

Véletlen gráfok

Backhausz Ágnes
Eötvös Loránd Tudományegyetem és
MTA Rényi Alfréd Matematikai Kutatóintézet
agnes@cs.elte.hu

2015. december 2.

Példák valós hálózatokra

- társadalmi hálózatok (pl. webes közösségi hálózatok)

Példák valós hálózatokra

- társadalmi hálózatok (pl. webes közösségi hálózatok)
- információs hálózatok (telefon, internet, www)

Példák valós hálózatokra

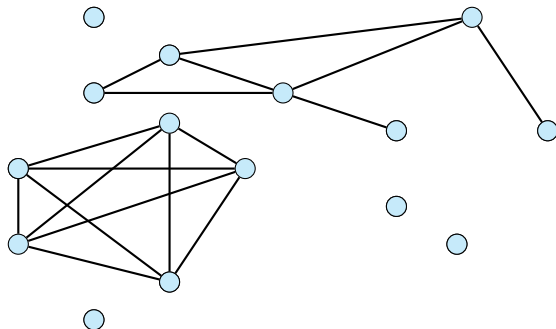
- társadalmi hálózatok (pl. webes közösségi hálózatok)
- információs hálózatok (telefon, internet, www)
- biológiai hálózatok

Kérdések

- előrejelzés: hogyan fog fejlődni, hogyan reagál külső hatásokra
- mennyiségi leírás: becslés részleges információk alapján
- múltbeli fejlődés: a kialakulás folyamata
- működés: információterjedés

Gráf: csúcsok és élek

$G = (V, E)$, ahol V véges halmaz, $E \subseteq V \times V$.



Véletlen gráf másolással és törléssel

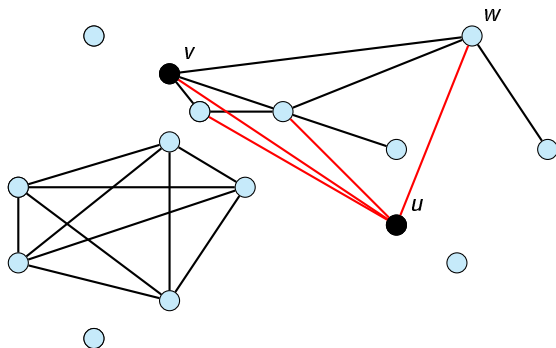
- kiindulunk két csúcsból és egy őket összekötő élből
- létrehozunk egy új csúcsot: u
- kiválasztunk egy régi csúcsot véletlenszerűen, egyenletesen: v

- kiindulunk két csúcsból és egy őket összekötő élből
- létrehozunk egy új csúcsot: u
- kiválasztunk egy régi csúcsot véletlenszerűen, egyenletesen: v
- **másolás:** az u csúcsot hozzákötjük v összes szomszédjához és v -hez is

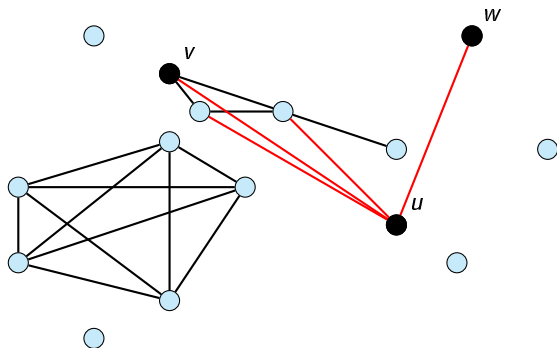
Véletlen gráf másolással és törléssel

- kiindulunk két csúcsból és egy őket összekötő élből
- létrehozunk egy új csúcsot: u
- kiválasztunk egy régi csúcsot véletlenszerűen, egyenletesen: v
- **másolás:** az u csúcsot hozzákötjük v összes szomszédjához és v -hez is
- kiválasztunk egy régi csúcsot véletlenszerűen, egyenletesen: w
- **törlés:** w -nek élet töröljük, de az (u, w) élt meg hagyjuk, ha össze voltak kötve

