

Kollektive Dynamik

in Ausbreitungs- & Synchronisationsprozessen

Patrick Michl

19. Juli 2010

Vortrag zum Seminar „Complex Networks“ bei Dr. Marcus Oswald,
im SS 2010 an der Ruprecht-Karls-Universität Heidelberg

Abstract

In verschiedenen wissenschaftlichen Disziplinen werden Modelle dynamischer Systeme verwendet, um bei gegebenen Daten bestimmte Entwicklungen oder Trends vorherzusagen. Zunehmend besteht hierbei der Bedarf Netzwerkstrukturen in diesen Modellen zu berücksichtigen. Im ersten Teil wird der Einfluss verschiedener Topologien auf die Epidemiologie-Modelle SIR, SIS und DK untersucht. Im zweiten Teil wird mit Hilfe eines Master-Stability-Function Ansatzes die Synchronisation dynamischer Systeme auf Netzwerke bewertet, um damit gezielt Topologien und Kopplungen zu konstruieren, die das Synchronisationsverhalten begünstigen können.

Inhaltsverzeichnis

I. Ausbreitungsprozesse	3
1. Epidemiologische Ausbreitung	3
1.1. Modellierung	3
1.2. Homogeneous Mixing	5
1.3. Unkorrelierte Netzwerke	6
1.4. Korrelierte Netzwerke	8
2. Ausbreitung von Nachrichten	8
2.1. Modellierung	8
2.2. Homogeneous Mixing	8
II. Synchronisationsprozesse	10
3. Stabilitätsanalyse dynamischer System	10
3.1. Modellierung	10
3.2. Master-Stability-Function	11
3.3. Symmetrisch gekoppelte Systeme	12
3.4. Asymmetrisch gekoppelte Systeme	13
4. Konstruktion von Netzwerken	13
4.1. Grad-abhängige Kopplung	13
4.2. Load-abhängige Kopplung	14
4.3. Asymmetrische Kopplung durch age-ordering	16
4.4. Vergleich bei verschiedenen Topologien	17

Teil I.

Ausbreitungsprozesse

In Folge des häufigen natürlichen Auftretens komplexer Netzwerkstrukturen und der damit verbundenen Grundlage zur Interaktion zwischen den entsprechenden Knoten (z.B. Organisationen, Individuen, Hosts, etc.) ist es erforderlich die technologische, ökonomische und biologische Relevanz innerhalb bestehender Modelle zu überprüfen. Aufgrund der einfachen Modellierbarkeit von Ausbreitungsprozessen bietet es sich an diese als Einstieg solcher Diskurse heranzuziehen. In diesem Kontext bezeichnen Ausbreitungsprozesse (*spreading processes*) also Vorgänge in Netzwerken, bei denen sich von wenigen initialen Knoten (*seeds*) ausgehend bestimmte Zustände ausbreiten bzw. Informationen verteilen. In den folgenden beiden Abschnitten werden die Modelle *SIR* bzw. *SIS* aus der Mathematischen Epidemiologie (Abschnitt 1) sowie das *DK*-Modell aus dem Bereich der Nachrichtenübermittlung (*rumor spreading*, *randomized broadcast*) (Abschnitt 2) auf Netzwerken untersucht.

1. Epidemiologische Ausbreitung

Viele Infektionskrankheiten lassen sich mathematisch hinreichend modellieren, um das qualitative Ausbreitungsverhalten zu bestimmen. Die Parametrisierung dieser Modelle sowie die resultierenden Szenarien ermöglichen es Kalkulationen über die Auswirkung von Gegenmaßnahmen wie Impfprogramme durchzuführen.

1.1. Modellierung

Definition 1. (*komplexe dynamische Systeme*) Ein dynamisches System bezeichnet das Modell eines zeitabhängigen Prozesses, dessen Verlauf nur vom Ausgangszustand, aber nicht vom Anfangszeitpunkt abhängt. Bei komplexen dynamischen Systemen werden den einzelnen Knoten eines Netzwerkes bestimmte Zustände, sowie Regeln der gegenseitigen Beeinflussung der Zustände zugeordnet. Der den Zuständen der einzelnen Knoten zugrunde liegende Raum heißt **Zustandsraum** des Knotens. Die Gesamtheit der Regeln der gegenseitigen Beeinflussung heißt **Dynamik** des Systems.

Entsprechend der Beschaffenheit der Zustandsräume sowie der Zeit unterteilt man in (vollständig) diskrete, zeitdiskrete, wertediskrete und kontinuierliche dynamische Systeme.

