der selbstgewählten Variable `NFDI_edges`, was mit dem nach links weisenden Pfeilsymbol erfolgt.

```
NFDI_edges <- read.table(header=TRUE,  
                          sep="," ,  
                          text="...")
```

```
NFDI_edges <- read.table(header=TRUE,  
                          sep="," ,  
                          text=""  
  
from,to  
BERD@NFDI,KonsortSWD  
BERD@NFDI,MarDI  
BERD@NFDI,NFDI4Memory  
BERD@NFDI,Text+  
DAPHNE4NFDI,FAIRmat  
DAPHNE4NFDI,NFDI-MatWerk  
DAPHNE4NFDI,NFDI4Cat  
DAPHNE4NFDI,NFDI4Chem  
DAPHNE4NFDI,NFDI4Health  
DAPHNE4NFDI,NFDI4Ing
```

<sup>3</sup><https://igraph.org/r/>

<sup>4</sup><https://gist.github.com/LukasCBossert/27fafa33e9b16c33e1107914e928c472>

DAHPNE4NFDI,NFDI40bjects  
DAHPNE4NFDI,PUNCH4NFDI  
FAIRmat,DAHPNE4NFDI  
FAIRmat,DataPLANT  
FAIRmat,MarDI  
FAIRmat,NFDI-MatWerk  
FAIRmat,NFDI4Cat  
FAIRmat,NFDI4Chem  
FAIRmat,NFDI4DataScience  
FAIRmat,NFDI4Ing  
FAIRmat,NFDIxCS  
FAIRmat,PUNCH4NFDI  
MarDI,BERD@NFDI  
MarDI,FAIRmat  
MarDI,NFDI-MatWerk  
MarDI,NFDI-Neuro  
MarDI,NFDI4Cat  
MarDI,NFDI4Chem  
MarDI,NFDI4Ing  
MarDI,PUNCH4NFDI  
NFDI-MatWerk,DAHPNE4NFDI  
NFDI-MatWerk,DataPLANT  
NFDI-MatWerk,FAIRmat  
NFDI-MatWerk,MarDI  
NFDI-MatWerk,NFDI4Chem  
NFDI-MatWerk,NFDI4DataScience  
NFDI-MatWerk,NFDI4Ing  
NFDI-MatWerk,NFDIxCS  
NFDI-Neuro,DataPLANT  
NFDI-Neuro,GHGA  
NFDI-Neuro,NFDI4BioDiversity  
NFDI-Neuro,NFDI4Culture  
NFDI-Neuro,NFDI4Earth  
NFDI-Neuro,NFDI4Health  
NFDI-Neuro,NFDI4Ing  
NFDI-Neuro,NFDI4Microbiota  
NFDI4Agri,DataPLANT  
NFDI4Agri,KonsortSWD  
NFDI4Agri,NFDI4BioDiversity  
NFDI4Agri,NFDI4Earth  
NFDI4Agri,NFDI4Health  
NFDI4Agri,NFDI4Immuno  
NFDI4Agri,NFDI4Microbiota  
NFDI4DataScience,KonsortSWD  
NFDI4DataScience,MarDI  
NFDI4DataScience,NFDI-MatWerk  
NFDI4DataScience,NFDI4BioDiversity

NFDI4DataScience,NFDI4Cat  
NFDI4DataScience,NFDI4Chem  
NFDI4DataScience,NFDI4Culture  
NFDI4DataScience,NFDI4Health  
NFDI4DataScience,NFDI4Ing  
NFDI4DataScience,NFDI4Microbiota  
NFDI4DataScience,NFDIxCS  
NFDI4Earth,DataPLANT  
NFDI4Earth,GHGA  
NFDI4Earth,KonsortSWD  
NFDI4Earth,NFDI4Agri  
NFDI4Earth,NFDI4BioDiversity  
NFDI4Earth,NFDI4Cat  
NFDI4Earth,NFDI4Chem  
NFDI4Earth,NFDI4Culture  
NFDI4Earth,NFDI4Health  
NFDI4Earth,NFDI4Ing  
NFDI4Earth,NFDI4Objects  
NFDI4Immuno,GHGA  
NFDI4Immuno,NFDI4Agri  
NFDI4Immuno,NFDI4Health  
NFDI4Immuno,NFDI4Microbiota  
NFDI4Memory,BERD@NFDI  
NFDI4Memory,KonsortSWD  
NFDI4Memory,MarDI  
NFDI4Memory,NFDI4Culture  
NFDI4Memory,NFDI4Objects  
NFDI4Memory,Text+  
NFDI4Microbiota,DataPLANT  
NFDI4Microbiota,GHGA  
NFDI4Microbiota,NFDI4Agri  
NFDI4Microbiota,NFDI4BioDiversity  
NFDI4Microbiota,NFDI4Chem  
NFDI4Microbiota,NFDI4DataScience  
NFDI4Microbiota,NFDI4Health  
NFDI4Microbiota,NFDI4Immuno  
NFDI4Microbiota,NFDI4Ing  
NFDI4Objects,KonsortSWD  
NFDI4Objects,NFDI4Agri  
NFDI4Objects,NFDI4BioDiversity  
NFDI4Objects,NFDI4Culture  
NFDI4Objects,NFDI4Earth  
NFDI4Objects,NFDI4Memory  
NFDI4Objects,Text+  
NFDI4SD,NFDI4Culture  
NFDI4SD,NFDI4DataScience  
NFDI4SD,NFDI4Memory

```

NFDI4SD,NFDI4Objects
NFDIxCS,FAIRmat
NFDIxCS,MarDI
NFDIxCS,NFDI4Chem
NFDIxCS,NFDI4DataScience
NFDIxCS,NFDI4Earth
NFDIxCS,NFDI4Ing
PUNCH4NFDI,DAPHNE4NFDI
PUNCH4NFDI,FAIRmat
PUNCH4NFDI,GHGA
PUNCH4NFDI,MarDI
PUNCH4NFDI,NFDI4Earth
PUNCH4NFDI,NFDI4Ing
PUNCH4NFDI,NFDIxCS
Text+,KonsortSWD
Text+,NFDI4BioDiversity
Text+,NFDI4Culture
Text+,NFDI4Earth
Text+,NFDI4Ing
Text+,NFDI4Memory
Text+,NFDI4Objects
")

```

Damit wir aus diesem Datensatz ein Netzwerk erstellen können, müssen wir es aufbereiten und einen `igraph` graph erstellen.<sup>5</sup> Das geschieht mit der Funktion `graph_from_data_frame`, der wir unseren Datensatz übergeben.

Zudem geben wir an, dass unser Datensatz bzw. das Netzwerk ungerichtet ist (`directed=FALSE`), das heißt, dass die Richtung, wie sie bei `from`, `to` im Datensatz angegeben ist, egal ist. Es geht uns jetzt nur darum, dass zwei Konsortien verknüpft sind.

Diese Informationen übergeben wir der Variablen `NFDI_network`.

```

NFDI_network <- graph_from_data_frame(NFDI_edges,
                                     directed=FALSE
                                     )

```

## 1.1 Erstes Netzwerk (Grundeinstellung)

Zunächst werden wir einen Parameter festlegen, damit unser Netzwerk bei gleicher Datengrundlage immer gleich aussieht. Dieser Parameter ist `seed`. Wir wählen eine beliebige Zahl, die groß sein darf.

Anschließend kommen wir zum eigentlichen Plot. Dafür rufen wir die Funktion `plot` auf und übergeben ihr die Variable unseres Netzwerkgraphen `NFDI_network`. Für einen Titel können wir noch den Parameter `main` bestimmen und ebenso können wir angeben, ob wir mit `frame=TRUE` einen Rahmen um das Netzwerk haben wollen.

<sup>5</sup>[https://igraph.org/r/doc/graph\\_from\\_data\\_frame.html](https://igraph.org/r/doc/graph_from_data_frame.html)