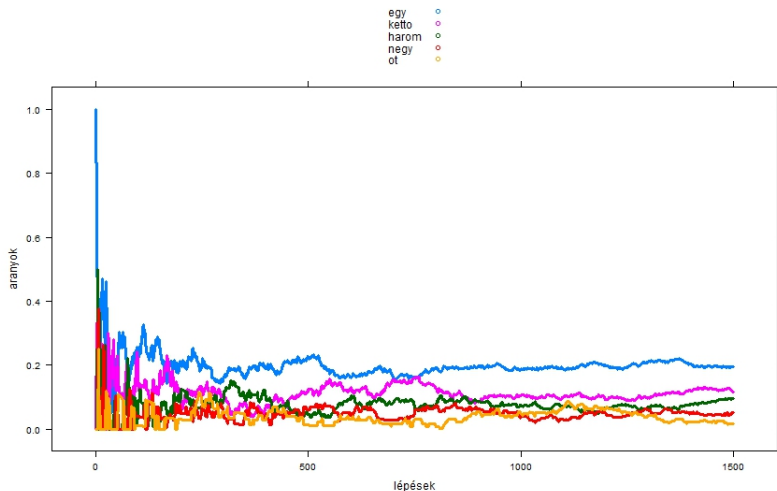
Az u csúcsot létrehozjuk, és hozzákötjük a véletlenszerűen választott v összes szomszédjához és v -hez is.



A véletlenszerűen választott w csúcs összes élét töröljük, kivéve, ami az új u csúcshoz köti.



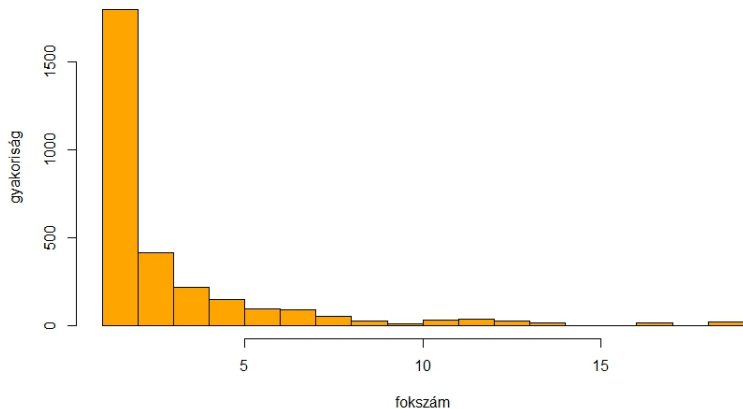
Fokszámok változása az időben



Az 1, 2, 3, 4, 5 szomszédal rendelkező csúcsok arányának változása a lépések előrehaladtával (1500 lépésre)

Fokszámeloszlás 3000 lépésben

Fokszámeloszlás 3000 lépésből



A k szomszédal rendelkező csúcs gyakorisága 3000 lépés után (egy futásból)

Tétel

Jelölje $X[k, n]$ a k fokú csúcsok arányát a gráfban n lépés után. Ekkor

$$\lim_{n \rightarrow \infty} X[n, k] = c_k$$

teljesül 1 valószínűséggel, ahol a c_0, c_1, \dots számsorozatra

$$c_0 = \frac{1 + c_1}{3}; \quad c_k = \frac{k + 1}{2k + 3} (c_{k-1} + c_{k+1}) \quad (k \geq 2).$$

Tétel

Jelölje $X[k, n]$ a k fokú csúcsok arányát a gráfban n lépés után. Ekkor

$$\lim_{n \rightarrow \infty} X[n, k] = c_k$$

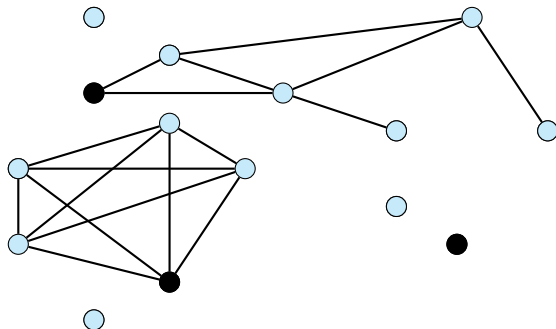
teljesül 1 valószínűséggel, ahol a c_0, c_1, \dots számsorozatra

$$c_0 = \frac{1 + c_1}{3}; \quad c_k = \frac{k + 1}{2k + 3} (c_{k-1} + c_{k+1}) \quad (k \geq 2).$$

