

ΤΕΙ ΗΠΕΙΡΟΥ  
ΤΜΗΜΑ:  
ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ Τ.Ε.

ΛΕΦΕΒΡ ΝΙΚΗ

ΣΥΝΘΕΤΑ ΔΙΚΤΥΑ: ΜΕΛΕΤΗ ΚΑΙ  
ΑΝΑΛΥΣΗ ΒΙΟΛΟΓΙΚΩΝ ΔΙΚΤΥΩΝ –  
ΕΦΑΡΜΟΓΗ ΣΤΗΝ ΔΙΑΔΟΣΗ  
ΑΣΘΕΝΕΙΩΝ



ΣΕΠΤΕΜΒΡΙΟΣ | 2015

**ΤΕΙ ΗΠΕΙΡΟΥ**  
**ΣΧΟΛΗ ΜΗΧΑΝΙΚΩΝ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ Τ.Ε.**

**ΠΤΥΧΙΑΚΗ ΕΡΓΑΣΙΑ**

**‘ΣΥΝΘΕΤΑ ΔΙΚΤΥΑ: ΜΕΛΕΤΗ ΚΑΙ ΑΝΑΛΥΣΗ ΒΙΟΛΟΓΙΚΩΝ  
ΔΙΚΤΥΩΝ – ΕΦΑΡΜΟΓΗ ΣΤΗΝ ΔΙΑΔΟΣΗ ΑΣΘΕΝΕΙΩΝ’**

Πτυχιακή εργασία που υπεβλήθη για την μερική ικανοποίηση των απαιτήσεων, για την απόκτηση προπτυχιακού διπλώματος.

Υπό

Λεφέβρ Νίκη

Επιβλέπουσα

**Μαργαρίτη Σπυριδούλα**

**ΣΕΠΤΕΜΒΡΗΣ, 2015**



Στους γονείς μου, τα Αδέρφια μου και τον  
Παναγιώτη μου...

---



## ΠΕΡΙΕΧΟΜΕΝΑ

Ευχαριστίες.....	11
Περίληψη.....	13
Κεφάλαιο 1: Εισαγωγή.....	15
Κεφάλαιο 2: Βασικές Έννοιες των Γράφων των Σύνθετων Δικτύων.....	19
2.1 Βασικοί Ορισμοί.....	20
2.1.1 Βεβαρημένοι Γράφοι σε σχέση με τις Λίστες και τους Πινάκες Γειτνίασης.....	22
2.2 Αναπαράσταση Γράφων.....	23
2.3 Διαγνωστικά Δικτύου (Network Diagnostics) μέσα από Διαγνωστικά Βαθμών (Degree Diagnostics) και της Κατανομής Βαθμών (Degree Distribution).....	26
2.3.1 Degree Diagnostics για Μη-κατευθυνόμενα Δίκτυα.....	26
2.3.2 Degree Diagnostics για Κατευθυνόμενους Γράφους.....	28
2.4 Συντομότερα Μήκη Διαδρομής, Διαμέτρου και Ενδιάμεσου Χώρου.....	29
2.4.1 Συντομότερες Διαδρομές (Shortest Paths).....	29
2.4.2 Κόμβος Ενδιάμεσου Χώρου (Betweenness Node).....	30
2.5 Ομαδοποίηση (Clustering).....	31
Κεφάλαιο 3: Μοντέλα Σύνθετων Δικτύων.....	33
3.1 Μοντέλα σύνθετων δικτύων.....	34
3.1.1 Το μοντέλο Erdős – Rényi.....	34
3.1.2 Το μοντέλο Watts – Strogatz.....	34
3.1.3 Το μοντέλο Barabási – Albert.....	35
3.1.4 Μοντέλα εξέλιξης δικτύου.....	36
3.1.4.1 Δυναμικά Μοντέλα Εξέλιξης Δικτύου.....	36
3.1.4.2 Αυξητικά Μοντέλα Εξέλιξης Δικτύου.....	37
3.1.5 Μοντέλα γνωρισμάτων κόμβων.....	38
3.1.5.1 Το μοντέλο BPDA.....	38
3.1.5.2 Το μοντέλο WPR.....	38