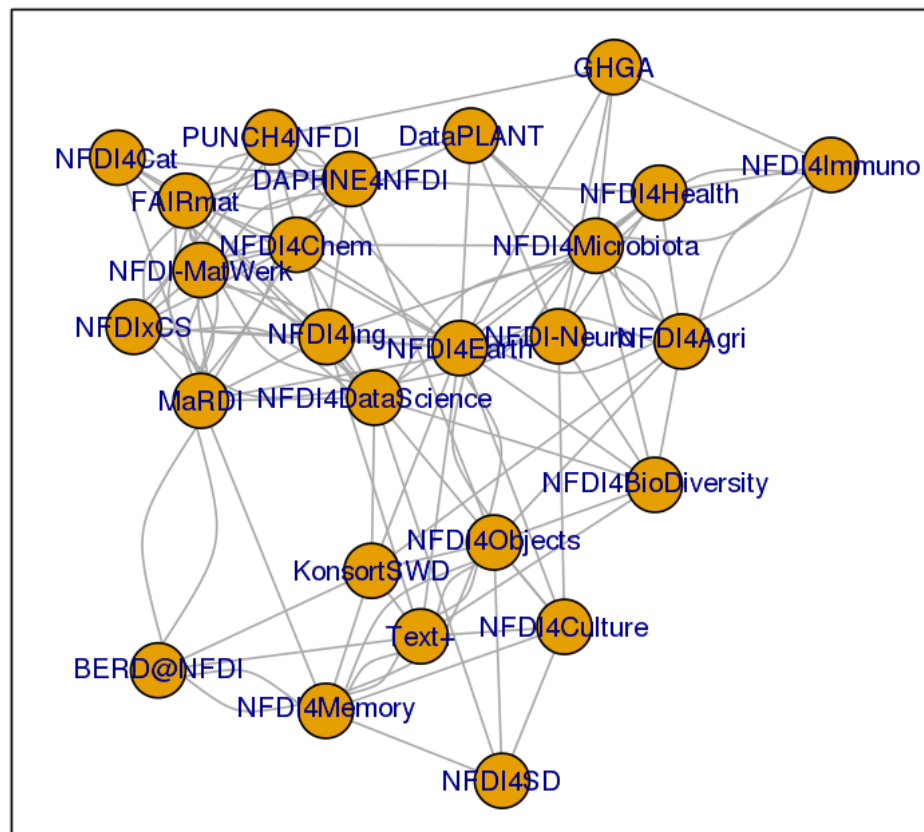
```

set.seed(1234)

plot(NFDI_network,                # loading data frame
     main = "NFDI-Netzwerk",      # adding a title
     frame = TRUE,               # making a frame
     )

```

**NFDI-Netzwerk**



Wir sehen das Netzwerk der NFDI-Konsortien ohne weitere explizite Einstellungen.

## 1.2 Layout-Einstellungen

Als nächsten Schritt möchten wir das Layout des Netzwerks optimieren. Anstatt den Code für den Plot nochmals abzutippen, werden wir den Inhalt der letzten Zelle markieren, kopieren und in die nächste Zelle

einfügen.

Wir erweitern auf diese Weise den Code und arbeiten Schritt für Schritt am Netzwerk.

Für das Layout von Netzwerken gibt es verschiedene Algorithmen. Je nach Datensatz kann mal das eine Layout, mal das andere besser geeignet sein. Mit dem Layout `graphopt`<sup>6</sup> erzielt man in der Regel ein gutes Ergebnis.

Diesen Wert `layout.graphopt` übergeben wir dem Parameter `layout`.

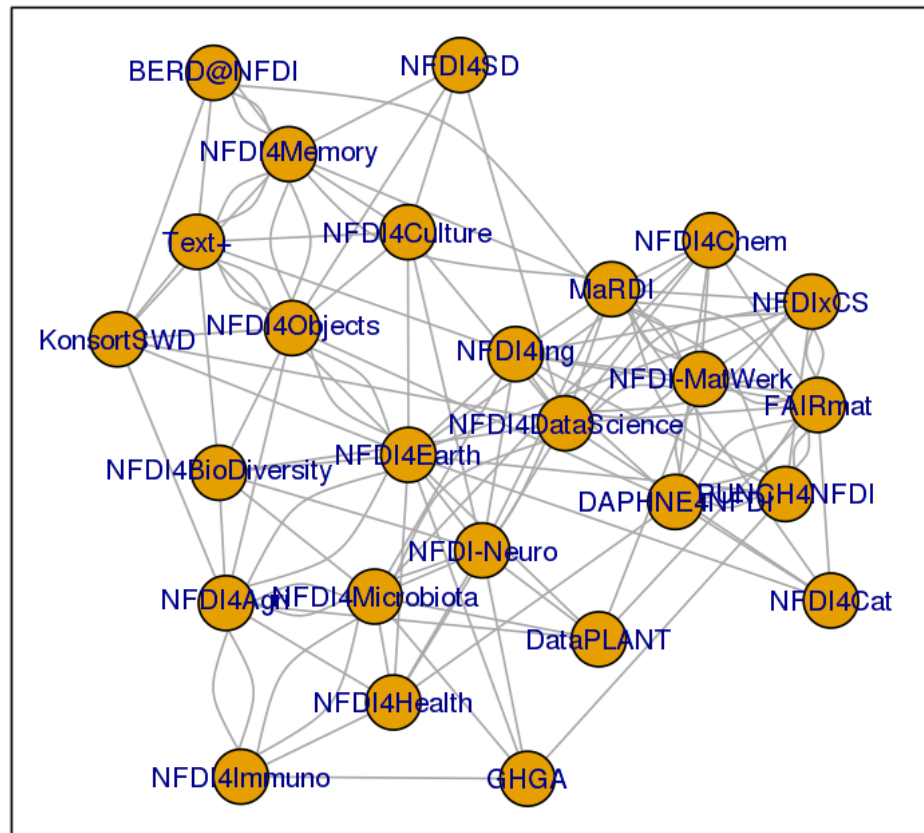
```
set.seed(1234)

plot(NFDI_network,          # loading data frame
     main = "NFDI-Netzwerk", # adding a title
     frame = TRUE,          # making a frame
     layout = layout.graphopt, #* better layout options
)
```

---

<sup>6</sup>[https://igraph.org/r/doc/layout\\_with\\_graphopt.html](https://igraph.org/r/doc/layout_with_graphopt.html)

## NFDI-Netzwerk



Das Netzwerk ist jetzt schon besser strukturiert und die Abstände der Knoten sind harmonischer.

Wer möchte, der kann weitere Layout-Einstellungen<sup>7</sup> ausprobieren:

- `layout_circle(circle, circular)`: Deterministic layout that places the vertices on a circle
- `layout_drl(drl)`: The Distributed Recursive Layout algorithm for large graphs
- `layout_fruchterman_reingold(fr)`: Fruchterman-Reingold force-directed algorithm
- `layout_fruchterman_reingold_3d(fr3d, fr_3d)`: Fruchterman-Reingold force-directed algorithm in three dimensions
- `layout_grid_fruchterman_reingold(grid_fr)`: Fruchterman-Reingold force-directed algorithm with grid heuristics for large graphs
- `layout_kamada_kawai(kk)`: Kamada-Kawai force-directed algorithm

<sup>7</sup><https://igraph.org/python/doc/tutorial/tutorial.html#layout-algorithms>



- `layout_kamada_kawai_3d` (`kk3d`, `kk_3d`): Kamada-Kawai force-directed algorithm in three dimensions
- `layout_lgl` (`large`, `lgl`, `large_graph`): The Large Graph Layout algorithm for large graphs
- `layout_random` (`random`): Places the vertices completely randomly
- `layout_random_3d` (`random_3d`): Places the vertices completely randomly in 3D
- `layout_reingold_tilford` (`rt`, `tree`): Reingold-Tilford tree layout, useful for (almost) tree-like graphs
- `layout_reingold_tilford_circular` (`rt_circular`, `tree`): Reingold-Tilford tree layout with a polar coordinate post-transformation, useful for (almost) tree-like graphs
- `layout_sphere` (`sphere`, `spherical`, `circular_3d`): Deterministic layout that places the vertices evenly on the surface of a sphere

### 1.3 Farbe, Größe, Krümmung (Knoten und Kanten)

Nachdem wir die Anordnung der Knoten optimiert haben, wollen wir im nächsten Schritt die Darstellung der Knoten und Kanten angehen.

Es lassen sich verschiedene Parameter nach eigenen Wünschen anpassen.

Zunächst möchten wir die Farbe der Knoten angehen. Der Parameter lautet `vertex.color` und wir können einen HTML-Farbwert angeben (bspw. `#ffcc66`).<sup>8</sup> Für die Umrandung der Knoten wählen wir den gleichen Farbcode. Der Parameter lautet `vertex.frame.color`.

Die Beschriftung der Knoten lässt sich ebenfalls modifizieren. Die Änderung der Schriftgröße erfolgt über den Parameter `vertex.label.cex`, an den wir den Wert `0.5` übergeben. Wichtig ist hier, dass der Wert *nicht* in Anführungszeichen geschrieben wird. Dies ist eine relative Größe und wir möchten die Label nur halb so groß wie im vorherigen Netzwerk dargestellt haben. Auch die Farbe der Beschriftung ist änderbar. Ganz analog heißt der Parameter `vertex.label.color`, an den wir den Farbwert auch als String, wie bspw. `"black"`, übergeben können.