Die Modellierung von Ausbreitungsprozessen erfolgt mittels diskreter dynamischer Systeme. Das *SIR*-Modell kennt drei verschiedene Zustände einzelner Knoten: *S* (Susceptible), *I* (Infected) und *R* (Removed). Dabei bedeutet der Zustand *S* keine Infektion, *I* ansteckende Infektion und *R* nichtansteckende Infektion. Die Dynamik ist durch die Nachbarschaft von Knoten mit den Zuständen *I* und *S* (Neuinfektion), sowie einer selbstständigen Zustandsänderung von Knoten mit dem Zustand *S* (Immunisierung) bestimmt: Bei jedem Zeitschritt vollziehen benachbarte Knoten *i* und *j*, sowie beliebige Knoten *k* (mit den entsprechenden Zuständen) mit den Wahrscheinlichkeiten λ und μ folgende Zustandsänderungen:

1. $S(i) + I(j) \xrightarrow{\lambda} I(i) + I(j)$ (Neuinfektion)
2. $I(k) \xrightarrow{\mu} R(k)$ (Immunisierung)

Die betrachteten Größen sind die zeitabhängigen Anteile der Knoten die einen bestimmten Zustand haben: $s(t)$ für *S*, $\rho(t)$ für *I* und $r(t)$ für *R*. Zudem wird der Anteil der infizierten Knoten $i(t)$ für $I + R$ betrachtet. Dieses Modell eignet sich um infektiöse Krankheiten mit hoher Letalität oder hoher Immunisierungsrate zu beschreiben. Sind diese Anteile jedoch sehr gering, so ist die Möglichkeit auf eine erneute Erkrankung nach vorheriger Gesundung gegeben. In diesen Fällen ist es häufig möglich für den Verlauf der Krankheit das *SIS*-Modell heranzuziehen. Dieses kennt nur die zwei Zustände *S* (Susceptible) und *I* (Infected), welche exakt denen des *SIR*-Modells entsprechen. Im Gegensatz zu diesem ändert sich in der Dynamik die Regel der Immunisierung zu einer Regel der Gesundung:

1. $S(i) + I(j) \xrightarrow{\lambda} I(i) + I(j)$ (Neuinfektion)
2. $I(k) \xrightarrow{\mu} S(k)$ (Gesundung)

Im Krankheitsverlauf werden nunmehr nur die beiden Anteile $s(t)$ für *S* sowie $i(t)$ für *I* betrachtet. Von besonderem Interesse in diesen Modellen sind die Grenzwerte für große Populationen und lange Zeitspannen. Insbesondere aber die Frage nach

<i>SIR</i> -Modell: $\sigma_{c,SIR}$	<i>SIS</i> -Modell: $\sigma_{c,SIS}$
$r(\infty) \neq 0$ für $\sigma > \sigma_{c,SIR}$	$t_{max} = \infty$ für $\sigma > \sigma_{c,SIS}$
$r(\infty) = 0$ für $\sigma < \sigma_{c,SIR}$	$t_{max} \neq \infty$ für $\sigma < \sigma_{c,SIS}$

Tabelle 1: Phasenübergänge im *SIR* und im *SIS* Modell

der Wahrscheinlichkeit einer räumlich beschränkten Infektion im *SIR*-Modell sowie einer zeitlich beschränkten Infektion im *SIS*-Modell. Eine räumliche Beschränkung tritt dabei genau dann ein, wenn der Grenzwert $r_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} r(t)$ bei einer sehr großen Population verschwindet $r_\infty = 0$. Eine zeitliche Beschränkung, wenn für einen Zeitpunkt t_{max} mit der Eigenschaft $\lim_{t \rightarrow t_{max}} \rho(t) = 0$ gilt: Bei sehr großen Beobachtungszeiträumen t verschwindet t_{max} . Zur Bestimmung von r_∞ und t_{max} reicht es jeweils das Verhältnis $\sigma = \frac{\lambda}{\mu}$ zu betrachten. Bei einer unendlichen Population (bzw. einer unendlichen Beobachtungszeitdauer) lassen sich die Wahrscheinlichkeiten für $r_\infty = 0$ bzw. für $t_{max} < \infty$ in Abhängigkeit von σ bestimmen. Der minimale Wert für σ in denen die Wahrscheinlichkeit eine räumlich (bzw. zeitlich) unbeschränkten Infektion verschwindet, heißt Phasenübergang. (Tabelle 1) Trotz der unterschiedlichen Modellierung und Interpretation zeigt sich bei gleichen Netzwerk, das gilt: $\sigma_{c,SIR} = \sigma_{c,SIS}$. Um die Auswirkungen von Netzwerkstrukturen auf die Phasenübergänge zu beurteilen reicht es daher nur ein Modell heranzuziehen. In den folgenden Abschnitten wird dies das *SIR*-Modell sein.