3.1.6	<i>Εκθετικά μοντέλα τυχαίων γράφων</i>	38
3.1.7	<i>Μοντέλα λανθάνοντος χώρου</i>	39
3.2	<b>Δίκτυο Ελεύθερης Κλίμακας (Scale Free Network)</b>	40
3.3	<b>Έξι Βαθμοί Διαχωρισμού (Six Degree of Separation)</b>	40
	<b>Κεφάλαιο 4: Επιδημικά Μοντέλα σε Βιολογικά Δίκτυα</b>	43
4.1	<b>Βιολογικά Δίκτυα (Biological Networks)</b>	44
4.1.1	<i>Βιολογικά Νευρωνικά Δίκτυα</i>	44
4.1.2	<i>Τεχνητά Νευρωνικά Δίκτυα</i>	45
4.1.3	<i>Δίκτυα Μεταβολικών Αντιδράσεων (Networks of Metabolic Reactions)</i>	45
4.1.4	<i>Γονιδιακό και Πρωτεϊνικό Δίκτυο (Genome and Protein Network)</i>	46
4.2	<b>Μελέτη των Επιδημιών Μέσα στα Δίκτυα (Epidemics)</b>	47
4.2.1	<i>Ασθένειες που μεταδίδονται από τα Δίκτυα</i>	47
4.2.2	<i>Διεργασίες Διακλαδώσεων</i>	48
4.2.3	<i>Το Επιδημικό Μοντέλο SIR</i>	49
4.2.3.1	<i>Επεκτάσεις του SIR Μοντέλου</i>	50
4.2.3.2	<i>Η Διήθηση (Percolation)</i>	51
4.2.4	<i>Το Επιδημικό Μοντέλο SIS</i>	52
4.2.5	<i>Το Μοντέλο των Παροδικών Επαφών</i>	52
4.2.5.1	<i>Ταυτοχρονισμός (Concurrency)</i>	53
4.3	<b>Γενετική Κληρονομία</b>	54
4.3.1	<i>Η Εύα του Μιτοχονδρίου (Mitochondrial Eve)</i>	54
4.3.2	<i>Γενετική Ερμηνεία</i>	55
	<b>Κεφάλαιο 5: Εφαρμογή Βιολογικού Δικτύου με το Εργαλείο Netlogo</b>	57
5.1	<b>Περιγραφή του Εργαλείου Netlogo</b>	58
5.1.1	<i>Περιβάλλον και Χρήση του Netlogo</i>	58
5.2	<b>Προσομοίωση Μετάδοσης του Ιού HIV με τη Χρήση του Netlogo</b>	59

<b>5.3 Εφαρμογή – Προσομοίωση</b> .....	60
<b>5.3.1 Ανάλυση του Κώδικα</b> .....	62
<b>5.3.2 Αποτελέσματα προσομοίωσης</b> .....	65
5.3.2.1 1 <sup>ο</sup> Σενάριο.....	66
5.3.2.2 2 <sup>ο</sup> Σενάριο.....	67
5.3.2.3 3 <sup>ο</sup> Σενάριο.....	68
<b>Κεφάλαιο 6: Συμπεράσματα</b> .....	71
<b>Βιβλιογραφία</b> .....	73
<b>Ευρετήρια</b> .....	77
<i>Ευρετήριο Γραφημάτων</i> .....	77
<i>Ευρετήριο Σχημάτων</i> .....	77
<i>Ευρετήριο Πινάκων</i> .....	78
<i>Ευρετήριο Εικόνων</i> .....	78
<i>Ευρετήριο Τύπων</i> .....	78
<b>Παράρτημα Ι</b> .....	81



## **Ευχαριστίες**

*Θα ήθελα να ευχαριστήσω θερμά την επιβλέπουσα καθηγήτρια μου κ. Μαργαρίτη Σπυριδούλα, για την αμέριστη και ουσιαστική βοήθεια που μου προσέφερε, την άψογη συνεργασία, τις πολύτιμες συμβουλές και την συνεχή καθοδήγηση της καθ' όλη την διάρκεια συγγραφής της παρούσας πτυχιακής εργασίας.*

*Επίσης, θα ήθελα να εκφράσω τις πιο θερμές μου ευχαριστίες στην οικογένεια μου, για την αμέριστη συμπαράσταση και συνεχή στήριξή τους καθ' όλη την διάρκεια φοίτησης μου στο ΤΕΙ.*

*Τέλος, θα ήθελα να ευχαριστήσω τους φίλους μου για την ανεκτίμητη βοήθειά τους κατά την εκπόνηση της εργασίας, καθώς και για κάθε τι που μοιραστήκαμε όλα αυτά τα χρόνια.*



## Περίληψη

Τα σύνθετα δίκτυα (complex networks) είναι ένας νέος τομέας της επιστημονικής έρευνας εμπνευσμένος από την εμπειρική μελέτη των δικτύων του πραγματικού κόσμου, όπως δίκτυα υπολογιστών, τα κοινωνικά δίκτυα και βιολογικά δίκτυα.