Ein Netzwerk besteht neben den Knoten auch aus Kanten, die zwei Knoten verbinden. Für die Farbänderung brauchen wir den Parameter `edge.color`, an den wir bspw. `"#808080"` übergeben. Neben der Farbe können wir auch den Grad der "Krümmung" bestimmen, die mit `edge.curved` und dem Wert `0.1` eingestellt wird. Wichtig ist auch hier wieder, dass *keine* Anführungszeichen gesetzt werden.

```
set.seed(1234)

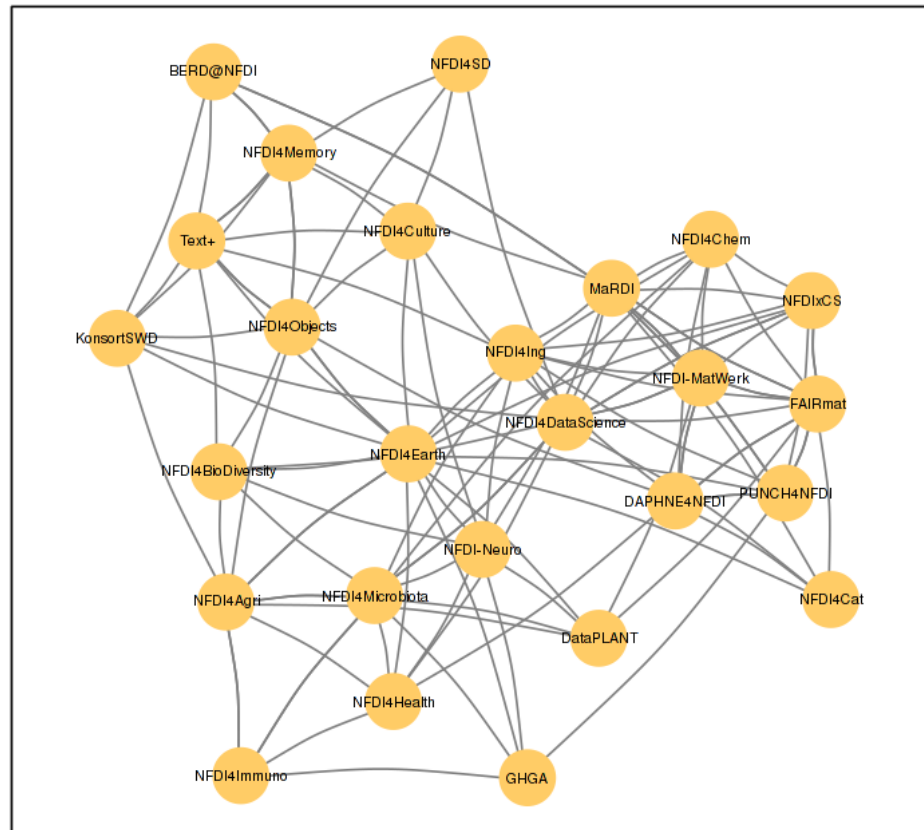
plot(NFDI_network,
     main = "NFDI-Netzwerk",
     frame = TRUE,
     layout = layout.graphopt,
     vertex.color = "#ffcc66",
     vertex.frame.color = "#ffcc66",
     vertex.label.cex = 0.5,
     vertex.label.color = "black",
     edge.color = "#808080",
     edge.curved = 0.1,
```

```
# loading data frame
# adding a title
# making a frame
# better layout options
## color of nodes
## color of the frame of nodes
## size of the description of the labels
## color of the description
## color of edges
## factor of "curvity"
```

<sup>8</sup>[https://www.w3schools.com/colors/colors\\_picker.asp](https://www.w3schools.com/colors/colors_picker.asp)

)

## NFDI-Netzwerk



### 1.4 Knotengröße in Abhängigkeit der Kantenanzahl

In den bisherigen Netzwerkdarstellungen sind alle Knoten gleich groß.

Jetzt möchten wir eine weitere Informationsebene einbauen und die Knotengröße entsprechend der Anzahl ihrer Kanten ausgeben.

Die Anzahl der Kanten pro Knoten können wir mit der Funktion `degree`<sup>9</sup> ermitteln. Wenn wir dieser Funktion den Datensatz des Netzwerkes übergeben (`degree(NFDI_network)`), dann erhalten wir die Anzahl der Kanten pro Knoten. Diese Werte nehmen wir als Größenangabe für die Knoten.

<sup>9</sup><https://igraph.org/r/doc/degree.html>

Wir erweitern somit den bisherigen Code um eine Zeile. Die Knotengröße verbirgt sich hinter dem Parameter `vertex.size` und als Wert übergeben wir die Funktion `degree(NFDI_network)`.

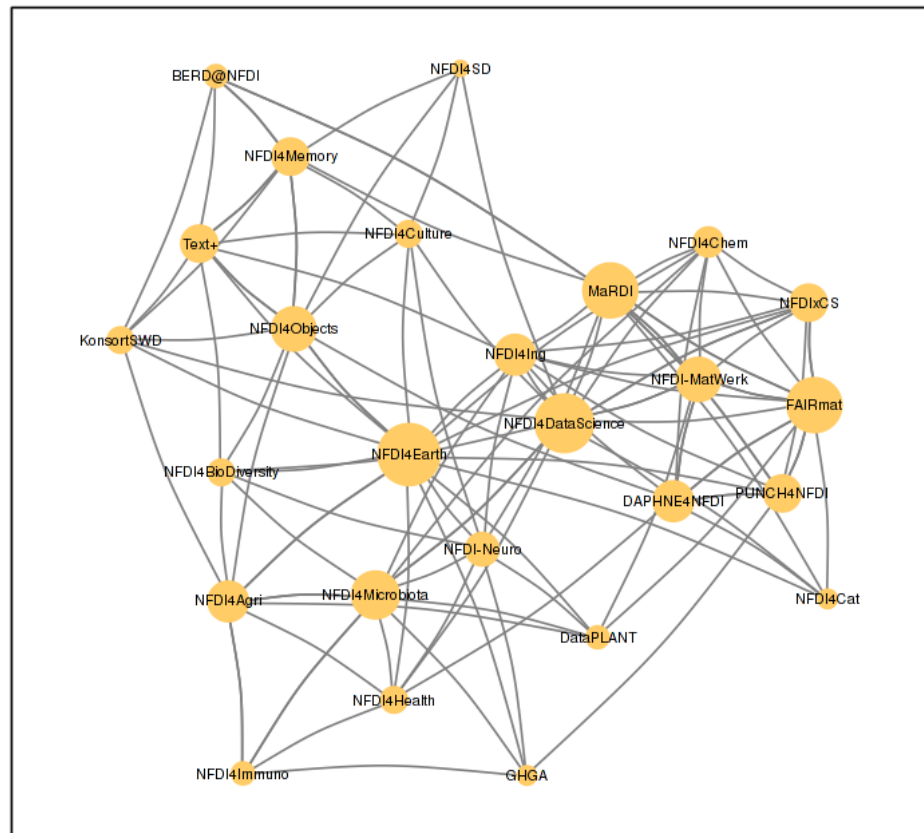
```
degree(NFDI_network)                                ## calculate number of edges
```

**BERD@NFDI 6 DAPHNE4NFDI 11 FAIRmat 15 MaRDI 15 NFDI-MatWerk 12 NFDI-Neuro 9 NFDI4Agri 11  
NFDI4DataScience 16 NFDI4Earth 17 NFDI4Immuno 6 NFDI4Memory 10 NFDI4Microbiota 13  
NFDI4Objects 12 NFDI4SD 4 NFDIxCS 10 PUNCH4NFDI 10 Text+ 10 KonsortSWD 7 NFDI4Cat 5  
NFDI4Chem 8 NFDI4Health 7 NFDI4Ing 11 DataPLANT 6 GHGA 5 NFDI4BioDiversity 7 NFDI4Culture 7**

```
set.seed(1234)

plot(NFDI_network,                                # loading data frame
     main = "NFDI-Netzwerk",                       # adding a title
     frame = TRUE,                                  # making a frame
     layout = layout.graphopt,                     # better layout options
     vertex.color = "#ffcc66",                     # color of nodes
     vertex.frame.color = "#ffcc66",               # color of the frame of nodes
     vertex.label.cex = 0.5,                       # size of the description of the labels
     vertex.label.color = "black",                 # color of the description
                                           # color: https://www.w3schools.com/
     ↪ colors/colors_picker.asp
     edge.color = "#808080",                       # color of edges
     edge.curved = 0.1,                            # factor of "curvity"
     vertex.size = degree(NFDI_network), ## size of nodes depends on ↵
     ↪ amount of edges
)
```

## NFDI-Netzwerk



### 1.5 Knotengröße in Abhängigkeit der Anzahl ein- und ausgehender Kanten

Wir haben jetzt eine zweite Informationsebene in unser Netzwerk eingeführt und können die Knotengröße in Relation zur Kantenanzahl darstellen.

Im nächsten Schritt möchten wir eine weitere Komponente einführen. Bislang war es unerheblich, ob ein Konsortium im Datensatz an erster oder zweiter Stelle genannt wurde, das heißt, es war unerheblich, ob der aktive oder der passive Kooperationspartner ist.

Jetzt möchten wir die Unterscheidung im Netzwerk berücksichtigen. Dafür muss unser Graph (Netzwerk) “gerichtet” werden<sup>10</sup>.

Wir führen eine neue Variable (NFDI\_network\_directed) ein, die den Datensatz als gerichteten Graph

<sup>10</sup>[https://de.wikipedia.org/wiki/Gerichteter\\_Graph](https://de.wikipedia.org/wiki/Gerichteter_Graph)

enthält, was wir mit `directed = TRUE` einstellen.

```
NFDI_network_directed <- graph_from_data_frame(NFDI_edges,
                                              directed = TRUE
                                              )
```

Die restlichen Plotangaben übertragen wir aus der vorherigen Zelle. Entscheidend ist nun, dass wir der Plot-Funktion die neue Variable mit dem gerichteten Graphen übergeben. Zudem übergeben wir auch der Funktion `degree` die neue Variable.

