

# Εργασία Θεωρίας Δικτύων

Φίλιππος Ρωσσίδης  
(AEM 10379)

10 Ιανουαρίου 2025

## 1 Εισαγωγή

Στην εργασία αυτή εξετάζουμε την αναγνώριση κοινοτήτων. Συγκεκριμένα θα υλοποιούμε την distance quality function θα ελέγξουμε κατά πόσο αυτή είναι καλή επιλογή.

Οι συναρτήσεις αυτές (quality functions) δέχονται ως όρισμα έναν γράφο και μια κατανομή κοινοτήτων και επιστρέφουν μία τιμή. Σκοπός μας είναι να επιστρέφουν υψηλές τιμές για κατανομές που παρουσιάζουν ισχυρή κοινοτική συμπεριφορά, ώστε να μπορούμε μεγιστοποιώντας αυτή τη συνάρτηση να ανιχνεύσουμε τις κοινότητες.

Θα υλοποιηθεί η συνάρτηση με έναν βέλτιστο ως προς τη ταχύτητα τρόπο, όπως και δύο αλγόριθμοι μεγιστοποίησής της. Θα υλοποιηθούν και κάποια benchmarks ώστε να ποσοτικοποιηθεί η απόδοσή της και θα συγκριθεί με την εδραιωμένη μετρηχότητα modularity.

## 2 Η συνάρτηση distance quality

### 2.1 Μαθηματικός Ορισμός

Η συνάρτηση δέχεται σαν όρισμα έναν γράφο και κάποια κατανομή κοινοτήτων.

Ορίζουμε:

$$D_V(i, j) = \min\{k : A_G^k(i, j) \neq 0\}$$

τον πίνακα που περιέχει τις αποστάσεις μεταξύ κάθε δύο κόμβων του γράφου  $i, j$ , όπου  $A_G^k(i, j)$  ο πίνακας γειτνίασης του γράφου  $G$ . υψομένος στην  $k$  δύναμη.

Ορίζουμε επίσης:

$$D_V(c) = \sum_{i, j \in c} D_V(i, j)$$

Αυτό αποτελεί μέτρο του πόσο στενά συνδεδεμένες είναι μεταξύ τους οι κοινότητες. Επιθυμούμε να το συγκρίνουμε με την αναμενόμενη τιμή για τυχαίο γράφο.

Για να ορίσουμε τον τυχαίο γράφο επιλέγουμε το γενικευμένο μοντέλο, όπου συνδέουμε τυχαία ακμές μεταξύ κόμβων, διατηρώντας όμως τον βαθμό τους.

Αν  $d_k(v)$  είναι ο  $k$  βαθμός του κόμβου  $v$ , δηλαδή το πλήθος των ελάχιστων μονοματιών μήκους  $k$  που ξεκινάν από τον  $v$  και  $m_k(G) = \frac{1}{2} \sum_{v \in V(G)} d_k(v)$  το πλήθος ελάχιστων μονοπατιών μήκους  $k$  στον γράφο  $G$ , τότε η πιθανότητα δύο κόμβοι  $i, j \in G$  να συνδέονται με ακμή μήκους  $k$  είναι:

$$Pr[i, j, k] = \frac{d_k(i)}{2m_k(G)} \frac{d_k(j)}{2m_k(G)}$$

η αναμενόμενη απόσταση των κόμβων:

$$\overline{D_V(i, j)} = \sum_{k=1}^{diam(G)} kPr[i, j, k]$$

όπου  $diam(G)$  η διάμετρος του γράφου (μέγιστο ελάχιστο μονοπάτι).

Αν ορίσουμε

$$\overline{D_V(c)} = \frac{1}{2} \sum_{i, j \in c} \overline{D_V(i, j)}$$

το άθροισμα των αναμενόμενων αποστάσεων των κόμβων στην κοινότητα  $C$ , τότε η συνάρτηση:

$$Q_d(G, C) = \sum_{c \in C} (\overline{D_V(c)} - D_V(c))$$

δηλώνει την επιθυμητή σύγκριση του μέτρου στενής σύνδεσης των κοινοτήτων  $C$  ως προς του τυχαίου γράφου.

Περιμένουμε οι τιμές της  $Q_d$  να είναι υψηλές για ισχυρές δομές κοινοτήτων.

Στην υλοποίηση μου διάλεξα επίσης να τροποποιήσω την συνάρτηση ως εξής:

$$D_V(c) = \sum_{i, j \in c} D_V(i, j)$$

$$\overline{D_V(c)} = \sum_{i, j \in c} \overline{D_V(i, j)}$$

$$Q_d(G, C) = \sum_{c \in C} [(1 - \gamma)\overline{D_V(c)} - \gamma D_V(c)], \quad \gamma \in (0, 1)$$

ώστε για  $\gamma = 0.5$  να ισοδυναμεί με τον προηγούμενο ορισμό, αλλά να έχω δυνατότητα να επιλέξω ποιός όρος θα επηρεάσει περισσότερο.

## 2.2 Υλοποίηση

Χρησιμοποιήθηκε δυναμική προσέγγιση, δηλαδή οι τιμές του αλγορίθμου που χρησιμοποιούνται συχνά ( $D_V(i, j)$ ,  $d_k(i)$ ,  $m_G(k)$ ,  $Pr[i, j, k]$ ,  $\overline{D_V(i, j)}$ , ..) υπολογίζονται μία φορά στην αρχή και αποθηκεύονται ώστε να καλούνται σε σταθερό χρόνο στην πορεία. Έτσι γλυτώνουμε τις άσκοπες επαναλύσεις. Ειδικότερα στην περίπτωση του συγκεκριμένου αλγορίθμου, αφού η συνάρτηση ποιότητας θα υπολογιστεί χιλιάδες φορές για διαφορετικές επιλογές κοινοτήτων στην διαδικασία μεγιστοποίησής της, και εφόσον οι μακράν πιο αργές διαδικασίες (όπως θα περιγραφτεί παρακάτω) είναι αυτές των προαναφερθέντων ποσοτήτων, η διαφορά στο χρόνο εκτέλεσης είναι ραγδαία.