Τα περισσότερα κοινωνικά, βιολογικά και τεχνολογικά δίκτυα παρουσιάζουν χαρακτηριστικά μη περιοδικής σύνδεσης των μεταξύ τους στοιχείων. Αυτά τα δίκτυα μελετώνται περιγράφονται αναλυτικά σε αυτήν την εργασία. Δύο από τις πιο γνωστές αρχιτεκτονικές αυτών των δικτύων είναι τα δίκτυα ελεύθερης κλίμακας (free scale) και τα δίκτυα μικρού κόσμου (small world). Αυτά τα είδη δικτύων όπως και κάποια λιγότερο συνηθισμένα σύνθετα δίκτυα, για παράδειγμα τα εκθετικά μοντέλα δικτύων (exponential models) χαρακτηρίζονται από την αυθαίρετη δόμησή τους και την δυναμική αλληλεπίδραση μεταξύ των στοιχείων που τα απαρτίζουν.

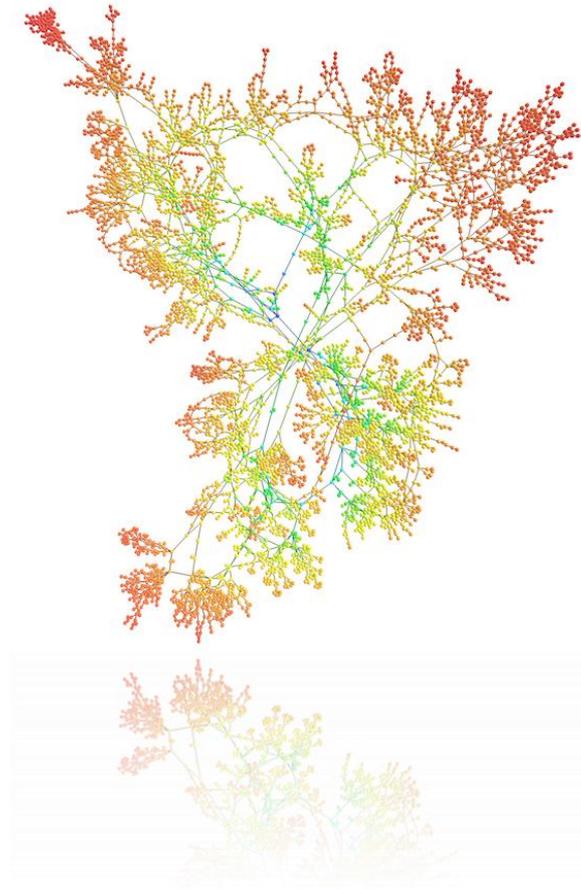
Η μελέτη των σύνθετων δικτύων (complex networks) έχει επεκταθεί σε πολλούς επιστημονικούς κλάδους συμπεριλαμβανομένων των μαθηματικών, της φυσικής, της βιολογίας, των τηλεπικοινωνιών, της πληροφορικής, της κοινωνιολογίας, της επιδημιολογίας και άλλων.

Τα πιο διαδεδομένα σύνθετα δίκτυα και η ανάλυσή τους που προέκυψε από την κοινωνική ψυχολογία, την κοινωνιολογία, τη στατιστική και τη θεωρία γραφημάτων, ως αποτέλεσμα είναι τα κοινωνικά δίκτυα (social networks). Η ανάλυση των κοινωνικών δικτύων είναι πλέον ένα από τα σημαντικότερα παραδείγματα της σύγχρονης κοινωνιολογίας, και είναι, επίσης, ένα χρησιμότερο εργαλείο της καθημερινότητας της κοινωνίας μας. Τα κοινωνικά δίκτυα μαζί με άλλα πολύπλοκα δίκτυα, αποτελεί λοιπόν μέρος της επιστήμης δικτύου.