Im gerichteten Netzwerk erschwert die Krümmung der Kanten die Lesbarkeit. Daher wählen wir für `edge.curved` den Wert 0.

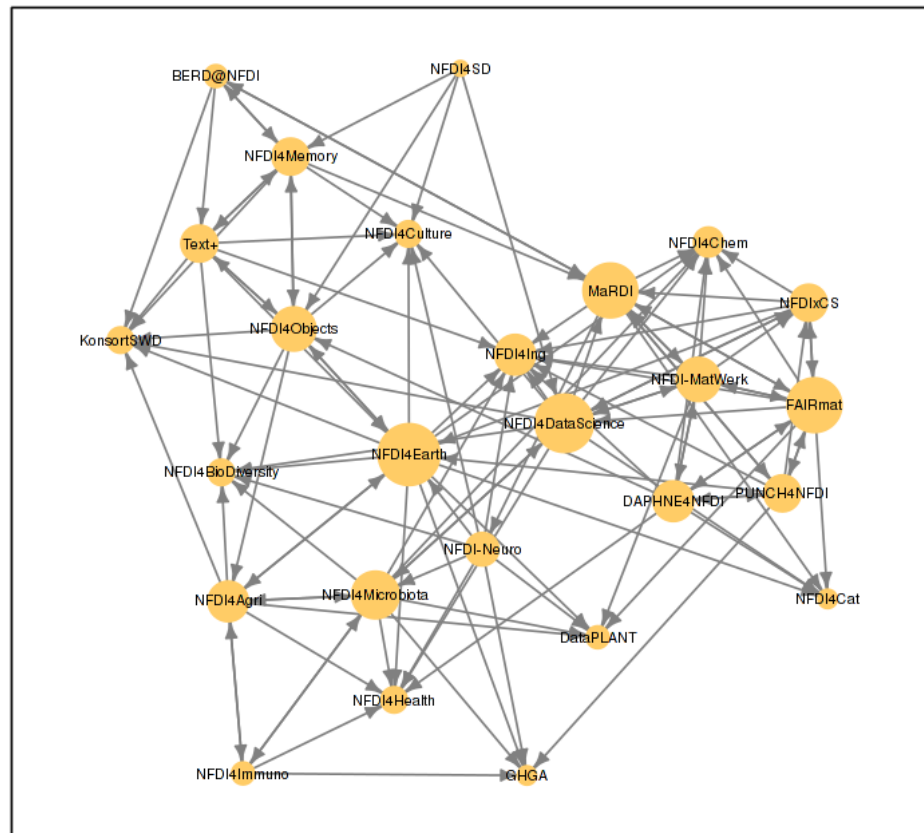
Ebenso sollen die Pfeilspitzen kleiner werden, was mit `edge.arrow.size` und dem relativen Wert 0.5 möglich ist.

```
set.seed(1234)

plot(NFDI_network_directed,      #<<<<<<< loading data frame
     main = "NFDI-Netzwerk",      # adding a title
     frame = TRUE,                # making a frame
     layout = layout_graphopt,    # better layout options
     vertex.color = "#ffcc66",    # color of nodes
     vertex.frame.color = "#ffcc66", # color of the frame of nodes
     vertex.label.cex = 0.5,      # size of the description of the labels
     vertex.label.color = "black", # color of the description
                                     # color: https://www.w3schools.com/

     ↪ colors/colors_picker.asp
     edge.color = "#808080",      # color of edges
     edge.curved = 0,             #<<<<<<<<< factor of "curvity"
     vertex.size = degree(NFDI_network_directed), #<<<<<< size of nodes
     ↪ depends on amount of edges
     edge.arrow.size = .5,        /* arrow size, defaults to 1
     )
```

## NFDI-Netzwerk



Im nächsten Schritt möchten wir die Knotengröße entsprechend der *eingehenden* Kanten skalieren. Je öfter ein Konsortium als Kooperationspartner genannt wird, desto größer wird dessen Knoten.

Wir können dafür die Funktion `degree` modifizieren, indem wir `mode = "in"` ergänzen<sup>11</sup>.

```
degree(NFDI_network_directed,  
       mode = "in")
```

```
degree(NFDI_network_directed,  
       mode = "in")
```

**BERD@NFDI 2 DAPHNE4NFDI 3 FAIRmat 5 MaRDI 7 NFDI-MatWerk 4 NFDI-Neuro 1 NFDI4Agri 4  
NFDI4DataScience 5 NFDI4Earth 6 NFDI4Immuno 2 NFDI4Memory 4 NFDI4Microbiota 4**

<sup>11</sup><https://igraph.org/r/doc/degree.html>

NFDI4Objects 5 NFDI4SD 0 NFDI4CS 4 PUNCH4NFDI 3 Text+ 3 KonsortSWD 7 NFDI4Cat 5  
 NFDI4Chem 8 NFDI4Health 7 NFDI4Ing 11 DataPLANT 6 GHGA 5 NFDI4BioDiversity 7 NFDI4Culture 7

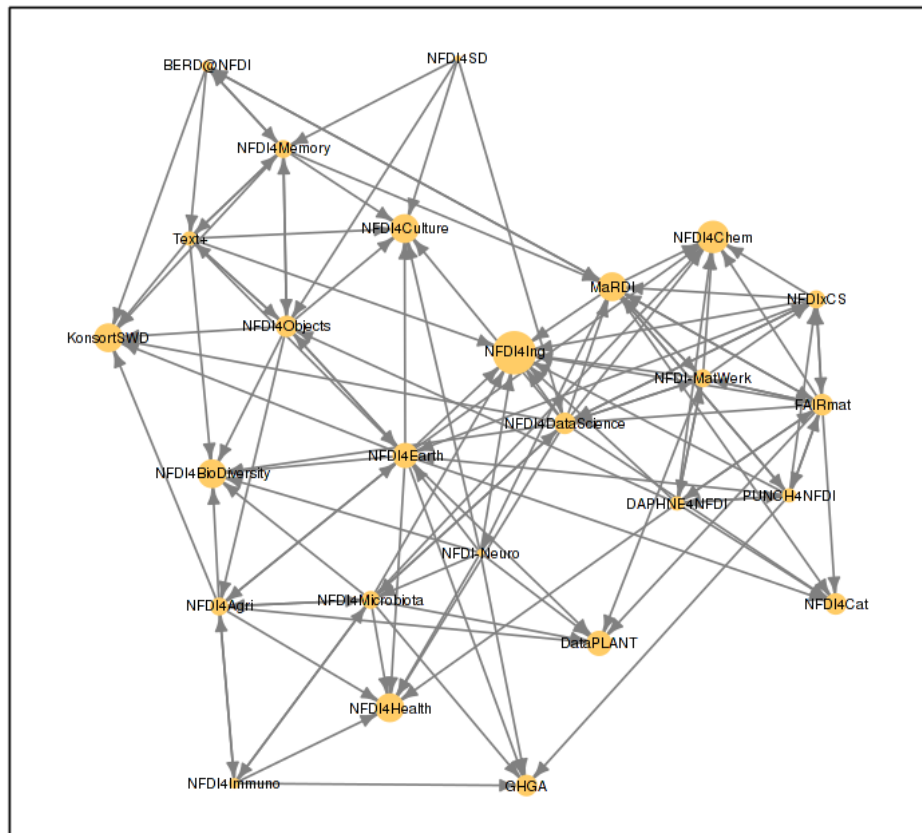
```
set.seed(1234)

plot(NFDI_network_directed,      # loading data frame
     main = "NFDI-Netzwerk (<in>)", #<<<<<<< adding a title
     frame = TRUE,               # making a frame
     layout = layout.graphopt,   # better layout options
     vertex.color = "#ffcc66",    # color of nodes
     vertex.frame.color = "#ffcc66", # color of the frame of nodes
     vertex.label.cex = 0.5,      # size of the description of the labels
     vertex.label.color = "black", # color of the description
                                     # color: https://www.w3schools.com/

    ↪ colors/colors_picker.asp
     edge.color = "#808080",      # color of edges
     edge.curved = 0,             # factor of "curvity"
     vertex.size = degree(NFDI_network_directed,
                           mode = "in"), #<<<<< size of nodes depends on ↵

    ↪ amount of edges
     edge.arrow.size = .5,        # arrow size, defaults to 1
)
```

## NFDI-Netzwerk (<in>)



Ebenfalls können wir nun auch die Größe der Konsortien entsprechend ihrer *ausgehenden* Kanten darstellen. Wir übernehmen den kompletten Zelleninhalt von zuvor und ändern lediglich *in* zu *out*.

```
degree(NFDI_network_directed,
       mode = "out")
```

```
BERD@NFDI 4 DAPHNE4NFDI 8 FAIRmat 10 MaRDI 8 NFDI-MatWerk 8 NFDI-Neuro 8 NFDI4Agri 7
NFDI4DataScience 11 NFDI4Earth 11 NFDI4Immuno 4 NFDI4Memory 6 NFDI4Microbiota 9
NFDI4Objects 7 NFDI4SD 4 NFDI4CS 6 PUNCH4NFDI 7 Text+ 7 KonsortSWD 0 NFDI4Cat 0
NFDI4Chem 0 NFDI4Health 0 NFDI4Ing 0 DataPLANT 0 GHGA 0 NFDI4BioDiversity 0 NFDI4Culture 0
```

```
set.seed(1234)
```