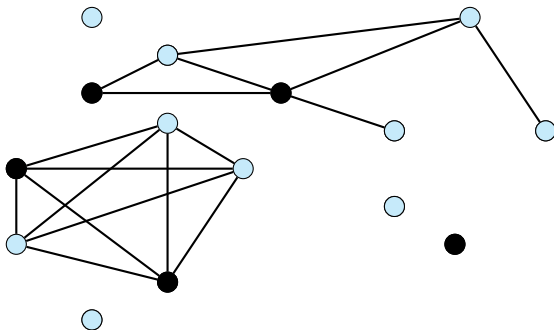
Továbbá $\sum_{k=0}^{\infty} c_k = 1$, és

$$c_k \sim \sqrt{e\pi} \cdot k^{-1/4} e^{-2\sqrt{k}} \quad (k \rightarrow \infty).$$

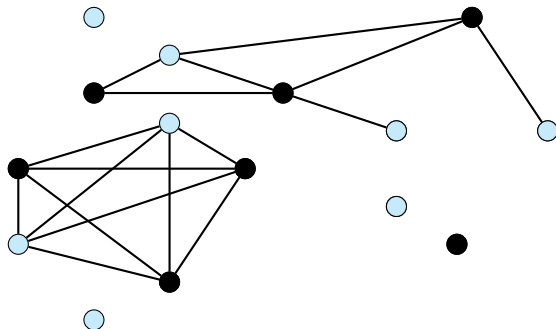
Egyszerű példa. Kisorsoljuk a véletlen gráfot. Kezdetben néhány csúcs beteg. Minden körben minden fertőzött csúcs p valószínűséggel adja tovább a betegséget.



Egyszerű példa. Kisorsoljuk a véletlen gráfot. Kezdetben néhány csúcs beteg. Minden körben minden fertőzött csúcs p valószínűséggel adja tovább a betegséget.

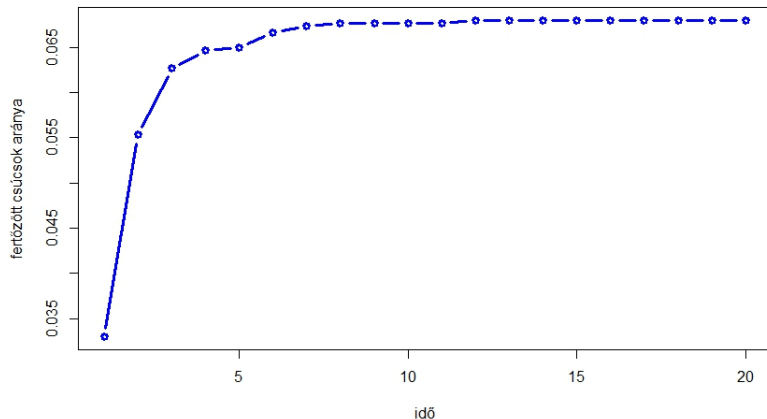


Egyszerű példa. Kisorsoljuk a véletlen gráfot. Kezdetben néhány csúcs beteg. Minden körben minden fertőzött csúcs p valószínűséggel adja tovább a betegséget.



Járványterjedés

A gráf 3000 csúcsból állt, az eddigi modell szerint. Kezdetben az első 100 csúcs beteg, $p = 0,3$ a fertőzés valószínűsége. A terjedés egyes lépései után ábrázoljuk a fertőzött csúcsok arányát.