1.2. Homogeneous Mixing

Bei der Annahme einer stets homogenen Vermischung der Population werden bei jedem Zeitschritt zu einem erkrankten Individuum, also einem Knoten mit dem Zustand *I* jeweils k zufällige (nicht notwendigerweise benachbarte) gesunde Kontakte, also Knoten mit dem Zustand *S* ausgewählt. Diese sehr starke Annahme wird vorwiegend zugunsten eines analytischen Ansatzes gewählt. In differentieller Form lautet dieser:

$$\frac{ds(t)}{dt} = -\lambda k \rho(t) s(t) \quad (1.1)$$

$$\frac{dr(t)}{dt} = \mu \rho(t) \quad (1.2)$$

$$\frac{d\rho(t)}{dt} = \lambda k \rho(t) s(t) - \mu \rho(t) \quad (1.3)$$

Zur Lösung verwenden wir die Anfangsbedingungen: $s(0) \approx 1$ und $i(0) \approx 0$ ($\rho(0) \approx 0$, $r(0) = 0$). Durch Teilen der Gleichung 1.1 durch 1.2, sowie anschließende Integration mit den Anfangsbedingungen erhalten wir:

$$s(t) = e^{-\lambda k r(t)}$$

Mit der Normierungsbedingung $s(\infty) + \rho(\infty) + r_\infty = 1$, sowie dem Grenzwert $\rho(\infty) = 0$ (bei konstanter Population) folgt schließlich die implizite Gleichung:

$$r_\infty = 1 - e^{-\sigma k r_\infty}$$

Diese Gleichung hat offensichtlich immer die triviale Lösung $r_\infty = 0$. Eine Nicht-triviale Lösung erhalten wir nach dem *Satz der impliziten Funktion* genau dann, wenn gilt:

$$\frac{d}{dr_\infty} (e^{-\sigma k r_\infty} + r_\infty - 1) > 0$$

Dies ist aber äquivalent zu der Bedingung: $\sigma > \frac{1}{k}$ und somit folgt: $\sigma_c = \frac{1}{k}$. Für Parameter λ und μ mit $\frac{\lambda}{\mu} < \frac{1}{k}$ tritt unter der Annahme der Homogeneous-Mixing-Hypothesis also stets eine räumliche (zeitliche) Beschränkung des Krankheitsverlaufes ein. Der ermittelte Wert ist eng mit der sogenannten Reproduktionsrate R_0 verwandt, welche angibt wie viele gesunde Personen eine kranke Person infiziert. Dabei gilt $R_0 = \frac{\lambda}{\mu} k = \sigma k$. Der Erwartung entsprechend ist bei der Annahme einer homogenen Vermischung der Population R_0 genau dann 1, wenn σ gleich σ_c ist.

1.3. Unkorrelierte Netzwerke

Einen strukturierteren Ansatz zur Modellierung von Epidemien ermöglicht die Einbeziehung von statistischen Kontaktinformationen in Form eines Wahrscheinlichkeitsmaßes für die Anzahl der Kanten eines beliebigen Knotens v : $p(k) = P[\text{Grad}(v) = k]$. Bei *unkorrelierten Netzwerken* gilt dabei für zwei benachbarte Knoten v und v' : $p(k|k') := P[\text{Grad}(v) = k | \text{Grad}(v') = k'] = P[\text{Grad}(v) = k]P[\text{Grad}(v') = k'] = p(k)p(k')$. Unkorrelierte Netzwerke tragen somit keine Informationen über Wege.

Der differentielle Ansatz zur Bestimmung der Anteile $s(t)$, $\rho(t)$ und $r(t)$ ändert sich gegenüber der Annahme einer homogenen Vermischung (1.2) wie folgt:

$$\frac{ds_k(t)}{dt} = -\lambda k s_k(t) \Theta(t) \quad (1.4)$$

$$\frac{dr_k(t)}{dt} = \mu \rho_k(t) \quad (1.5)$$

$$\frac{d\rho_k(t)}{dt} = \lambda k s_k(t) \Theta(t) - \mu \rho_k(t) \quad (1.6)$$

Dabei ist $\Theta(t)$ die Wahrscheinlichkeit, eines Kontaktes zu einer infizierten Person:

$$\Theta(t) = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_k k P[k] \rho_k(t) \quad (1.7)$$