Ένα επίσης σημαντικό είδος σύνθετου δικτύου είναι τα βιολογικά δίκτυα (biological networks), και ασχολούνται με την μαθηματική ανάλυση των συνδέσεων – διεπαφών που βρίσκονται σε οικολογικές, εξελικτικές και φυσιολογικές μελέτες, όπως τα νευρωνικά δίκτυα ή τα επιδημικά μοντέλα δικτύων. Η ανάλυση των βιολογικών δικτύων σε σχέση με τις ανθρώπινες ασθένειες έχει οδηγήσει την επιστήμη του δικτύου να επεκταθεί και να εξετάσει ιατρικά είδη δικτύων με σκοπό την βοήθεια κατανόησης και περεταίρω μελέτης αυτών.



## Κεφάλαιο 1: Εισαγωγή



Στην εργασία αυτή θα αναλυθεί δόμηση και εξέλιξη των σύνθετων δικτύων, μέσα από μία εκτενή αναφορά στη θεωρία των γράφων που τα περιγράφουν. Επίσης θα περιγραφούν τα βασικότερα είδη των σύνθετων δικτύων. Η δικτυακή δομή μπορεί να παρατηρηθεί σε όλες τις εκφάνσεις της ζωής. Για παράδειγμα, ο εγκέφαλος είναι ένα δίκτυο, από νευρικά κύτταρα συνδεδεμένα, όπου ακόμα και τα κύτταρα αυτά από μόνα τους συνθέτουν ένα δίκτυο που η δουλειά του είναι να κάνει βιοχημικές αντιδράσεις.

Οι κοινωνίες, είναι δίκτυα ανθρώπων στα οποία συνδέονται μέσω της φιλίας, των οικογενειακών σχέσεων και των επαγγελματικών δεσμών. Σε μεγαλύτερη κλίμακα, κατατάσσονται τα δίκτυα αυτά που ασχολούνται με διατροφικές αλυσίδες και οικοσυστήματα και μπορούν να παρουσιαστούν σαν δίκτυα ειδών. Τα δίκτυα επίσης είναι τεράστιο κομμάτι των επιστημών τεχνολογίας, το Διαδίκτυο, τα δυναμικά δίκτυα και τα συστήματα μεταφοράς δεν είναι παρά μόνο μερικά παραδείγματα. Ακόμα και η κάθε γλώσσα, που χρησιμοποιεί ο κάθε πολιτισμός – χώρα στον πλανήτη, για να μεταφερθούν οι σκέψεις μεταξύ των ανθρώπων με αποτέλεσμα την επικοινωνία, είναι ένα δίκτυο, φτιαγμένο από λέξεις συνδεδεμένες με συντακτικές σχέσεις.

Τα τελευταία χρόνια παρατηρείται ιδιαίτερη ανάπτυξη και ευρεία διάδοση εφαρμογών διαδικτυακής κοινωνικοποίησης στις οποίες συγκαταλέγονται προγράμματα στιγμιαίας ανταλλαγής μηνυμάτων καθώς και μέσα κοινωνικής δικτύωσης (π.χ. Facebook, Instagram, Twitter κ.α.), ιστολόγια (weblogs) κλπ. Όλα αυτά είναι είδη σύνθετων δικτύων, και το κύριο αίτιο πίσω από την ταχύτατη ανάπτυξη και δημοτικότητα αυτών των προγραμμάτων είναι η έμφυτη ανάγκη του ανθρώπου για κοινωνικοποίηση, η οποία μέσω του διαδικτύου βρίσκει νέους τρόπους έκφρασης. Η διάδοση εφαρμογών όπως οι παραπάνω, έχουν δώσει ώθηση για την δημιουργία ενός νέου είδους δικτύωσης, που καλείται κοινωνική δικτύωση και είναι ένα από τα πιο διαδεδομένα είδη των σύνθετων δικτύων (complex networks).

Η δομή αυτής της εργασίας έχει ακολούθως:

Στο δεύτερο κεφάλαιο παρουσιάζεται η Θεωρία των Γράφων στην οποία βασίζονται τα σύνθετα δίκτυα, είναι το βασικότερο θεωρητικό κομμάτι ως αναφορά την εφαρμογή της ανάλυσης των σύνθετων δικτύων καθώς διευκολύνει την απεικόνιση των δομών τους και την επίλυση πολλών άλλων πρακτικών προβλημάτων. Ένα χαρακτηριστικό παράδειγμα γράφου μπορεί να θεωρηθεί το Διαδίκτυο ή ο ανθρώπινος εγκέφαλος.