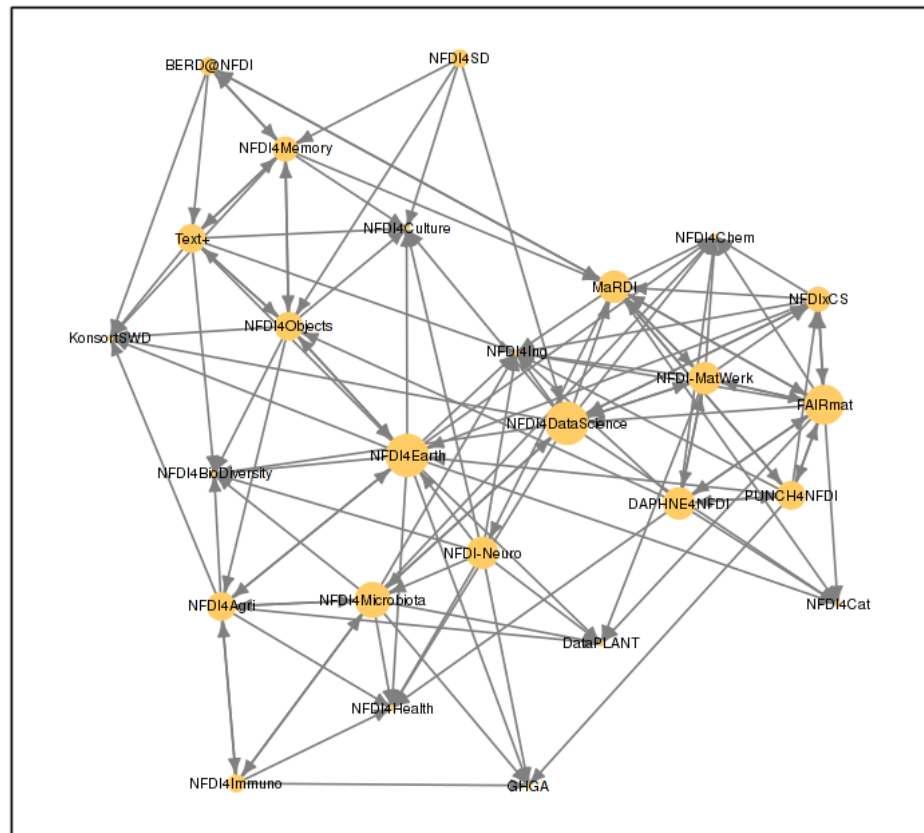


```

plot(NFDI_network_directed,           # loading data frame
     main = "NFDI-Netzwerk (<out>)", #<<<<<<< adding a title
     frame = TRUE,                   # making a frame
     layout = layout.graphopt,       # better layout options
     vertex.color = "#ffcc66",       # color of nodes
     vertex.frame.color = "#ffcc66", # color of the frame of nodes
     vertex.label.cex = 0.5,         # size of the description of the labels
     vertex.label.color = "black",   # color of the description
                                     # color: https://www.w3schools.com/
     ↪ colors/colors_picker.asp
     edge.color = "#808080",         # color of edges
     edge.curved = 0,                # factor of "curvity"
     vertex.size = degree(NFDI_network_directed,
                           mode = "out"), #<<<<< size of nodes depends ↵
     ↪ on amount of edges
     edge.arrow.size = .5,           # arrow size, defaults to 1
)

```

## NFDI-Netzwerk (<out>)



Es fällt auf, dass einige Knoten schrumpfen und in der Tabelle sieht man, dass sie den Wert 0 bei ausgehenden Kanten haben. Das liegt daran, dass dies die Konsortien sind, die in der ersten Förderrunde bereits bewilligt wurden und daher keinen neuen Letters of Intent eingereicht haben. Unser Datensatz berücksichtigt ja nur die Letters of Intent der zweiten Förderrunde. Die Konsortien der ersten Runde können daher nur als “passive” Kooperationspartner genannt werden.

### 1.6 Ausschluss der Konsortien aus der ersten Förderrunde

Wir können nun mal schauen, wie sich das Netzwerk ändert, wenn wir die bereits geförderten Konsortien ausschließen. Damit bekommen wir ein Netzwerk, das nur die Kooperationen der Konsortien der zweiten Förderrunde berücksichtigt.

Der Filter bzw. das Löschen der besagten Konsortien funktioniert so: Die Funktion `delete_vertices` kümmert sich um die Löschung wir müssen dafür zunächst den Netzwerkgraphen angeben, anschließend

findet eine Berechnung statt: Es sollen alle Knoten/Konsortien (ausgegeben durch die Funktion V) gelöscht werden, deren Anzahl an Kanten im Modus out gleich 0 ist. Diese gelöschte Knoten übergeben wir der neuen Variable NFDI\_network\_directed\_filter, die wir weiter nutzen können.

Als Darstellungsmodus des Netzwerks wählen wir total, da es jetzt nicht um die separate Anzahl der ein- und ausgehenden Verbindungen, sondern um deren Summe geht.

```
NFDI_network_directed_filter <- delete_vertices(NFDI_network_directed,
  V(NFDI_network_directed)[ degree(NFDI_network_directed, mode = "out") == 0 ])

degree(NFDI_network_directed_filter,
  mode = "total")
```

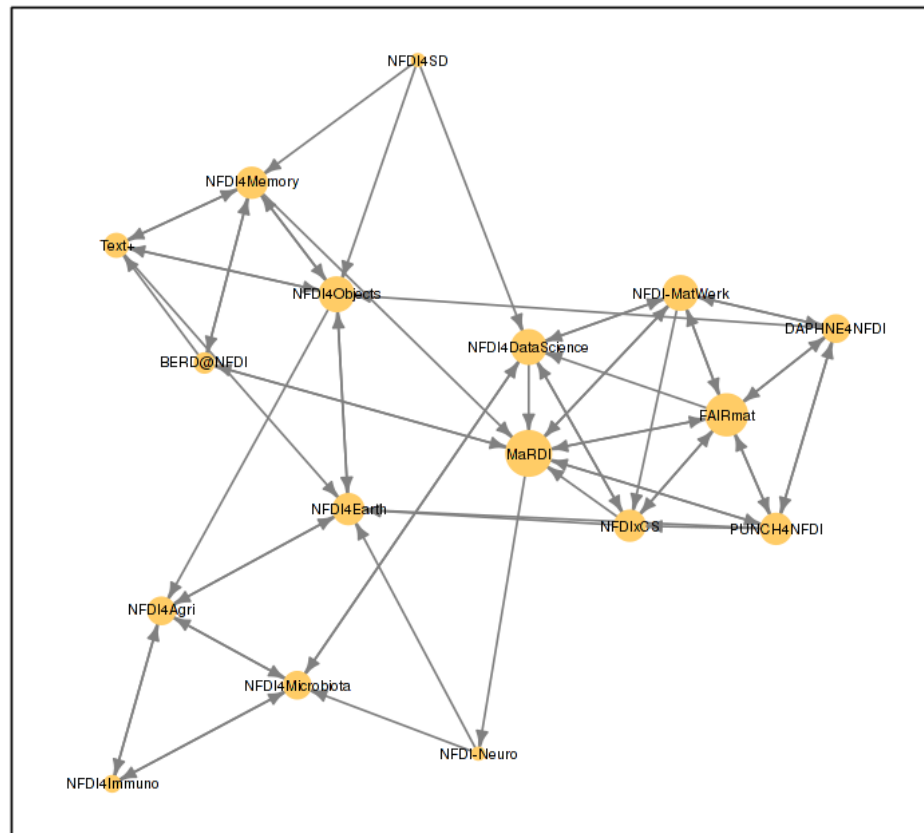
**BERD@NFDI** 5 **DAPHNE4NFDI** 7 **FAIRmat** 11 **MaRDI** 12 **NFDI-MatWerk** 9 **NFDI-Neuro** 3 **NFDI4Agri** 7  
**NFDI4DataScience** 9 **NFDI4Earth** 8 **NFDI4Immuno** 4 **NFDI4Memory** 8 **NFDI4Microbiota** 7  
**NFDI4Objects** 9 **NFDI4SD** 3 **NFDI4CS** 8 **PUNCH4NFDI** 8 **Text+** 6

```
set.seed(1234)

plot(NFDI_network_directed_filter, #<<<<<<< loading data frame
  main = "NFDI-Netzwerk (<filtered>)", #<<<<<<< adding a title
  frame = TRUE, # making a frame
  layout = layout.graphopt, # better layout options
  vertex.color = "#ffcc66", # color of nodes
  vertex.frame.color = "#ffcc66", # color of the frame of nodes
  vertex.label.cex = 0.5, # size of the description of the labels
  vertex.label.color = "black", # color of the description
  # color: https://www.w3schools.com/

  #<<<<<<< colors/colors_picker.asp
  edge.color = "#808080", # color of edges
  edge.curved = 0, # factor of "curvity"
  vertex.size = degree(NFDI_network_directed_filter,
    mode = "total"), #<<<<<< size of nodes depends
  #<<<<<<< on amount of edges
  edge.arrow.size = .5, # arrow size, defaults to 1
)
```

## NFDI-Netzwerk (<filtered>)



## 2 Netzwerkanalyse

Nach den bisherigen Runden der Netzwerkvisualisierung wollen wir noch einen Schritt weiter gehen und die Netzwerkstruktur analysieren.