Zu den Gleichungen 1.4, 1.5 und 1.6 gilt stets die Normierungsbedingung: $s_k(t) + \rho_k(t) + r_k(t) = 1$. Daraus folgt: $r(t) = \sum_k P[k] r_k(t)$. Zur Lösung verwenden wir folgende Anfangsbedingungen: $\rho_k(0) \approx 0$, $s_k(0) \approx 1$ und $r_k(0) = 0$, $\forall k$. Durch Integration der Gleichung 1.6 mit den Anfangsbedingungen erhalten wir:

$$s_k(t) = e^{-\lambda k \phi(t)}$$

wobei gilt: $\phi(t) = \int_0^t \Theta(t') dt' \stackrel{1.5}{=} \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_k k P[k] r_k(t)$. Analog zur Lösung bei homogener Vermischung ergibt sich die Bedingung:

$$\frac{1}{\langle k \rangle} \sum_k k P[k] (\sigma k) > 1$$

Der linke Teil der Gleichung ist aber identisch mit $\sigma \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle}$. Damit folgt:

$$\sigma_c = \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle}$$

Der ermittelte Wert entspricht der Erwartung, da: Eine höhere Konnektivität $\langle k \rangle$ die Ausbreitung fördert und eine höhere Fluktuation $\langle k^2 \rangle$ die Ausbreitung hemmt.

1.4. Korrelierte Netzwerke

In korrelierten Netzwerken ist die bedingte Wahrscheinlichkeit $p(k|k')$ im Allgemeinen nicht das Produkt ihrer Einzelwahrscheinlichkeit. Zur Modellierung wird daher eine Korrelationsmatrix C mit den Einträgen $C_{i,j} = ip(j|i)$ verwendet. Dabei kann gezeigt werden, dass für den maximalen Eigenwert Λ_{\max} von C gilt:

$$\sigma_c = \frac{1}{\Lambda_{\max}}$$

σ_c ist also der minimale Wert so dass ein Eigenwert Λ existiert mit $\Lambda\sigma_c = 1$ und damit $r(t)$ auf diesem Eigenraum nicht verschwindet.

2. Ausbreitung von Nachrichten

2.1. Modellierung

Das DK -Modell (nach Daley und Kendal) ordnet die Knoten eines Netzwerkes wiederum drei Zuständen zu: I Uninformierte, S (Spreader) und R (Stiffler). Die Dynamik ähnelt dabei dem SIR-Modell, jedoch mit einem wesentlichen Unterschied: Informations-Verbreiter werden nie inaktiv ohne äußeres Zutun:

1. $I(i) + S(j) \xrightarrow{\lambda} S(i) + S(j)$ (Information)
2. $S(i) + S(j) \xrightarrow{\alpha} R(i) + S(j)$ (Annihilation)
3. $R(i) + R(j) \xrightarrow{\alpha} R(i) + R(j)$ (Annihilation)

Die betrachteten Größen sind wieder die Anteile der Klassen an der Gesamt-Population: $i(t)$, $s(t)$ und $r(t)$

2.2. Homogeneous Mixing

$$\frac{di(t)}{dt} = -\lambda k i(t) s(t) \quad (2.1)$$

$$\frac{dr(t)}{dt} = \alpha k s(t) (s(t) + r(t)) \quad (2.2)$$

$$\frac{ds(t)}{dt} = \lambda k i(t) s(t) - \alpha k s(t) (s(t) + r(t)) \quad (2.3)$$

Zur Lösung verwenden wir bei der einer Populationsgröße N folgende Anfangsbedingungen: $i(0) = \frac{(N-1)}{N}$, $s(0) = \frac{(1)}{N}$ und $r(0) = 0$, sowie die Normierungsbedingung: $i(t) + s(t) + r(t) = 1$. Analog zum SIR-Modell erhalten wir die Gleichung:

$$r_{\infty} = 1 - e^{-\beta r_{\infty}}$$

Dabei ist $\beta = 1 + \frac{\lambda}{\alpha}$. Mittels dem Satz der impliziten Funktion ergibt sich wieder eine Bedingung für die Auflösbarkeit nach r_{∞} : $\frac{\lambda}{\alpha} > 0$. Würde man die Ergebnisse auf ein Epidemie-Modell übertragen würde dies bedeuten dass für $\sigma = \frac{\lambda}{\alpha}$ folgte $\sigma_c = 0$! Somit wäre ein räumlich oder zeitlich unbeschränkter Ausbruch der Epidemie in allen Fällen möglich. Dieses Beispiel zeigt insbesondere, wie scheinbar ähnliche Regeln der Dynamik ein völlig unterschiedliches Verhalten des Ausbreitungprozesses verursachen können.

Teil II.