Όπου είναι δυνατό χρησιμοποιούνται συναρτήσεις της βιβλιοθήκης *networkx* μιας και είναι βελτιστοποιημένες και θα συμβάλουν στην ταχύτητα του κώδικα.

Στην πρώτη φάση του αλγορίθμου υπολογίζονται οι παρακάτω ποσότητες και αποθηκεύονται για μελλοντική χρήση:

- **διάμετρος του γράφου**

Χρησιμοποιείται η συνάρτηση της βιβλιοθήκης *networkx* : *diameter(G)*.

- **$D_V(i, j)$**

Χρησιμοποιείται η συνάρτηση της βιβλιοθήκης *networkx* : *all\_pairs\_shortest\_path\_length(G)*, η οποία επιστρέφει απευθείας το ζητούμενο, την απόσταση κάθε δύο κόμβων του γράφου μεταξύ τους. Τα στοιχεία αποθηκεύονται σε ένα *python dict*.

- $d_k(i)$  και  $m_G(k)$

Χρησιμοποιείται η συνάρτηση της βιβλιοθήκης *networkx* :

*single\_source\_shortest\_path\_length(G, source)*, η οποία υπολογίζει για κάποιον κόμβο *source* όλα τα ελάχιστα μονοπάτια που τον έχουν σαν άκρο. Αν υπολογιστούν αυτά τα μονοπάτια για κάθε κόμβο ως *source* τότε θα έχουμε υπολογίσει όλα τα ελάχιστα μονοπάτια του γράφου δύο φορές (μία για  $i \rightsquigarrow j$  και μια για  $j \rightsquigarrow i$ ).

Τρέχουμε την παραπάνω συνάρτηση για κάθε κόμβο του γράφου (*source*). Στο *dict* που αυτή επιστρέφει, περιέχονται για κάθε άλλο κόμβο (*target*) μια λίστα με μήκη από όλα τα μονοπάτια που τους ενώνουν ( $source \rightsquigarrow target$ ). Έτσι για κάθε μονοπάτι που βρίσκουμε στη λίστα, έχουμε το μήκος του  $k$ , αυξάνουμε κατά 1 τον βαθμό  $d_k(source)$  και κατά 0.5 τη τιμή  $m_G(k)$ . Χρησιμοποιούμε 0.5 διότι  $m_k(G) = \frac{1}{2} \sum_{v \in V(G)} d_k(v)$  (μετράμε κάθε μονοπάτι 2 φορές).

- $Pr[i, j, k]$  και  $\overline{D_V(i, j)}$

Υπολογίζονται απλά με τους τύπους:

$$Pr[i, j, k] = \frac{d_k(i)}{2m_k(G)} \frac{d_k(j)}{2m_k(G)}$$

$$\overline{D_V(i, j)} = \sum_{k=1}^{diam(G)} k Pr[i, j, k]$$

και αποθηκεύονται.

Συγκεκριμένα οι πίνακες αυτοί είναι συμμετρικοί (αφού  $\frac{d_k(i)}{2m_k(G)} \frac{d_k(j)}{2m_k(G)} = \frac{d_k(j)}{2m_k(G)} \frac{d_k(i)}{2m_k(G)}$ ) οπότε οι τιμές αυτές υπολογίζονται μία φορά για κάθε ζευγάρι  $i, j$  και προστίθενται στο τέλος μία φορά για  $i = j$  και δύο για  $i \neq j$ .

Προσοχή χρειάζεται το γεγονός ότι οι παραπάνω διαδικασίες δε μπορούν να λειτουργήσουν για μη συνδεδεμένους γράφους. Έτσι υιοθετούμε τη σύμβαση ότι δύο μη συνδεδεμένες συνεκτικές συνιστώσες δεν μπορούν να βρίσκονται στην ίδια κοινότητα. Όποτε διαχωρίζουμε τον γράφο στις συνεκτικές του συνιστώσες και τρέχουμε τα παραπάνω για κάθε μία ξεχωριστά. Αυτή η προσέγγιση διατηρεί την πολυπλοκότητα ίδια (αφού οι συνεκτικές συνιστώσες διαμερίζουν τον γράφο).

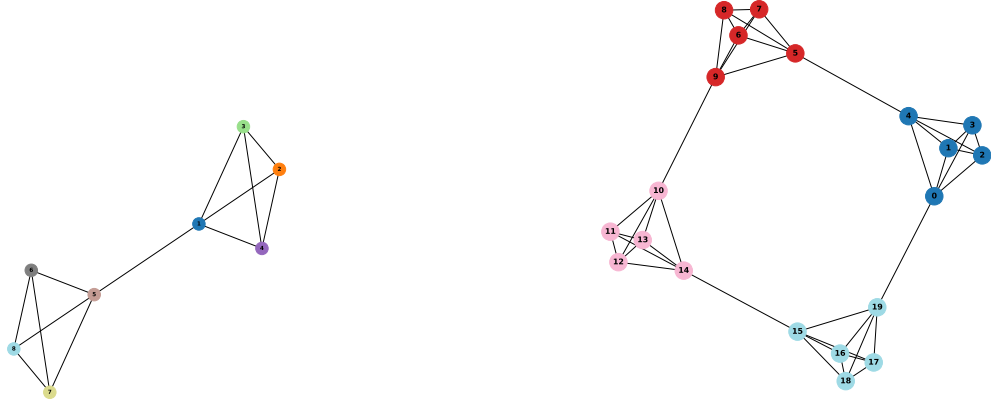
Στη δεύτερη φάση του αλγορίθμου, αφού έχουν αποθηκευτεί τα παραπάνω, υπολογίζονται για τις δοσμένες κοινότητες  $C$  τα αθροίσματα:

$$D_V(C) = \sum_{i, j \in C} D_V(i, j), \quad \overline{D_V(C)} = \sum_{i, j \in C} \overline{D_V(i, j)}$$

για  $i, j \in C$ , και η τιμή:

$$Q_d(G, C) = \sum_{c \in C} [(1 - \gamma) \overline{D_V(C)} - \gamma D_V(C)]$$

Συνολική πολυπλοκότητα της δεύτερης φάσης:  $O(|V|^2)$ .