Στην πορεία της εργασίας και πιο συγκεκριμένα στο τρίτο κεφάλαιο αναλύονται τα κυριότερα μοντέλα σύνθετων δικτύων Erdős - Rényi, Watts - Strogatz, Barabási - Albert, με τα χαρακτηριστικά που τα διέπουν. Επίσης γίνεται αναφορά και σε λιγότερο συνηθισμένα είδη σύνθετων δικτύων.

Ένα άλλο είδος σύνθετων δικτύων που παρουσιάζεται στο τέταρτο κεφάλαιο της παρούσας εργασίας είναι αυτό των βιολογικών νευρωνικών δικτύων των ζώων

οργανισμών, καθώς επίσης τα δίκτυα των επιδημιών που εμφανίζονται μέσα τους. Στην ενότητα αυτή παρουσιάζονται τρία από τα βασικότερα είδη των βιολογικών δικτύων και γίνεται μία ομαλή αναφορά σε δίκτυα που βασίζονται στην κληρονομικότητα των ανθρώπων μέσα από το γενετικό υλικό (DNA) και των γενικότερων χαρακτηριστικών που φέρουν οι άνθρωποι από τους προγόνους τους. Ένα ακόμη μεγάλο κομμάτι της ενότητας αυτής καταλαμβάνει και η επιδημική δράση των πολύπλοκων δικτύων μέσα από την ευαισθησία που έχουν οι κόμβοι τους. Παρουσιάζονται παραδείγματα όπως μεταφορά υικών ασθενειών (αερομεταφερόμενων ή σεξουαλικών μεταδιδόμενων) ανάμεσα σε ανθρώπους, αλλά και υικών μορφωμάτων που μεταδίδονται μέσω διαδικτυακών σύνθετων δικτύων, κοινωνικά δίκτυα, από υπολογιστή σε υπολογιστή.

Στο πέμπτο κεφάλαιο της εργασίας γίνεται η παρουσίαση μίας εφαρμογής για την μετάδοση του ιού του AIDS, με την χρήση του εργαλείου Netlogo, σε ένα δείγμα χρηστών ενέσιμων παράνομων ουσιών. Σε αυτό το κεφάλαιο περιγράφονται τρία σενάρια μετάδοσης του ιού με διαφορετικές παραμέτρους και μελετάτε η διάρκεια μετάδοσης του συνδρόμου σύμφωνα με αυτές.

Με την εξαιρετικά υψηλή δημοτικότητα και τη ραγδαία ανάπτυξη των σύνθετων δικτύων δίνετε μια μοναδική ευκαιρία για την μελέτη των ιδιοτήτων και των δυνατοτήτων τους. Μια σε βάθος κατανόηση της δομής των σύνθετων δικτύων και η εξέλιξη της, μπορεί να οδηγήσει σε χρήσιμες πληροφορίες ώστε να αξιολογηθούν και να βελτιωθούν οι πλατφόρμες, τα εργαλεία και τα αποτελέσματα των ερευνών που γίνονται με βάση τα δίκτυα αυτά.



## Κεφάλαιο 2: Βασικές Έννοιες των Γράφων των Σύνθετων Δικτύων

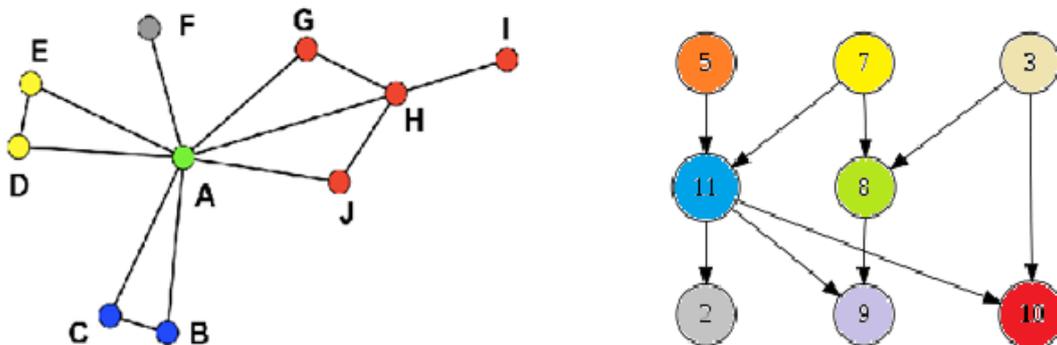


## 2.1 Βασικοί Ορισμοί

*Γράφος (Graph):* Ένα γράφημα είναι ένας τρόπος ώστε να καθορίζονται οι σχέσεις μεταξύ μίας συλλογής στοιχείων που αποτελείται από κόμβους (N) και ακμές (E). (D. Easley, J. Kleinberg 2010)