Synchronisationsprozesse

Allgemein bezeichnet Synchronisation in einem komplexen dynamischen System das zeitliche Aufeinander-Abstimmen der Zustände der einzelnen Knoten. Erstmalige Untersuchungen wurden anhand von gekoppelten Oszillatoren durchgeführt. Aus diesem Kontext werden in kontinuierlichen dynamischen Systemen die Funktionen zur Beschreibung der Zustände einzelner Knoten auch als Bewegungsgleichungen sowie die zugehörigen Zustandsräume als Phasenräume interpretiert.

3. Stabilitätsanalyse dynamischer System

3.1. Modellierung

Das komplexe dynamische System bestehe aus N Knoten. Jedem Knoten wird ein m -dimensionaler Phasenraum und eine Bewegungsgleichung zugeordnet, welche ohne Berücksichtigung der Kopplung folgende Form besitzt:

$$\dot{x}_i = F(x_i)$$

Dabei bezeichnet $F(x_i)$ die für alle Knoten identische *Entwicklungsfunktion*. Mit Berücksichtigung der Kopplung ändern sich die Bewegungsgleichungen zu:

$$\dot{x}_i = F(x_i) + \sigma \sum_{j=1}^N C_{ij} H(x_j) \quad (3.1)$$

Dabei ist:

- σ die *Kopplungsstärke*
- $H(x_i)$ eine für alle Knoten identische *Kopplungsfunktion* (Eigenschaft des Phasenraumes)
- C die *Kopplungsmatrix* (Eigenschaft des Netzwerkes)

Dabei wird gefordert:

- Keine negative Selbstkopplung:

$$C_{ii} > 0, \forall i \in \{1, \dots, N\} \quad (3.2)$$

- Geschlossenheit des Systems:

$$\sum_{j=1}^N C_{ij} = 0, \forall i \in \{1, \dots, N\} \quad (3.3)$$

3.2. Master-Stability-Function

Um mit diesem Modell verschiedene Topologien zu testen wird ein adäquates Mittel benötigt, um die Synchronisationsfähigkeit bewerten zu können. Dieses ist die Master-Stability-Function.

Zunächst soll die Existenz einer Synchronen Lösung x_s , also $x_1 = x_2 = \dots = x_s$ gewährleistet werden. Diese folgt aber unmittelbar aus der Gleichheit der Knoten (F und H sind unabhängig von den Knoten), sowie die Geschlossenheit des Systems (Gleichung 3.3). x_s bildet eine m -dimensionale Hyperebene, die Menge der x_s die sogenannte Synchronisations-Mannigfaltigkeit \mathcal{S} . Diese korrespondiert zum Eigenraum des Eigenwertes 0 der Kopplungsmatrix \mathcal{C} .

Um die Neigung eines Systems zur Synchronisation zu bestimmen reicht es also die Dynamik der zu den anderen Eigenräumen korrespondierenden Unterräume der Phasenräume zu untersuchen. Diese Dynamik wird mit Hilfe von *Lyapunov Exponenten* beschrieben. Lyapunov Exponenten können als die mittlere Geschwindigkeit, mit der sich zwei infinitesimal nahe beieinander liegende Trajektorien im Zustandsraum bezüglich einer bestimmten Dimension voneinander entfernen (oder annähern) angesehen werden. Dabei bedeutet eine Entfernung stets Divergenz und eine Annäherung Konvergenz.

Für jeden Knoten i lassen sich nun die m Lyapunov Exponenten $\Lambda_i^k, k \in \{1, \dots, m\}$ bezüglich $x_i - x_s$ betrachten. Im Falle, dass alle $\Lambda_i^k, k \in \{1, \dots, m\}$ von allen Knoten i kleiner als 0 sind, werden die x_i der einzelnen Knoten gegen x_s konvergieren. Dies ist abhängig vom entsprechenden Eigenwert, der Kopplungsstärke und den

Funktionen F und H . Bei für alle Knoten identischen Funktionen F und H reicht es nun in Abhängigkeit von $\nu = \sigma\lambda$ den größten Lypunov Exponent $\Lambda = \max\{\Lambda_i^k\}$ zu betrachten, da dieser den Übergang zwischen Synchronisation und chaotischem Verhalten vollständig bestimmt. Die Funktion $\Lambda(\nu)$ heißt Master-Stability-Function.

3.3. Symmetrisch gekoppelte Systeme

Sei \mathcal{C} symmetrisch.

\Rightarrow Alle Eigenwerte sind reell. Wegen Gleichungen 3.2 und 3.3 folgt, \mathcal{C} ist positiv semidefinit. \Rightarrow Alle Eigenwerte ungleich λ_1 sind größer als 0.