(α') Αποτελέσματα ωμής δύναμης για  $\gamma = 0.5$ . Κάθε (β') Αποτελέσματα αλγορίθμου Newman για  $\gamma = 0.02$ . Οι κοινότητες έχουν αναγνωρισθεί σωστά.

Σχήμα 1

### 2.2.1 Μια πρώτη ματιά στα αποτελέσματα

Για μια πρώτη εικόνα της λειτουργίας της παραπάνω μετρηχής, δοκιμάστηκε τεχνική ωμής δύναμης σε διάφορους γράφους, για  $\gamma = 0.5$  (δηλαδή τον αρχικό ορισμό της). Ένα παράδειγμα βρίσκεται στο σχήμα 1α', όπου κάθε κοινότητα χρωματίζεται με δικό της χρώμα.

Στο σχήμα φαίνονται οι κοινότητες για τις οποίες η τιμή  $Q_d$  είναι μέγιστη. Ενώ περιμέναμε για τον γράφο αυτό να επιστραφούν δύο κοινότητες των 4 κόμβων, βλέπουμε ότι αυτό δεν συμβαίνει. Συγκεκριμένα για  $\gamma = 0.5$  βρέθηκε πειραματικά ότι τη μέγιστη τιμή  $Q_d$  παίρνουμε πάντα όταν κάθε κόμβος έχει δική του κοινότητα. Σε αυτό θα χρησιμεύσει η τιμή  $\gamma$ , όπου με την αλλαγή της μπορούμε να έχουμε τη επιθυμητή συμπεριφορά (βλ. ενότητα 3.4).

Παρατίθεται προκαταβολικά στο σχήμα 1β' το αποτέλεσμα του αλγορίθμου Newman για  $\gamma = 0.02$  για να φανεί το γεγονός αυτό.

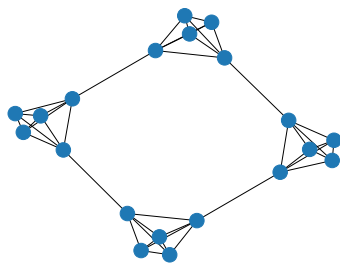
## 3 Αλγόριθμοι μεγιστοποίησης του $Q_d$

### 3.1 Πρώτη προσπάθεια άπληστου αλγορίθμου

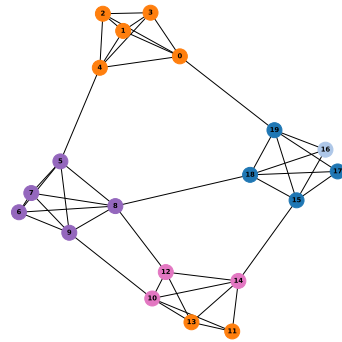
Θα περιγράψω τον πρώτο αλγόριθμο που υλοποιήθηκε συνοπτικά, διότι παρότι αντικαταστάθηκε από αυτόν του Newman, παρουσιάζει κάποια διαφορά στην λογική και τα αποτελέσματα:

1. Υπολογίζουμε τις απαραίτητες ποσότητες και τις αποθηκεύουμε ( $D_V(i, j)$ ,  $d_k(i)$ ,  $m_G(k)$ ,  $Pr[i, j, k]$ ,  $\overline{D_V(i, j)}$ ,  $diam(G)$ ).
2. Αρχικοποιούμε κάθε κόμβο σε δική του κοινότητα.
3. Για κάθε κόμβο, βρίσκουμε τον γειτονικό του κόμβο στο οποίο την κοινότητα εάν μεταφερθεί θα υπάρχει η μέγιστη μεταβολή στο  $Q_d$ . Εάν η μεταβολή αυτή είναι θετική, τότε τον μεταφέρουμε σε εκείνη την κοινότητα.
4. Επαναλαμβάνουμε το βήμα 3 μέχρι να μην γίνεται καμία μεταβολή.

Ο αλγόριθμος αυτός δέχεται βελτιστοποίηση, ειδικότερα στο κομμάτι όπου υπολογίζει την ποσότητα  $Q_d$  για κάθε μεταβολή των κόμβων σε κοινότητες. Ένα μεγάλο μέρος της εξίσωσης  $Q_d(G, C) = \sum_{c \in C} [(1 - \gamma)D_V(c) - \gamma \overline{D_V(c)}]$  παραμένει σταθερό όταν μετακινούμε μόνο έναν κόμβο

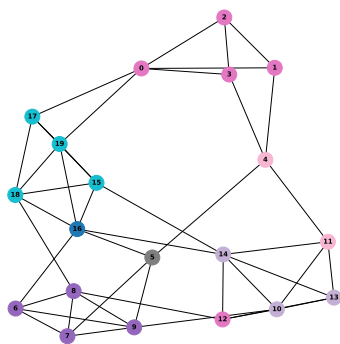


(α') Αρχικός γράφος benchmark

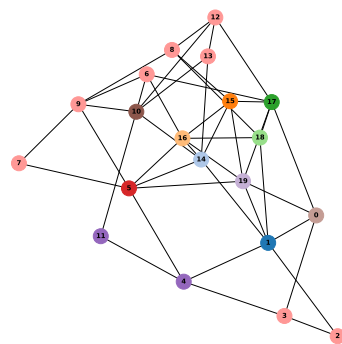


(β') 2ο βήμα

Σχήμα 2



(α') 7ο βήμα



(β') 16ο βήμα

Σχήμα 3

και κρατάμε τις υπόλοιπες κοινότητες σταθερές, και το γεγονός αυτό θα εκμεταλευτούμε στη συνέχεια.

Επίσης εδώ τίθεται το ζήτημα της σύγκλισης, εάν ο αλγόριθμος συγκλίνει (εξαρτάται από τη τιμή του  $\gamma$ ) και πόσο γρήγορα, το οποίο λύνεται στην συνέχεια.