### 2.1 NFDI-Konferenzsystematik

Als ersten Schritt wollen wir die Knoten bzw. Konsortien in den Farben der NFDI-Konferenzsystematik einfärben.

Wie kommt die NFDI-Konferenzsystematik zustande? Für die Vorträge wurden fünf Panels aufgemacht:

1. Medizin
2. Lebenswissenschaften

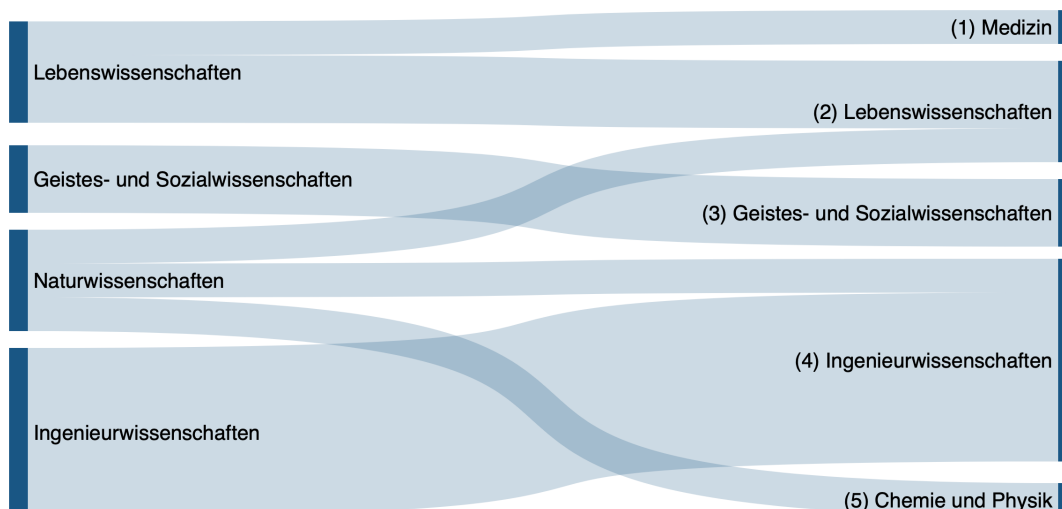
3. Geisteswissenschaften
4. Ingenieurwissenschaften
5. Chemie/Physik

Die antragsstellenden Konsortien wurden auf diese fünf Gruppen eingeteilt:<sup>12</sup>

<b>Uhrzeit</b>	<b>Session 1 Medizin</b>	<b>Session 2 Lebens- wissenschaften</b>	<b>Session 3 Geistes- und Sozialwissen- schaften</b>	<b>Session 4 Informatik, Mathematik und Ingenieur- wissenschaften</b>	<b>Session 5 Chemie und Physik</b>
11:00 – 11:05	Einführung	Einführung	Einführung	Einführung	Einführung
11:05 – 11:20	NFDI4Health	NFDI4BioDiv.	KonsortSWD	NFDI4Ing	NFDI4cat
11:20 – 11:35	GHGA	DataPLANT	BERD@NFDI	NFDI4MobilTech	NFDI4Chem
11:35 – 11:50	NFDI-Neuro	NFDI4Microbio.	NFDI4Culture	MARDI	FAIRmat
11:50 – 12:10	Fragerunde	Fragerunde	Fragerunde	Fragerunde	Fragerunde

Im Folgenden kürzen wir die Gruppe 4 “Informatik, Mathematik und Ingenieurwissenschaften” mit “Ingenieurwissenschaften” ab.

Auffällig ist, dass nach der DFG-Fachsystematik die Naturwissenschaften auf die Lebenswissenschaften, Ingenieurwissenschaften und Chemie/Physik aufgeteilt worden sind, wie man im folgenden Sankey (Flussdiagramm) sehen kann.



Alle Konsortien sind also einem dieser fünf Bereiche zugeteilt und wir wollen das nun im Netzwerk zeigen.


<sup>12</sup>[https://www.dfg.de/download/pdf/foerderung/programme/nfdi/nfdi\\_konferenz\\_2020/programm\\_webkonferenz\\_2020.pdf](https://www.dfg.de/download/pdf/foerderung/programme/nfdi/nfdi_konferenz_2020/programm_webkonferenz_2020.pdf)

Diese Einteilung der Konsortien auf die Konferenzsystematik laden wir in der nächsten Zelle.

Dieser neue Datensatz wird der Variable NFDI\_nodes übergeben; die erste Spalte beinhaltet die Konsortialnamen, die zweite Spalte die Nummer aus der NFDI-Konferenzsystematik.

```
NFDI_nodes <- read.table(header=TRUE,
                          sep=" ",
                          text="
name,group
BERD@NFDI,3
DAPHNE4NFDI,5
DataPLANT,2
FAIRmat,5
GHGA,1
KonsortSWD,3
MaRDI,4
NFDI-MatWerk,4
NFDI-Neuro,1
NFDI4Agri,2
NFDI4BioDiversity,2
NFDI4Cat,5
NFDI4Chem,5
NFDI4Culture,3
NFDI4DataScience,4
NFDI4Earth,2
NFDI4Health,1
NFDI4Immuno,1
NFDI4Ing,4
NFDI4Memory,3
NFDI4Microbiota,2
NFDI4Objects,3
NFDI4SD,3
NFDIxCs,4
PUNCH4NFDI,5
Text+,3
")
```

Jetzt müssen wir aus dem Datensatz noch ein Graph-Datensatz erstellen, was wiederum mit graph\_from\_data\_frame geschieht. Neu ist, dass wir nun differenzieren, was unser Kanten-Data-Frame und was die Liste mit den Knoten ist.

```
NFDI_network_directed <- graph_from_data_frame(d = NFDI_edges,      # d = 
  ↪ data frame =~ edges
                                vertices = NFDI_nodes, #nodes
                                directed = TRUE)        #directed
```

## 2.2 NFDI-Farbkodierung

Damit wir die Knoteneinteilung auf die NFDI-Konferenzsystematik im Netzwerk besser erkennen, wählen wir eine Farbcodierung entsprechend der DFG-Fachsystematik (ggf. leichte Anpassung).

Es gelten folgende Werte

Nr.	Bezeichnung	HTML-Farbcode
(1)	Medizin	#f5ac9f
(2)	Lebenswissenschaften	#e43516
(3)	Geisteswissenschaften	#f9b900
(4)	Ingenieurwissenschaften	#007aaf
(5)	Chemie/Physik	#6ca11d

Diese Farbwerte geben wir jetzt der Reihe nach an die Variable `NFDI_color_code` weiter, dabei werden die Farbwerte in eine Liste geschrieben. Anhand der Funktion `c` werden die Werte in einen Vektor geschrieben,<sup>13</sup> mit dem wir weiterarbeiten können.

Jetzt müssen wir noch die Verknüpfung zwischen Farbwert und den Konsortien herstellen. Dafür führen wir die Variable `NFDI_color_groups` ein: Jeder Wert aus `NFDI_color_code` hat eine Positionsnummer (1-5), das nutzen wir, indem wir den Wert der zweiten Spalte des Netzwerkgraphen (`$group`) als Zahl auswerten und so den Farbwert übergeben. Vereinfacht gesagt und vom Ergebnis her gesehen, bekommt die Nummer der NFDI-Konferenzsystematik den Farbwert, der an der entsprechenden Stelle in der Liste der Variable `NFDI_color_code` steht.

```
NFDI_color_code <- c("#f5ac9f", # Medizin
                    "#e43516", # Lebenswissenschaften
                    "#f9b900", # Geisteswissenschaften
                    "#007aaf", # Ingenieurwissenschaften
                    "#6ca11d"  # Chemie/Physik
                    )
NFDI_color_groups <- NFDI_color_code[as.numeric(as.
↪factor(V(NFDI_network_directed)$group))]
```

## 2.3 Netzwerk mit eingefärbten Knoten

Wir können wiederum den Code der vorhergehenden Zelle übernehmen und anpassen.

Entscheidend ist, dass wir bei `vertex.color` und `vertex.frame.color` die Variable `NFDI_color_groups` als Wert angeben. Wir wollen ebenfalls das gesamte Netzwerk mit allen Kanten (`mode = "total"`) berücksichtigen und darstellen.

Was jetzt noch fehlt, ist eine Legende, sodass wir auch sehen, was hinter der Farbcodierung steckt.