*Κόμβοι και Ακμές (Nodes and Edges):* Ένα γράφημα αποτελείται από ένα σύνολο αντικειμένων, που ονομάζονται κόμβοι. Ορισμένα ζεύγη από αυτά τα αντικείμενα συνδέονται με δεσμούς που ονομάζονται ακμές. (D. Easley, J. Kleinberg 2010)

Λαμβάνοντας υπόψη τα παραπάνω θα μπορούσαμε να παραθέσουμε ότι ένα σύνθετο δίκτυο (complex network) μπορεί να αναπαρασταθεί ως ένας γράφος. Ένας μη-κατευθυνόμενος γράφος, είναι ένας πλήρης γράφος αν όλοι οι κόμβοι συνδέονται μεταξύ τους ανά δύο. Έστω  $G = (V, E)$  αποτελείται από δύο σύνολα  $V$  και  $E$ , με  $V \neq \emptyset$  και  $E$  ένα σύνολο μη διατεταγμένων ζευγών των στοιχείων του  $V$ . Τα στοιχεία του  $V \equiv \{V_1, V_2, \dots, V_N\}$  είναι οι κόμβοι (ή κορυφές) του γραφήματος  $G$ , ενώ τα στοιχεία του  $E \equiv \{E_1, E_2, \dots, E_k\}$  είναι οι συνδέσεις τους (ή ακμές, ή γραμμές). Αυτό που αναφέρουμε λοιπόν είναι πως σε ένα γράφημα  $G(n, k) = (V, E)$ , είναι απαραίτητο να τονίζεται ο αριθμός των κόμβων, δηλαδή το μέγεθος, και οι σύνδεσμοι του γραφήματος.



**Γράφημα 2.1:** (α) μη κατευθυνόμενος γράφος (β) κατευθυνόμενος γράφος

*Μονοπάτι (Path):* Ένα μονοπάτι είναι μία ακολουθία από κόμβους που έχουν την ιδιότητα το κάθε διαδοχικό ζεύγος  $(V_i, V_{i+1})$  αποτελεί ακμή του γράφου. Δηλαδή το μονοπάτι δεν περιέχει μόνο τους κόμβους αλλά και την ακολουθία των ακμών που συνδέουν αυτούς τους κόμβους. (D. Easley, J. Kleinberg 2010)

Για παράδειγμα κάποια από τα μονοπάτια που μπορούμε να ακολουθήσουμε στο γράφημα 2.1 είναι τα εξής:

- A J H I
- E D A G H I
- C B A F

## ➤ I H G A B C A F

Στην τελευταία περίπτωση των παραπάνω μονοπατιών που παρατέθηκαν, δηλαδή στο μονοπάτι I H G A B C A F, παρατηρείτε πως ο κόμβος A επαναλαμβάνετε. Όμως στα περισσότερα μονοπάτια θεωρούμε πως δεν πρέπει να επαναλαμβάνονται οι κόμβοι. Αν θέλουμε να τονίσουμε λοιπόν ότι αυτό το **μη απλό μονοπάτι** να περνάει ξανά από τον κόμβο A, μπορούμε να αναφερθούμε σε αυτό, παρουσιάζοντάς το ως μια μη απλή διαδρομή και όχι μονοπάτι.