### 3.1.1 Απόδοση

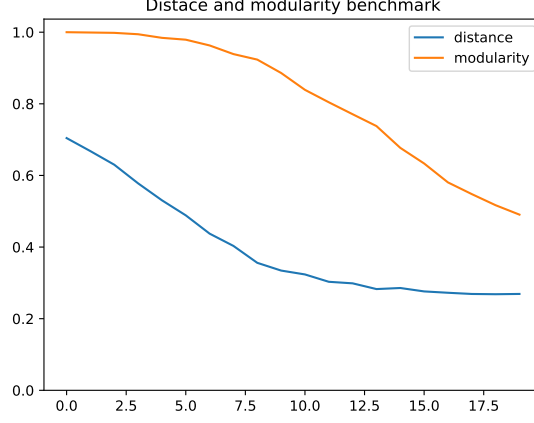
Θα περιγραφτεί εδώ η διαδικασία με την οποία μετρήθηκε η απόδοση του αλγορίθμου, η οποία θα χρησιμοποιηθεί και στη συνέχεια για τον αλγόριθμο του Newman.

Αρχικά δημιουργείται ένας γράφος ο οποίος αποτελείται από 4 πλήρεις υπογράφους των 5 κόμβων συνδεδεμένους με μία ακμή σε ένα κύκλο (σχήμα 2α'). Σε αυτόν τον γράφο περιμένουμε οι κοινότητες να είναι οι τέσσερις πλήρεις υπογράφοι.

Έπειτα σε κάθε βήμα αφαιρούμε μία ακμή (τυχαία) από το εσωτερικό των κοινοτήτων και την τοποθετούμε στο εξωτερικό τους (δηλαδή να ενώνει δύο διαφορετικές κοινότητες), έτσι 'χαλάμε' σε κάθε βήμα την ποιότητα των κοινοτήτων. Για κάθε βήμα εκτιμούμε με τον αλγόριθμό μας τις κοινότητες και τις συγκρίνουμε με τις πραγματικές (Jaccard similarity).

Στα σχήματα 2β', 3α', 3β' βλέπουμε τις εκτιμήσεις του αλγορίθμου για βήματα 2,7,16. Βλέπουμε ότι ο αλγόριθμος δεν έχει πολύ καλή απόδοση (ειδικά στο βήμα 1 όπου οι κοινότητες θα έπρεπε να είναι ξεκάθαρες), αλλά καταφέρνει να ανιχνεύσει κάποια δομή. Στο βήμα 16 όπου η δομή κοινοτήτων δεν είναι καθόλου ξεκάθαρη, τα αποτελέσματα είναι αρκετά κακά.

Στο σχήμα 4 αποτυπώνουμε την απόδοση (Jaccard similarity) του αλγορίθμου μας και την αντίστοιχη της modularity για 20 βήματα. Για να εξαλειφθεί ο τυχόν θόρυβος από τις τυχαίες



Σχήμα 4: Μέση απόδοση με Jaccard similarity των δύο μετρηκών.

Στον οριζόντιο άξονα τα βήματα της διαδικασίας φθοράς του γράφου, στον κάθετο η απόδοση.

διαδικασίες πάρθηκε ο μέσος όρος για 100 ίδια πειράματα.

Για τη modularity χρησιμοποιήθηκε η συνάρτηση *greedy\_modularity\_communities* της βιβλιοθήκης *networkx*, η οποία λειτουργεί με τον αλγόριθμο των Clauset-Newman-Moore [1].

Η distance έχει σαφώς χειρότερα αποτελέσματα.

### 3.2 Newman

Για καλύτερα αποτελέσματα υλοποιήθηκε ο αλγόριθμος που προτάθηκε από τον Newman [3].

Ο αλγόριθμος αυτός προτάθηκε για τη μεγιστοποίηση της modularity, αλλά μπορεί με τις κατάλληλες τροποποιήσεις να χρησιμοποιηθεί και εδώ.

Ξεκινάμε με μια κοινότητα για κάθε κόμβο αλλά αυτή τη φορά ενώνουμε διαδοχικά τις κοινότητες οι οποίες θα έχουν μέγιστη αύξηση του  $Q$ . Μετά από  $|V| - 1$  συνδέσεις θα έχει μείνει μόνο μία κοινότητα, όποτε απαιτούνται το πολύ  $|V| - 1$  συνδέσεις.

Στην ταχύτητα βοηθάει η παρατήρηση ότι δε χρειάζεται να υπολογίζεται συνέχεια η τιμή της  $Q_d$  αλλά μόνο η διαφορά  $\Delta Q_d(c_i, c_j)$  της  $Q_d$  αν συνενώσουμε τις κοινότητες  $c_i$  και  $c_j$ .

Αναλυτικά:

Έστω ότι έχω κοινότητες  $C = c_1, \dots, c_n$  και συνενώνω τις κοινότητες  $c_i, c_j \in C$  ώστε να αποκτήσω στο επόμενο βήμα κοινότητες  $C'$ . Έστω επίσης ότι  $Q_d$  είναι η τιμή της distance quality στις κοινότητες  $C$ , ενώ  $Q'_d$  στις  $C'$ .

Για ευκολία συμβολίζω:

$$I(c) = [(1 - \gamma)\overline{D_V(c)} - \gamma D_V(c)]$$

και,

$$J(i, j) = (1 - \gamma)\overline{D_V(i, j)} - \gamma D_V(i, j)$$

τότε,

$$Q_d = \sum_{c \in C} I(c) = \sum_{c \in C} \sum_{i, j \in c} J(i, j)$$

Έχουμε:

$$Q_d = \sum_{c \in C} I(c) = \sum_{c \in C \setminus c_i, c_j} [I(c)] + I(c_i) + I(c_j) \Leftrightarrow$$

$$Q_d = \sum_{c \in C \setminus c_i, c_j} [I(c)] + \sum_{i, j \in c_i} J(i, j) + \sum_{i, j \in c_j} J(i, j)$$

και,

$$Q'_d = \sum_{c \in C'} I(c) = \sum_{c \in C' \setminus c_i, c_j} [I(c)] + I(c_i \cup c_j) \Leftrightarrow$$

$$Q'_d = \sum_{c \in C' \setminus c_i, c_j} [I(c)] + \sum_{i, j \in c_i \cup c_j} J(i, j)$$