Dafür gibt es eine spezielle Funktion `legend`, die wir nun mit Werten füllen:

- Zunächst die Positionierung der Legende, die wir "unten rechts" ("`bottomright`") haben wollen, dann der Titel (`title = "NFDI-Konferenzsystematik"`), jetzt kommt der Inhalt der Legende, was über

<sup>13</sup><https://www.rdocumentation.org/packages/base/versions/3.6.2/topics/c>

den Parameter `legend` geregelt wird: Hierfür bauen wir uns wiederum eine Liste (`c()`), in der wir die gewünschten Werte eintragen.

- `col`: Mit `col` wird das Farbschema festgesetzt und wir können direkt auf die NFDI-Farbliste über die Variable `NFDI_color_code` verweisen.
- `pch`: Wir dürfen auf keinen Fall den Parameter `pch` vergessen, da hierüber das Symbol in der Legende definiert wird. Mit dem Wert 20 wählen wir einen ausgefüllten Kreis.
- `bty`: Mit `bty` und dem Wert `n` für `no` verzichten wir auf einen Rahmen um die Legende.
- `cex` (also `character expansion`) ist wieder ein relativer Wert und wir können die Schriftgröße bestimmen; ähnlich dazu funktioniert `pt.cex` für die Symbole der Legende.

```
set.seed(1234)

plot(NFDI_network_directed,           # loading data frame
     main = "NFDI-Netzwerk (<Konferenzsystematik>)", #<<<<<<<< adding a title
     frame = TRUE,                     # making a frame
     layout = layout.graphopt,        # better layout options
     vertex.color = NFDI_color_groups, #<<<<<<<<< color of nodes
     vertex.frame.color = NFDI_color_groups, #<<<<<<<<< color of the frame
     ↪ of nodes
     vertex.label.cex = 0.5,           # size of the description of the labels
     vertex.label.color = "black",     # color of the description
                                         # color: https://www.w3schools.com/
     ↪ colors/colors_picker.asp
     edge.color = "#808080",          # color of edges
     edge.curved = 0,                 # factor of "curvity"
     vertex.size = degree(NFDI_network_directed,
                          mode = "total"), #<<<<<<<<<< size of nodes
     ↪ depends on amount of edges
     edge.arrow.size = .5,            # arrow size, defaults to 1
)

legend("bottomright", # x-position
       title = "NFDI-Konferenzsystematik", # title
       legend = c(
         "(1) Medizin",
         "(2) Lebenswissenschaften",
         "(3) Geisteswissenschaften",
         "(4) Ingenieurwissenschaften",
         "(5) Chemie/Physik"
       ), # the text of the legend
       col = NFDI_color_code, # colors of lines and points beside the
       ↪ legend text
       pch = 20,             # the plotting symbols appearing in the legend
       bty = "n",            # no frame, the type of box to be drawn around the
       ↪ legend (n=no frame)
```

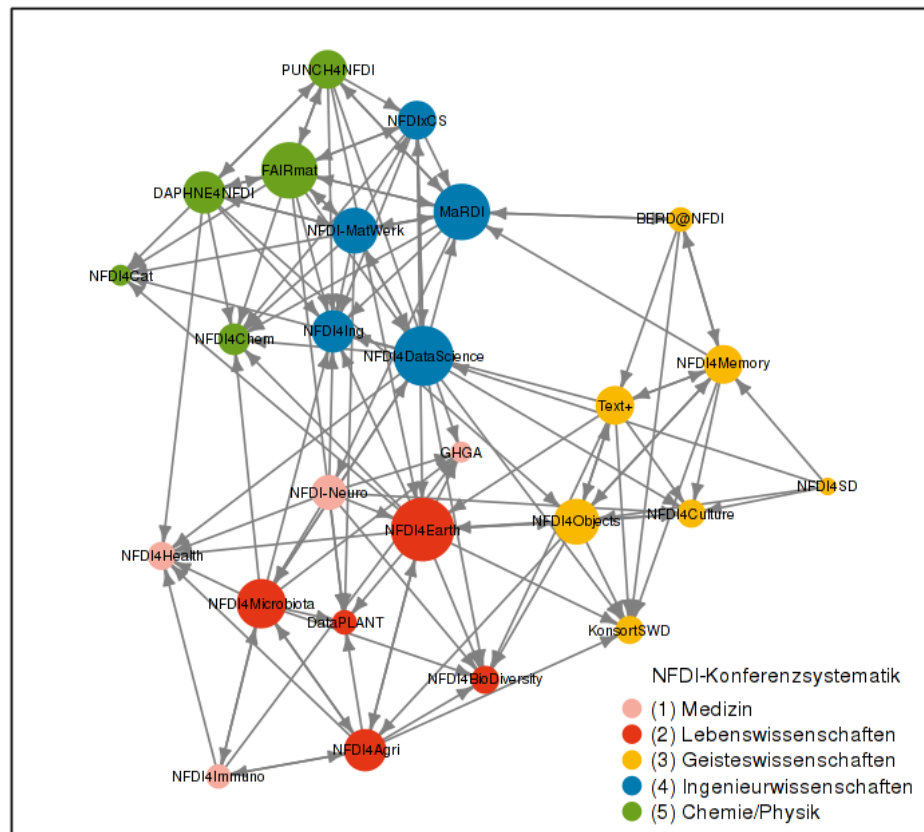


```

    cex      = .75,      # character expansion factor relative to current
    ↪ par("cex").
    pt.cex = 2           # expansion factor(s) for the points
)

```

## NFDI-Netzwerk (<Konferenzsystematik>)



## 2.4 Clustering

Die Einfärbung des Netzwerks mit den Farben der NFDI-Konferenzsystematik lässt die Vermutung zu, dass es bestimmte Gruppen gibt, die eine engere Beziehung zueinander haben (ausgehend von den Kooperationsabsichten in den Letters of Intent).

Wir können in R einen Algorithmus anwenden, der solche Gruppen ermittelt. Dafür wählen wir den Algo-

rithmus cluster\_optimal<sup>14</sup>, der in der Dokumentation folgendermaßen beschrieben ist:

This function calculates the optimal community structure of a graph, by maximizing the modularity measure over all possible partitions.

Die Anwendung ist denkbar einfach: Wir übergeben der Funktion `cluster_optimal` den Graph `NFDI_network_directed` und speisen es in die neue Variable `NFDI_network_directed_cluster` ein.

In unserer Plotfunktion setzen wir diese neue Variable noch vor den bisherigen Datensatz. Wir verzichten jetzt auf die Darstellung der Kanten, was wir mit `edge.color = NA` erreichen.

Die Einfärbung der Knoten erfolgt nicht mehr über den Parameter `vertex.color`, sodass wir diese Zeilen auskommentieren oder löschen können. Dafür gibt es einen neuen Parameter und wir können `col` den Wert `NFDI_color_groups` übergeben.<sup>15</sup>

Die Einfassung der Gruppen möchten wir grau hervorheben, was wir mit `mark.col = "grey"` erreichen, zudem verzichten wir auf die Darstellung des Randes (`mark.border = NA` [Not Available]).

Für die Legende müssen wir nichts anpassen.

```

set.seed(1234)

NFDI_network_directed_cluster <- cluster_optimal(NFDI_network_directed)

plot(NFDI_network_directed_cluster,      #<<<<<<<<<< clustered network data
     NFDI_network_directed,              # loading data frame
     main = "NFDI-Netzwerk (<Konferenzsystematik>)", # adding a title
     frame = TRUE,                        # making a frame
     layout = layout.graphopt,            # better layout options
     #vertex.color = NFDI_color_groups,    #<<<<<<<<<< color of nodes
     vertex.frame.color = NFDI_color_groups, #<<<<<<<<<< color of the frame
     ↪ of nodes
     vertex.label.cex = 0.5,               # size of the description of the labels
     vertex.label.color = "black",          # color of the description
                                           # color: https://www.w3schools.com/
     ↪ colors/colors_picker.asp
     edge.color = NA,                       #<<<<<<<<<<<<<< color of edges
     edge.curved = 0,                       # factor of "curvity"
     vertex.size = degree(NFDI_network_directed,
                           mode = "total"), #<<<<<<<<<<< size of nodes
     ↪ depends on amount of edges
     edge.arrow.size = .5,                  # arrow size, defaults to 1
     col = NFDI_color_groups,               #<<<<<<<<<<<<<< color of nodes
     mark.col = "grey",                    #<<<<<<<<<<<<<< color groups
     mark.border = NA,                     #<<<<<<<<<<<<<< no border color
)

```

<sup>14</sup>[https://igraph.org/r/doc/cluster\\_optimal.html](https://igraph.org/r/doc/cluster_optimal.html)