Seien die Eigenwerte Λ_2 bis Λ_N OBdA nach Größe aufsteigend sortiert. So ergeben sich drei typische Kurven für die Master-Stability-Function (Abbildung 3.3).

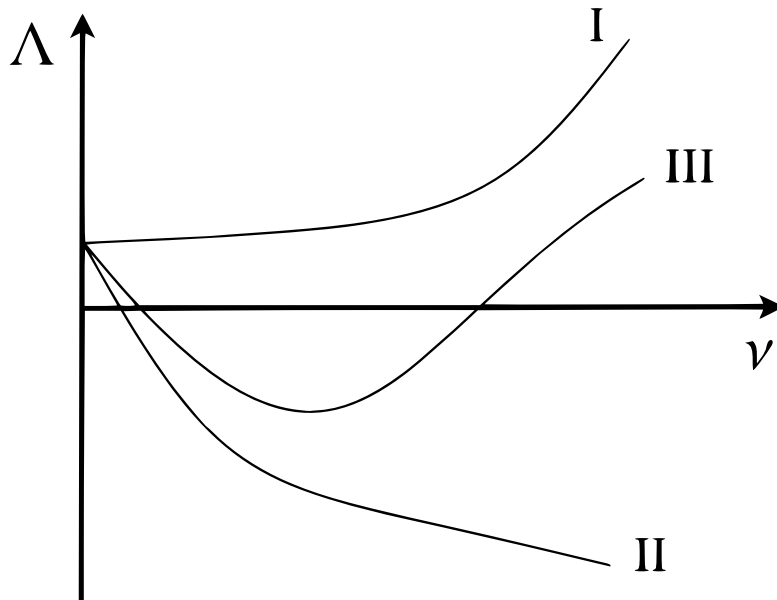


Abbildung 1: Master-Stability-Functions auf symmetrischen Kopplungsmatrizen

- **Typ I:** Eine Synchronisation ist nicht möglich
- **Typ II:** Synchronisation ist stabil, wenn σ so gewählt wird, dass gilt: $\sigma\lambda_2 > \nu_{\min}$

- **Typ III:** Synchronisation ist stabil, wenn σ so gewählt wird, dass gilt:
 $\sigma \lambda_2 > \nu_{\min}$ und $\sigma \lambda_N < \nu_{\max}$

Beim Typ III ist Synchronisation genau dann möglich, wenn gilt: $\frac{\lambda_N}{\lambda_2} < \frac{\nu_{\max}}{\nu_{\min}} \cdot \frac{\lambda_N}{\lambda_2}$ beschreibt somit die Synchronisationsfähigkeit eines Netzwerkes mit symmetrischer Kopplungsmatrix.

3.4. Asymmetrisch gekoppelte Systeme

Sei \mathcal{C} asymmetrisch.

\Rightarrow Die Eigenwerte müssen nicht reell sein. Das Synchronisations-Intervall der Master-Stability-Function wird in der komplexen Ebene zu einem um die ν -Achse symmetrischen Gebiet. \Rightarrow Die Synchronisationsfähigkeit eines Netzwerkes mit asymmetrischer Kopplungsmatrix wird daher zusammen von $\frac{\Re(\lambda_N)}{\Re(\lambda_2)}$ und $\max\{\Im(\lambda_i)\}$ beschrieben.

4. Konstruktion von Netzwerken

Im Folgenden wollen wir Netzwerke mit guter Synchronisationsfähigkeit konstruieren. Hierfür werden spezielle Kopplungsmatrizen unter der Verwendung von Tuningparametern untersucht.

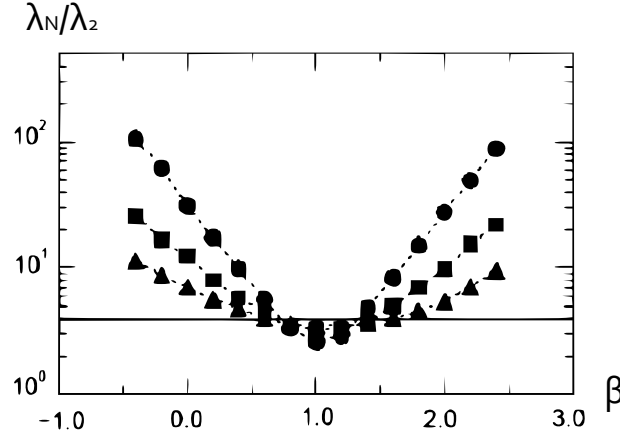
4.1. Grad-abhängige Kopplung

Bei dieser Konstruktion wird eine Grad-abhängige Kopplung der einzelnen Knoten verwendet, um eine gute Synchronisationsfähigkeit zu erreichen.