Από τα παραπάνω είναι φανερό ότι:

$$\Delta Q = Q'_d - Q_d = 2 \sum_{i \in c_i, j \in c_j} J(i, j) \Leftrightarrow$$

$$\Delta Q = 2 \sum_{i \in c_i, j \in c_j} (1 - \gamma) \overline{D_V(i, j)} - \gamma D_V(i, j)$$

Επιπλέον, όταν ενώνονται δύο κοινότητες  $c_i, c_j$ , έστω στην  $c_j$ , τότε για κάθε άλλη κοινότητα  $c_k$  η τιμή  $\Delta Q_{jk}$  μεταβάλλεται ως εξής:

$$\Delta Q'_{jk} = 2 \sum_{i \in c_i \cup c_j, j \in c_k} J(i, j) = 2 \sum_{i \in c_i, j \in c_k} J(i, j) + 2 \sum_{i \in c_j, j \in c_k} J(i, j) = \Delta Q_{ik} + \Delta Q_{jk}$$

Τώρα είμαστε σε θέση να ορίσουμε τον αλγόριθμο:

Διατηρούμε έναν πίνακα  $\Delta Q$  που θα περιέχει για κάθε δύο κοινότητες  $c_i, c_j$  τη τιμή  $\Delta Q_{ij}$ . Για την αρχική περίπτωση όπου κάθε κόμβος  $v$  έχει δική του κοινότητα  $c = \{v\}$ :

$$\Delta Q_{ik} = 2 \cdot [(1 - \gamma) \overline{D_V(c_i, c_j)} - \gamma D_V(c_i, c_j)] \quad (1)$$

1. Υπολογίζουμε τις απαραίτητες ποσότητες και τις αποθηκεύουμε  $(D_V(i, j), d_k(i), m_G(k), Pr[i, j, k], \overline{D_V(i, j)}, diam(G))$ .
2. Αρχικοποιούμε κάθε κόμβο σε δική του κοινότητα.
3. Αρχικοποιούμε τον πίνακα  $\Delta Q$  σύμφωνα με την εξίσωση 1.
4. Βρίσκουμε το μέγιστο στοιχείο του πίνακα  $\Delta Q$ . Αυτό το στοιχείο μας δίνει ποιές κοινότητες θα δώσουν τη μέγιστη διαφορά στην  $Q_d$  αν ενωθούν.
5. Αν το  $\max \Delta Q_{ij}$  που βρήκαμε είναι θετικό, ενώνουμε τις κοινότητες  $c_i, c_j$  στην  $c_j$ , ανανεώνουμε τα στοιχεία του πίνακα  $\Delta Q$  ως εξής:

$$\Delta Q_{jk} = \Delta Q_{kj} = \Delta Q_{ik} + \Delta Q_{jk}, \quad \Delta Q_{ik} = \Delta Q_{ki} = -1$$

και επιστρέφουμε στο βήμα 4.

6. Αν το  $\max \Delta Q_{ij}$  που βρήκαμε είναι αρνητικό, τότε τερματίζουμε τον αλγόριθμο και επιστρέφουμε τις κοινότητες όπως είναι σε αυτό το βήμα.

Σύμφωνα με την έρευνα των Clauset-Newman-Moore [1], από το βήμα όπου το  $\max \Delta Q$  γίνει για πρώτη φορά αρνητικό και μετέπειτα, θα συνεχίσει να είναι αρνητικό. Δηλαδή η  $Q_d$  θα μειώνεται σταδιακά. Επομένως μόλις φτάσουμε σε αυτό το στάδιο μπορούμε να τερματίσουμε τον αλγόριθμο, αφού βρήκαμε το μέγιστο.

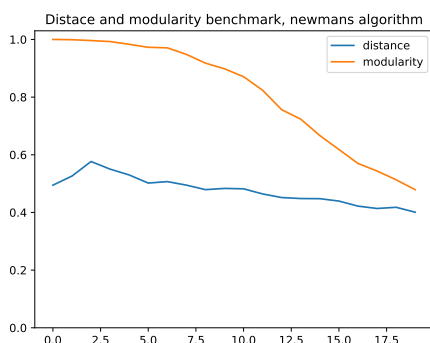
Αυτός ο αλγόριθμος είναι ήδη σημαντικά πιο γρήγορος από τον προηγούμενο, αφού το εσωτερικό της λούπας πλέον απλοποιείται στην εύρεση μέγιστου στοιχείου ενός πίνακα. Τα υπόλοιπα είναι μόνο προσθήσεις, αναθέσεις πινάκων και έλεγχοι, όλες διεργασίες σταθερού χρόνου. Επίσης στον αλγόριθμο αυτόν δεν χρειάζεται να υπολογιστεί η  $Q_d$  αναλυτικά, αλλά μόνο τα αρχικά  $\Delta Q$  που είναι σημαντικά απλούστερα.

Μια άμεση βελτίωση που θα μπορούσε να γίνει [1] είναι να τοποθετούμε τα  $\Delta Q_{ij}$  σε μια σωρό μεγίστων, ώστε να αποφευχθεί το  $O(|V|^2)$  της εύρεσης μέγιστου στον πίνακα σε  $O(\log|V|)$ . Όμως αυτό δε το υλοποίησα στο πλαίσιο της παρούσης εργασίας.

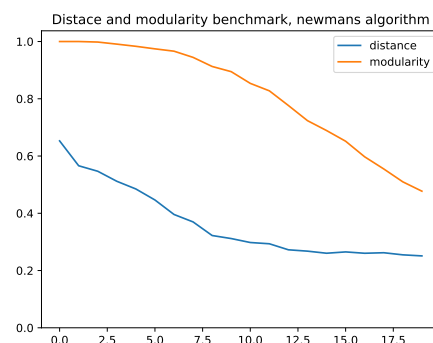


(α') Αποτελέσματα αλγορίθμου Newman στο 2ο βήμα. ( $\gamma = 0.15$ ) (β') Αποτελέσματα αλγορίθμου Newman στο 4ο βήμα. ( $\gamma = 0.15$ )

Σχήμα 5



(α')  $\gamma = 0.01$



(β')  $\gamma = 0.02$

Σχήμα 6: Μέση απόδοση με χρήση Jaccard similarity, στη distance χρησιμοποιήθηκε αλγόριθμος Newman.