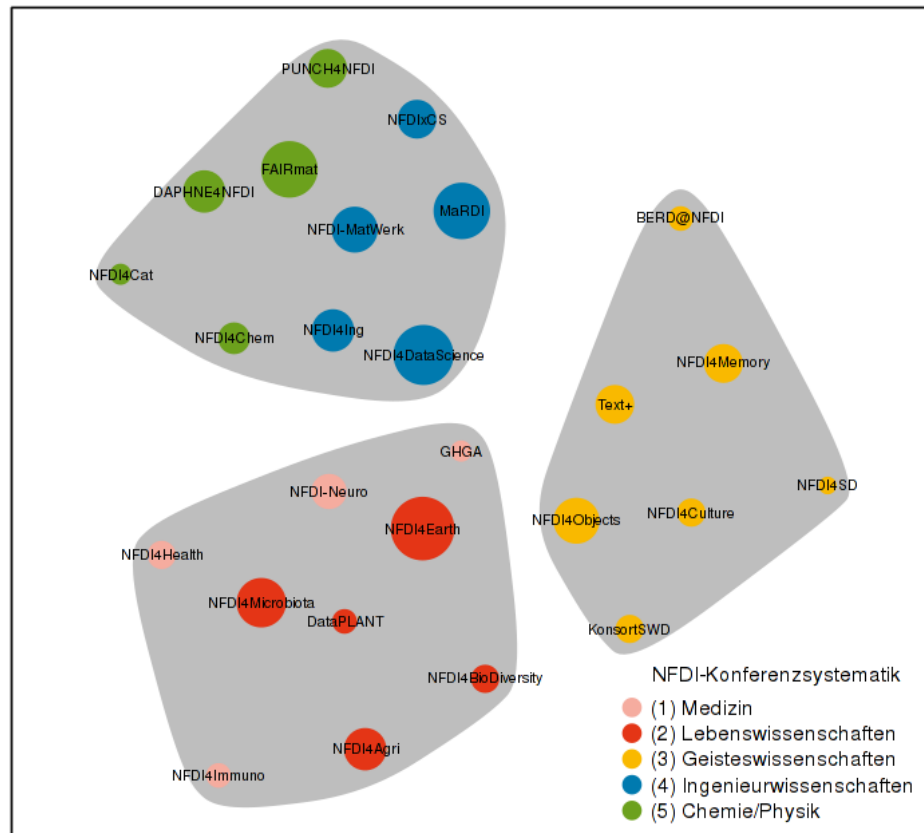
<sup>15</sup><https://igraph.org/r/doc/communities.html>

```

legend("bottomright",  # x-position
      title = "NFDI-Konferenzsystematik", # title
      legend = c(
        "(1) Medizin",
        "(2) Lebenswissenschaften",
        "(3) Geisteswissenschaften",
        "(4) Ingenieurwissenschaften",
        "(5) Chemie/Physik"
      ), # the text of the legend
      col = NFDI_color_code , # colors of lines and points beside the
↳ legend text
      pch = 20,      # the plotting symbols appearing in the legend
      bty = "n",     # no frame, the type of box to be drawn around the
↳ legend (n=no frame)
      cex = .75,     # character expansion factor relative to current
↳ par("cex").
      pt.cex = 2      # expansion factor(s) for the points
)

```

## NFDI-Netzwerk (<Konferenzsystematik>)



Der Algorithmus `cluster_optimal` ermittelt drei Gruppen (oder auch Cluster), die just *exakt* mit den NFDI-Konferenzsystematiken übereinstimmen, sodass folgende Gruppen/Cluster zustande kommen:

Cluster	NFDI-Konferenzsystematik
(1)	1+2 (Medizin und Lebenswissenschaften)
(2)	3 (Geisteswissenschaften)
(3)	4+5 (Ingenieurwissenschaften und Chemie/Physik)

Mit diesem Ergebnis stellt sich die Frage, ob es nun wirklich drei Cluster gibt und der geforderte transdisziplinäre Austausch und Kooperation ausbleibt.<sup>16</sup>

<sup>16</sup><https://www.youtube.com/watch?v=YmuUT8HkXxY&feature=youtu.be&t=904>

Es wäre also wichtig zu sehen, ob Kooperationen über die Cluster-Grenzen hinweg erfolgen bzw. konkret gesagt, welche Konsortien kooperieren mit welchen Konsortien anderer Cluster.

## 2.5 Transdisziplinäre Kooperation

Im letzten Plot dieses Workshops wollen wir die transdisziplinäre Kooperationen hervorheben.

Wir können den vorherigen Plot als ganzes übernehmen. Lediglich beim Parameter `edge.color` müssen wir die Angabe modifizieren. Als Wert setzen wir eine Liste, die aus zwei Einträgen besteht (`c(NA, "#bf4040")`): Der erste Eintrag ist `NA`, womit wir die *cis*-disziplinäre Kanten ansteuern; sie werden also nicht ausgegeben. Der zweite Eintrag ist ein HTML-Farbcode, den wir für die *trans*-disziplinäre Kanten verwenden. Die Unterscheidung zwischen *cis*- und *trans*-disziplinärer Kante wird über die Funktion `crossing` vorgenommen.

crossing returns a logical vector, with one value for each edge, ordered according to the edge ids. The value is TRUE iff the edge connects two different communities, according to the (best) membership vector, as returned by `membership()`.<sup>17</sup>

[illegible]

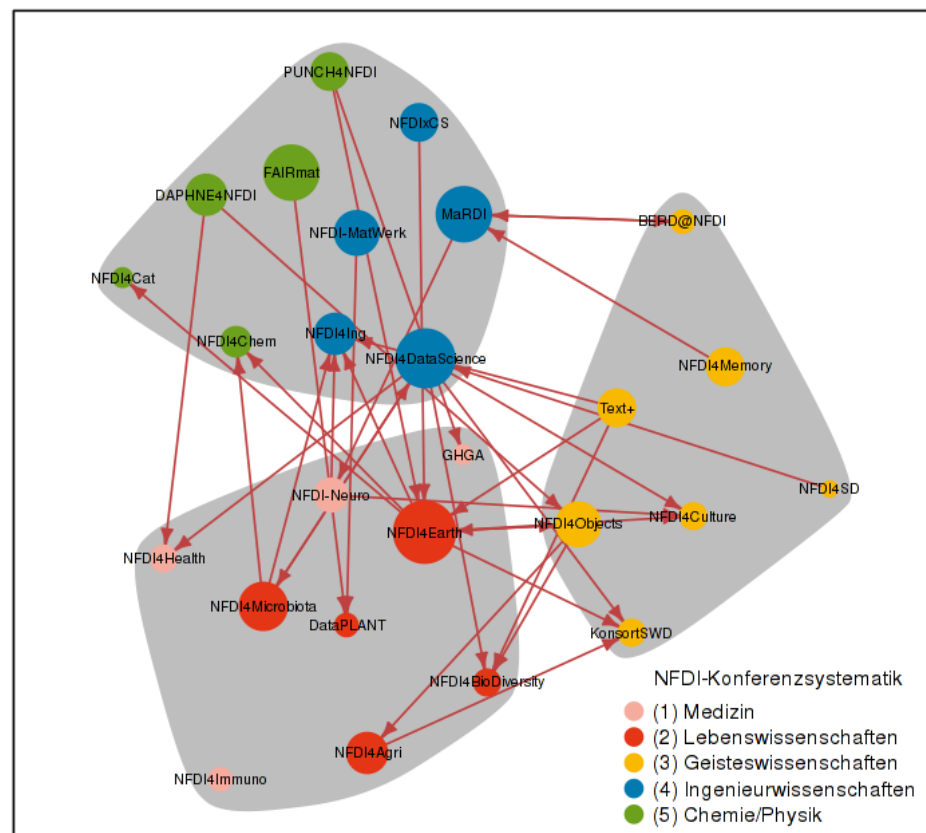
<sup>17</sup><https://igraph.org/r/doc/communities.html>

```

    "(1) Medizin",
    "(2) Lebenswissenschaften",
    "(3) Geisteswissenschaften",
    "(4) Ingenieurwissenschaften",
    "(5) Chemie/Physik"
  ), # the text of the legend
  col = NFDI_color_code , # colors of lines and points beside the
  ↪ legend text
  pch = 20, # the plotting symbols appearing in the legend
  bty = "n", # no frame, the type of box to be drawn around the
  ↪ legend (n=no frame)
  cex = .75, # character expansion factor relative to current
  ↪ par("cex").
  pt.cex = 2 # expansion factor(s) for the points
)

```

## NFDI-Netzwerk (<Konferenzsystematik>)



Es zeigt sich eine rege Interaktion auch zwischen den einzelnen Cluster. Nur ein Konsortium hat keine transdisziplinäre Verbindung.

### 3 Schluss

Wir haben die Netzwerkvisualisierung und -analyse nur anhand des Pakets `igraph` gemacht. Jetzt gilt es noch das Ergebnis zu sichern, bspw. unter *“File”* → *“Save and Checkpoint”*. Ihr könnt ebenso das JupyterNotebook herunterladen, es stehen verschiedene Formate bereit.

Wenn ihr das Netzwerk mit dem RNoteBook erstellt habt, könnt ihr es über die URL jederzeit wieder aufrufen und ihr könnt weitere Modifikationen im Netzwerk vornehmen.

Es gibt noch weitere spannende Beschäftigungen mit diesem Netzwerk. Zum Beispiel kann man auch ein interaktives Netzwerk erstellen oder das Netzwerk als Kreisdiagramm darstellen. Schaut euch dazu die Übersicht auf <https://www.r-graph-gallery.com/network.html> an.