- Barabási–Albert-fa (1999), Yule (1925): az új csúcsot egy véletlenszerűen választott régihez kötjük hozzá, a fokszámokkal arányos valószínűség szerint.

$$c_k = \frac{4}{k(k+1)(k+2)} \sim \frac{4}{k^3}.$$

- Barabási–Albert-fa (1999), Yule (1925): az új csúcsot egy véletlenszerűen választott régihez kötjük hozzá, a fokszámokkal arányos valószínűség szerint.

$$c_k = \frac{4}{k(k+1)(k+2)} \sim \frac{4}{k^3}.$$

- Erdős–Rényi, Gilbert (1959)
 n csúcs, bármely kettőt p valószínűséggel kötjük össze, függetlenül.

$$c_k \approx \frac{1}{k! \cdot e} \quad (pn = 1).$$

- Barabási–Albert-fa (1999), Yule (1925): az új csúcsot egy véletlenszerűen választott régihez kötjük hozzá, a fokszámokkal arányos valószínűség szerint.

$$c_k = \frac{4}{k(k+1)(k+2)} \sim \frac{4}{k^3}.$$

- Erdős–Rényi, Gilbert (1959)
 n csúcs, bármely kettőt p valószínűséggel kötjük össze, függetlenül.

$$c_k \approx \frac{1}{k! \cdot e} \quad (pn = 1).$$

- törlés és másolás más arányban

- Barabási–Albert-fa (1999), Yule (1925): az új csúcsot egy véletlenszerűen választott régihez kötjük hozzá, a fokszámokkal arányos valószínűség szerint.

$$c_k = \frac{4}{k(k+1)(k+2)} \sim \frac{4}{k^3}.$$

- Erdős–Rényi, Gilbert (1959)
 n csúcs, bármely kettőt p valószínűséggel kötjük össze, függetlenül.

$$c_k \approx \frac{1}{k! \cdot e} \quad (pn = 1).$$

- törlés és másolás más arányban
- geometriai modellek: a csúcsokat elhelyezzük a síkon, véletlenszerűen, majd azokat kötjük össze, amik egy adott távolságnál közelebb esnek egymáshoz







- Barabási–Albert-fa (1999), Yule (1925): az új csúcsot egy véletlenszerűen választott régihez kötjük hozzá, a fokszámokkal arányos valószínűség szerint.

$$c_k = \frac{4}{k(k+1)(k+2)} \sim \frac{4}{k^3}.$$

- Erdős–Rényi, Gilbert (1959)
 n csúcs, bármely kettőt p valószínűséggel kötjük össze, függetlenül.

$$c_k \approx \frac{1}{k! \cdot e} \quad (pn = 1).$$

- törlés és másolás más arányban
- geometriai modellek: a csúcsokat elhelyezzük a síkon, véletlenszerűen, majd azokat kötjük össze, amik egy adott távolságnál közelebb esnek egymáshoz
- általános modellek: nem mondjuk meg a szabályt, csak a fokszámok véletlenszerű növekedésére teszünk feltételeket az egyes lépésekben

-  Barabási, Albert-László and Albert, Réka. Emergence of scaling in random networks. *Science*, 286:509–512, 1999.
-  Bebek, G., Berenbrink, P., Cooper, C., Friedetzky, T., Nadeau, J. and Sahinalp, S. C., The degree distribution of the generalized duplication model. *Theor. Comput. Sci.*, 369: 234–249, 2006.
-  Chung, F., Lu, L., Dewey, T. G., and Galas, D. J., Duplication models for biological networks, *J. Comput. Biol.*, 16: 677–687, 2003.
-  Ágnes Backhausz, Tamás F. Móri. Asymptotic properties of a random graph with duplications. *J. Appl. Probab.* 52 (2): 375–390, 2015.
-  Kim, J., Krapivsky, P. L., Kahng, B. and Redner, S., Infinite-order percolation and giant fluctuations in a protein interaction network. *Phys. Rev.*, E66: 055101(R), 2002.
-  Pastor-Satorras, R., Smith, E. and Solé, R. V., Evolving protein interaction networks through gene duplication. *J. Theor. Biol.*, 222:199–210, 2003.