### 3.2.1 Απόδοση

Στα σχήματα 5, 6 φαίνονται τα αποτελέσματα του συγκεκριμένου αλγορίθμου με τις ίδιες τεχνικές όπως προηγουμένως. Ο αλγόριθμος Newman φαίνεται να έχει ίσως χειρότερα (ή αντίστοιχα) αποτελέσματα από/με τον προηγούμενο, το οποίο είναι αναμενόμενο αφού ενώνει κάθε φορά ολόκληρες κοινότητες αντί για μεμονωμένους κόμβους και έτσι μια λάθος ένωση στην αρχή, διαδίδεται και πολλαπλασιάζεται.

Το πλεονέκτημά του είναι η ταχύτητα.

## 3.3 Χρονική πολυπλοκότητα και σύγκριση

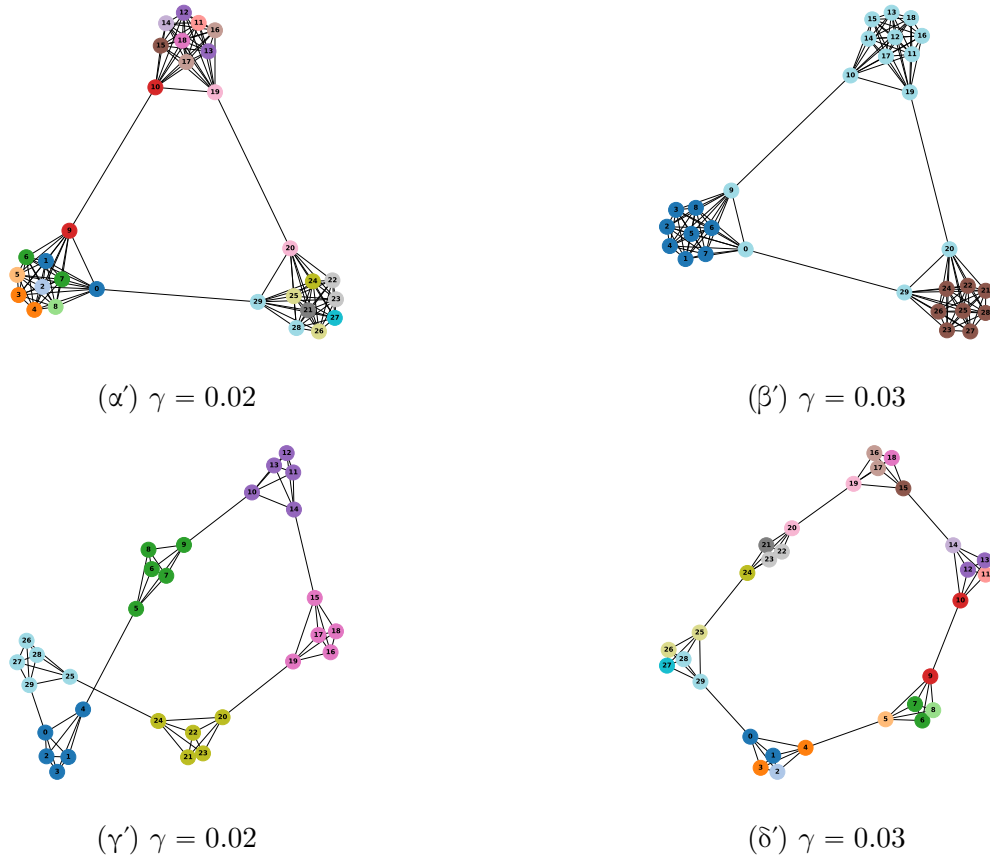
Για τους δύο αλγορίθμους το πρώτο στάδιο είναι κοινό,

## 3.4 Επιρροή της τιμής $\gamma$

Στο σχήμα 7 φαίνονται τα αποτελέσματα δύο γράφων για διαφορετικές τιμές του  $\gamma$ . Βλέπουμε ότι ο γράφος στο 7α' για  $\gamma = 0.02$  δεν έχει καλά αποτελέσματα, ενώ στο 7β' για  $\gamma = 0.003$  έχει πολύ καλύτερα. Το αντίθετο ισχύει για το γράφο των 7γ', 7δ', όπου για  $\gamma = 0.02$  έχει άρτια αποτελέσματα.

Είναι ξεκάθαρη η επιρροή του  $\gamma$  όμως η βέλτιστη τιμή του είναι διαφορετική σε κάθε γράφο. Έτσι παρουσιάζεται το ερώτημα: *μπορούμε να εκτιμήσουμε τη βέλτιστη τιμή του  $\gamma$ ;*





Σχήμα 7: Αποτελέσματα γράφων για διαφορετικές τιμές του  $\gamma$  με τον αλγόριθμο Newman.

Μια παρατήρηση που κάνουμε εξ αρχής είναι ότι η βέλτιστη τιμή του  $\gamma$  φαίνεται να μικραίνει όσο μεγαλώνει το μέγεθος των κοινοτήτων. Έτσι δοκιμάστηκε να βρεθεί η σχέση τους, εάν αυτή υπάρχει: Δημιουργήθηκαν τυχαίοι γράφοι με την τεχνική που παρουσιάστηκε και προηγουμένως για διαφορετικά μεγέθη των κοινοτήτων (πλήρεις υπογράφοι). Για κάθε τέτοιο γράφο δοκιμάστηκαν πολλές τιμές  $\gamma$  και βρέθηκε η βέλτιστη από αυτές. Βρέθηκε ξεκάθαρη εξάρτηση της βέλτιστης τιμής  $\gamma$  και του μεγέθους κοινότητας.

Στο σχήμα 8α' απεικονίζεται η εξάρτηση αυτή για μεγέθη κοινοτήτων από 1 μέχρι 50 κόμβους. Παρατηρούμε εκθετική μείωση, οπότε δοκιμάστηκε να προσαρμοστεί η καμπύλη  $ce^{-\lambda x}$  (δηλαδή να βρεθούν σταθερές  $c, \lambda$ ) στα δεδομένα. Χρησιμοποιήθηκε η συνάρτηση `scipy.optimize.curve_fit`.