$$\dot{x}_i = F(x_i) - \sigma \sum_{j=1}^N \frac{\Lambda_{ij}}{k_i^\beta} H(x_j) \quad (4.1)$$

Dabei ist:

- Λ die Laplace Matrix
- β der Tuningparameter



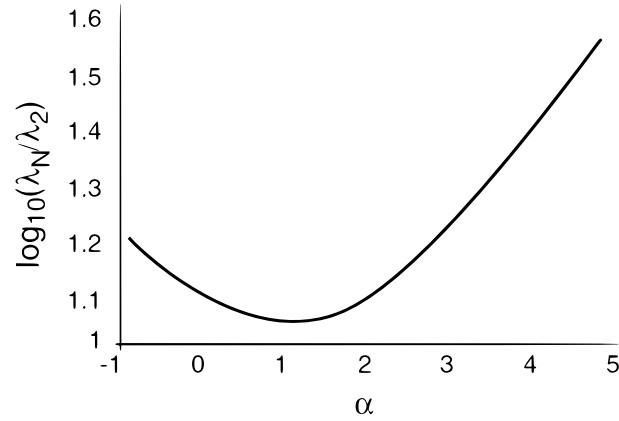
Die Berechnung der Eigenwerte ergibt bei verschiedenen skalen freien Netzwerken eine optimale Synchronisationsfähigkeit für $\beta = 1$. Dies entspricht der Intuition, da in diesem Falle jeder Knoten gleich stark mit seiner Umgebung gekoppelt ist.

4.2. Load-abhängige Kopplung

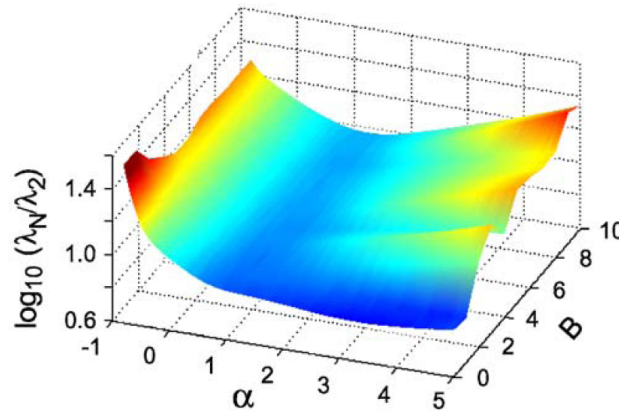
Eine weitere Verbesserung der Synchronisationsfähigkeit wollen wir nun dadurch erreichen, dass wir in die Gewichtung globale Information des Netzwerkes aufnehmen. Hierfür verwenden wir zur Gewichtung einer Kopplung zweier Knoten i und j die Load l_{ij} der dazwischen liegenden Kante e_{ij} . Die Load l_{ij} einer Kante e_{ij} ist der Anteil der kürzesten Pfade, die e_{ij} enthalten. Sie kann somit als betweenness-Wert einer Kante aufgefasst werden.

$$\dot{x}_i = F(x_i) - \frac{\sigma}{\sum_{j \in \mathcal{N}_i} l_{ij}^\alpha} \sum_{j \in \mathcal{N}_i} l_{ij}^\alpha [H(x_j) - H(x_i)] \quad (4.2)$$

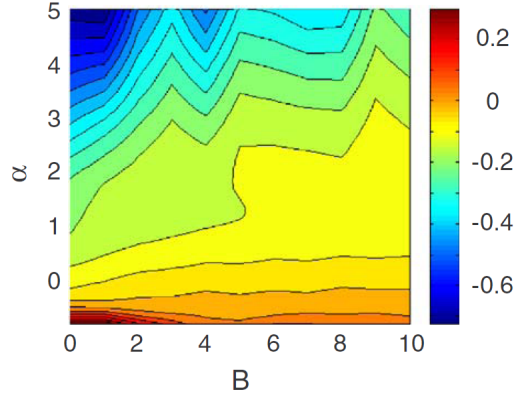
- Dabei ist α der Tuningparameter. Für $\alpha = 0$ ist die Load-Kopplung identisch mit der Grad-Kopplung für $\beta = 1$
- Der Vergleich zu Gleichung (3.1) zeigt, dass in diesem Falle die Kopplungsmatrix \mathcal{C} nicht mehr symmetrisch ist. Mittels einer Cholesky-Zerlegung kann jedoch gezeigt werden, dass die Eigenwerte reell und positiv (bis auf λ_1) sind.