Το αποτέλεσμα φαίνεται στο σχήμα 8β' για  $c = 0.1616558536042243$ ,  $\lambda = 0.4500547630497226$ .

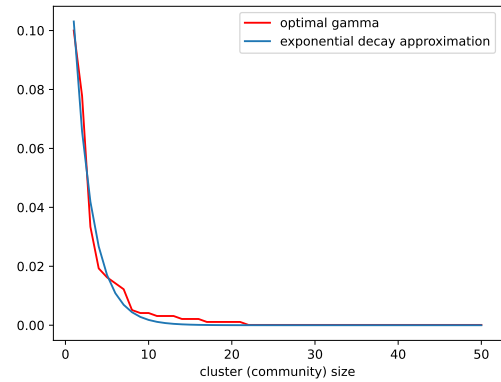
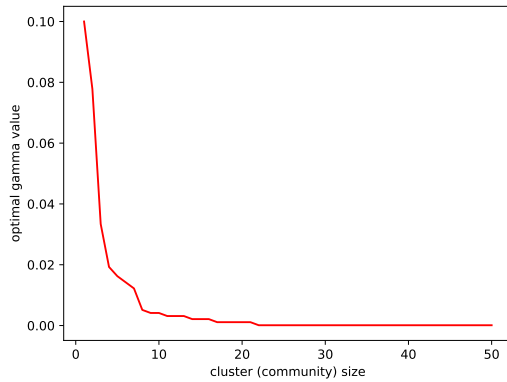
Έτσι δημιουργήθηκε μια παραλλαγή του αλγορίθμου *Newman*, όπου αυτή τη φορά το  $\gamma$  δε δίνεται ως είσοδος, αλλά υπολογίζεται με την σχέση  $ce^{-\lambda x}$ , όπου  $x$  το αναμενόμενο μέγεθος κοινοτήτων.

Αποτελέσματα της μεθόδου αυτής φαίνονται στο σχήμα 9. Στα παραδείγματα 9α', 9β' κατάφερε με ακρίβεια να αναγνωρίσει τις κοινότητες, όμως στο 9γ' απέτυχε. Ίσως με περισσότερα δεδομένα να μπορούσε να εκτιμηθεί καλύτερα η καμπύλη της συσχέτισης του βέλτιστου  $\gamma$  και να είχαμε καλύτερα αποτελέσματα.

Όμως το πρόβλημα έτσι δεν λύνεται: θα θέλαμε ο αλγόριθμος να μπορεί να αναγνωρίσει τις κοινότητες χωρίς να χρειάζεται να γνωρίζουμε ήδη το μέγεθος τους. Αλλά αυτή η υλοποίηση αποτελεί τουλάχιστον βελτίωση.

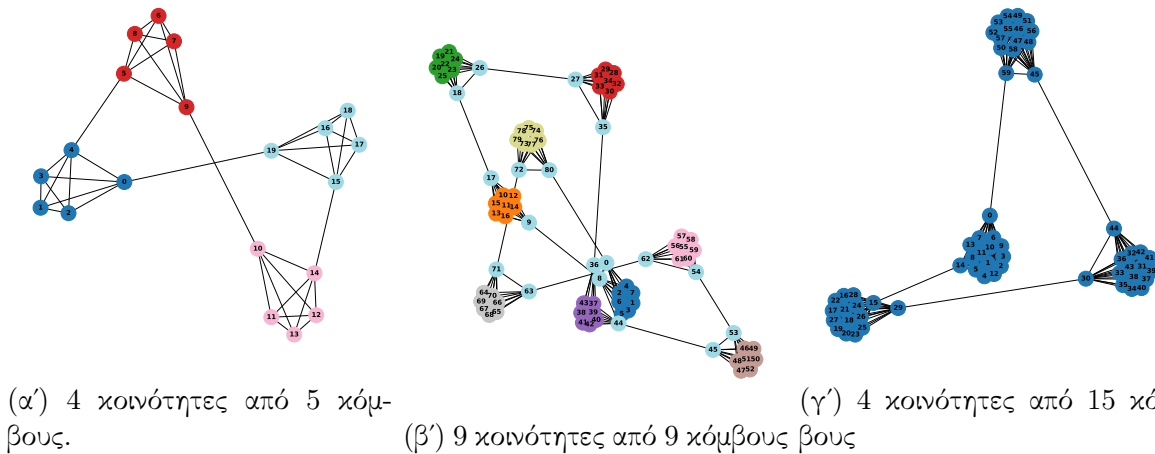
Η ποσότητα που γνωρίζουμε εκ των προτέρων είναι το μέγεθος του γράφου, όμως δεν υπάρχει συσχέτιση του μεγέθους με το βέλτιστο  $\gamma$  (παραδείγματα που δείχνουν αυτό βρίσκονται στο σχήμα 10β').

Μια δεύτερη παρατήρηση είναι όμως ότι, ενώ δεν υπάρχει συσχέτιση με το μέγεθος γένικα,



(α') Συσχέτιση βέλτιστου  $\gamma$  ως προς μέγεθος κοινο- (β') Εκτίμηση της συσχέτισης με  $ce^{-\lambda x}$ ,  $c =$   
τήτων  $0.1616558536042243$ ,  $\lambda = 0.4500547630497226$ .

Σχήμα 8



(α') 4 κοινότητες από 5 κόμ-  
βους.

(β') 9 κοινότητες από 9 κόμβους βους

(γ') 4 κοινότητες από 15 κόμ-  
βους

Σχήμα 9: Αλγόριθμος *Newman* με εκτίμηση  $\gamma$  από το μέγεθος των κοινοτήτων

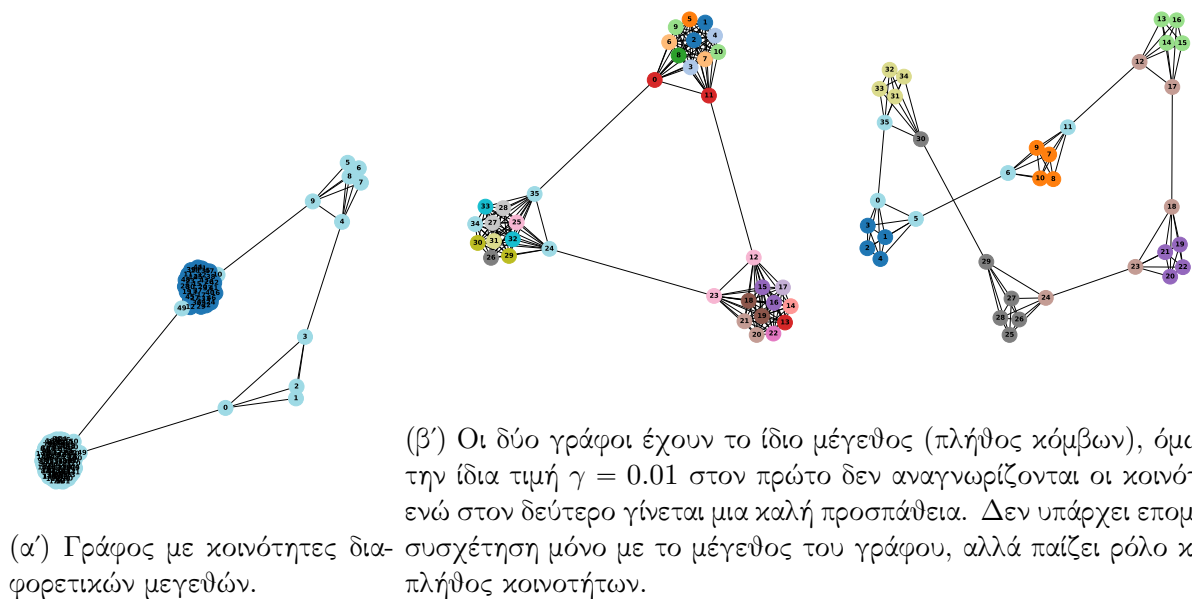
υπάρχει συσχέτιση με το μέγεθος εάν γνωρίζουμε το πλήθος κοινοτήτων. Στο σχήμα .. βλέπουμε Επομένως μπορούμε να φτιάξουμε μια δεύτερη παραλλαγή του αλγορίθμου *Newman* όπου δέχεται σαν όρισμα το πλήθος κοινοτήτων, και υπολογίζει το βέλτιστο  $\gamma$ .

### 3.5 Ανικανότητες των τεχνικών αξιολόγησης

Για την αξιολόγηση του  $Q_d$  ως μετρηκή για αναγνώριση κοινοτήτων χρησιμοποιήσαμε μόνο γράφους των οποίων οι κοινότητες είχαν ίδιο μέγεθος. Τέτοια δίκτυα δύσκολα παρατηρούνται στον πραγματικό κόσμο.

Υπάρχουν πιο ρεαλιστικές τεχνικές αξιολόγησης [2] οι οποίες δεν ήταν στα πλαίσια της παρούσης εργασίας.

Η μετρηκή  $Q_d$  (distance quality) όμως, πέραν της προηγούμενης συζήτησης, φαίνεται να μπορεί να αναγνωρίσει (με κάποιο όριο ακρίβειας) κοινότητες οι οποίες έχουν διαφορετικά μεγέθη. Ένα παράδειγμα φαίνεται στο σχήμα 10α'.



Σχήμα 10

## 4 Πραγματικός γράφος

Θε ελέγξουμε, επιτέλους, την απόδοση της  $Q_d$  σε έναν πραγματικό δίκτυο. Χρησιμοποιήθηκε το δίκτυο email-Eu-core network απο το Stanford Network Analysis Project. Το δίκτυο αυτό αντιπροσωπεύει επικοινωνια δύο μελών ενός Ευρωπαϊκού ινστιτούτου έρευνας μέσω e-mail. Μας δίνονται επίσης οι πραγματικές κοινότητες (42 τμήματα στα οποία ανήκουν).

Στο σχήμα ;; αποτυπώνεται το δίκτυο και οι σημαντικότερες κοινότητες του χρωματίζονται.

Είναι κατευθυνόμενο, όμως όλα τα παραπάνω λειτουργούν και για κατευθυνόμενους γράφους (;;;).

## 5 Συμπεράσματα

ρανδομ ωαλκ

## 6 Σημειώσεις περί του κώδικα

Κάποια αρχεία κώδικα *python* είναι προχειρογραμμένα διότι χρησιμοποιήθηκαν μόνο για τον έλεγχο και την παραγωγή γραφημάτων. Δε θεώρησα απαραίτητο να τα καθαρογράψω αφού δεν αποτελούν τον πηγαίο κώδικα των υλοποιήσεων των συναρτήσεων και αλγορίθμων που παρουσιάζονται στην εργασία (και λόγω χρόνου). Θα μπορούσα ίσως να μην τα συμπεριλάβω στην υποβολή καθόλου, και να δώσω τα γραφήματα στην αναφορά, όμως θεώρησα χρήσιμο να μπορείτε να τα τρέξετε και να λάβεται τα ίδια γραφήματα. Δεν θα παραχθούν όλα τα γραφήματα που χρησιμοποίησα γιατί κάποια παράχθηκαν σε παλιές κλήσεις, οι οποίες έχουν διαγραφτεί. Θα παραχθούν και πολλά εξτρά.

Στον φάκελο υπάρχει ένα *README.md* αρχείο, στο οποίο αναγράφεται πλήρης αναφορά του περιεχομένου των αρχείων *.py* και της χρησιμότητας του καθενός.

Το Github repo της εργασίας: <https://github.com/frilip/Network-theory.git>.

## Αναφορές

- [1] Aaron Clauset, M. E. J. Newman, and Cristopher Moore. Finding community structure in very large networks. *Phys. Rev. E*, 70(6):066111, December 2004.
- [2] Andrea Lancichinetti, Santo Fortunato, and Filippo Radicchi. Benchmark graphs for testing community detection algorithms. *Phys. Rev. E*, 78:046110, Oct 2008.
- [3] M. E. J. Newman. Fast algorithm for detecting community structure in networks. *Phys. Rev. E*, 69:066133, Jun 2004.