Die Berechnung der Eigenwerte ergibt bei verschiedenen Zufallsgraphen eine optimale Synchronisationsfähigkeit für $\alpha = 1$. Dabei ist die Synchronisationsfähigkeit für $\alpha = 1$ stets besser als bei der Grad-Kopplung.



Bei skalenfreien Netzwerken ergibt sich ein differenzierteres Bild. Der zusätzliche Wert B entspringt der Konstruktion nach dem (DMS-Modell) und parametrisiert bei festem m die Gradverteilung: $p(k) \sim \frac{1}{k^{3+B/m}}$



Durch gleiche Konstruktionsparameter m lassen sich Zufallsgraphen und skalenfreien Netzwerke hinsichtlich ihrer Synchronisationsfähigkeit vergleichen. Die Farben zeigen die Differenzen der Eigenverhältnisse. Dabei bedeuten negative Werte eine bessere Synchronisationsfähigkeit skalenfreier Netzwerke.

4.3. Asymmetrische Kopplung durch age-ordering

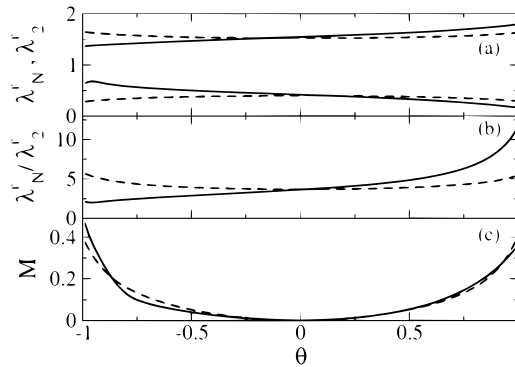
Schließlich wollen wir die Beschränkung auf symmetrische Kopplung fallen lassen und richtungsabhängige Kopplungen zulassen. Als Modell verwenden wir hierfür ein *age-ordering*.

$$\dot{x}_i = F(x_i) - \sigma \sum_{j=1}^N \Lambda_{ij} \frac{\Theta_{ij}}{\sum_{k \in \mathcal{N}_i} \Theta_{ik}} H(x_j) \quad (4.3)$$

$$\Theta_{ij} = \begin{cases} (1 - \Theta)/2, & i > j \\ (1 + \Theta)/2, & i < j \end{cases}$$

Dabei ist:

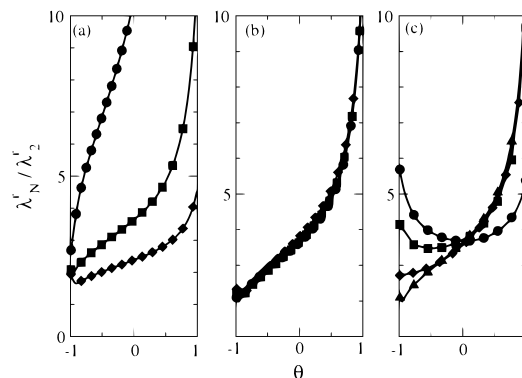
- Λ die Laplace Matrix
- Θ der Tuningparameter. Für $\Theta = 0$ ist das Age-ordering identisch mit der Grad-Kopplung für $\beta = 1$



Die gestrichelte Linie entspricht einem Zufallsgraphen, die durchgezogene einem skalenfreien Netzwerk. Beim Zufallsgraphen zerstört das Age-ordering die Synchronisationsfähigkeit, beim skalenfreien Netzwerk fördert eine dominante Kopplung von älteren zu jüngeren Knoten die Synchronisationsfähigkeit. Dieses Verhalten kann intuitiv nachvollzogen werden:

- Bei Skalenfreien Netzwerken haben ältere Knoten einen höheren Grad als jüngere
- Betrachtet man als Beispiel nun den Hub-Knoten einer Sterntopologie, dann wird sich dieser immer chaotisch verhalten, wenn er gleichzeitig viele starke Impulse von den Knoten bekommt
- Wenn jedoch die Kopplung von dem Hub-Knoten zu den anderen dominiert, so werden sich diese ihm anpassen

4.4. Vergleich bei verschiedenen Topologien



- (a) Skalenfreie Netzwerke unter Variation von m
- (b) Skalenfreie Netzwerke unter Variation von B
- (c) (Kreise) Zufallsgraph, (Quadrate) Zufallsgraph mit Age-ordering nach Gradanzahl, (Karus) Skalenfrei getrennt in zwei Teilnetze, (Dreiecke) Skalenfrei