Ένα ιδιαίτερα σημαντικό είδος μη απλής διαδρομή είναι ένας κύκλος (cycle), ο οποία ανεπίσημα είναι ένας «δακτύλιος», όπως η ακολουθία των κόμβων (nodes) A G H J A στο γράφημα 2.1. Ο κύκλος είναι μια διαδρομή με τρία τουλάχιστον άκρα (edges), στην οποία ο πρώτος και ο τελευταίος κόμβος είναι ίδιος, αλλά κατά τα άλλα όλοι οι κόμβοι είναι διαφορετικοί. (D. Easley, J. Kleinberg 2010)

Γενικότερα, οι κύκλοι στα δίκτυα επικοινωνιών παρέχουν εναλλακτικές διαδρομές που 'οδηγούν' σε όλη την διαδρομή του κύκλου. Για παράδειγμα σε ένα κοινωνικό δίκτυο, στις 'φιλίες' μεταξύ των χρηστών παρατηρούνται κύκλοι. Φανταστείτε πως η διαδρομή κύκλου A G H J A του γραφήματος 2.2 αναπαριστά μία μικρογραφία ενός κοινωνικού δικτύου και πως ο χρήστης στον κόμβο A δεν γνωρίζει τον χρήστη στον κόμβο H παρόλο που ανήκουν στον ίδιο κύκλο και έχουν άλλους κοινούς φίλους ενώ εκείνοι δεν γνωρίζονται καθόλου. Υπάρχουν εκατομμύρια τέτοια παραδείγματα στην καθημερινή μας ζωή που όταν τα παρατηρούμε μας ξαφνιάζουν, όπως ότι ο χρήστης A του γράφου θα μπορούσε να είναι στενός φίλος του αδελφού του χρήστη G που γνωρίζει τον χρήστη H από το γυμναστήριο. Αυτός είναι ένας κύκλος (cycle) μέσα σε ένα κοινωνικό δίκτυο που αποτελείτε από τον A, τον στενό φίλο του, αδερφό του χρήστη G, τον H που ξέρει τον G από το γυμναστήριο, και τελικά ο κύκλος καταλήγει πίσω στον χρήστη A.

Μερικοί ακόμα ορισμοί αφορούν τους:

- *Περίπατος (Walks)*: Είναι μια ακολουθία κόμβων και ακμών που αρχίζει και τελειώνει με κόμβους. Μπορεί να χρησιμοποιηθεί ο ίδιος κόμβος πολλές φορές και η ίδια ακμή πολλές φορές.
- *Κλειστός Περίπατος (Closed Walks)*: Είναι ένας περίπατος που αρχίζει και τελειώνει με τον ίδιο κόμβο.
- *Μήκος Περιπάτου*: Είναι ο αριθμός των ακμών που παρεμβάλλονται μεταξύ του κόμβου αρχής και τέλους του περιπάτου.
- *Ίχνος (Trail)*: Είναι ο περίπατος μεταξύ δύο κόμβων όπου καμιά ακμή δεν επαναλαμβάνεται.
- *Μήκος Ίχνους*: Είναι ο αριθμός των ακμών σε ένα ίχνος.
- *Κλειστό Ίχνος*: Ίχνος όπου ο πρώτος και ο τελευταίος κόμβος είναι ίδιοι.

*Η πυκνότητα (Density)* σε ένα δυαδικό (χωρίς βάρη) δίκτυο δείχνει την αναλογία από τις πιθανές ακμές προς τις πραγματικές ακμές. Σε ένα γράφο με βάρη, η πυκνότητα ορίζεται από το άθροισμα των βαρών των ακμών προς τον αριθμό των πιθανών

ακμών. Η πυκνότητα του δικτύου μπορεί να εξηγήσει φαινόμενα, όπως η ταχύτητα με την οποία διαχέονται πληροφορίες μεταξύ των κόμβων.

Η απόσταση (*Distance*) δείχνει την 'δύναμη' - επιρροή που μπορεί να έχει ένας κόμβος σε έναν άλλο. Αν δύο κόμβοι είναι γειτονικοί τότε η απόσταση είναι ένα. Αν μεταξύ τους παρεμβάλλεται και άλλος ένας κόμβος τότε η απόσταση είναι δύο κ.ο.κ. Όσο πιο μικρή είναι η απόσταση μεταξύ δύο κόμβων, τόσο μεγαλύτερη επίρεια έχουν οι κόμβοι μεταξύ τους. Όταν η απόσταση ανάμεσα στους κόμβους είναι μεγάλη τότε ο χρόνος διάδοσης της πληροφορίας είναι μεγάλος. Οι κόμβοι που βρίσκονται κοντά σε πολλούς κόμβους μπορούν να επιβληθούν περισσότερο. Η απόσταση μεταξύ των κόμβων χαρακτηρίζεται από το μονοπάτι.

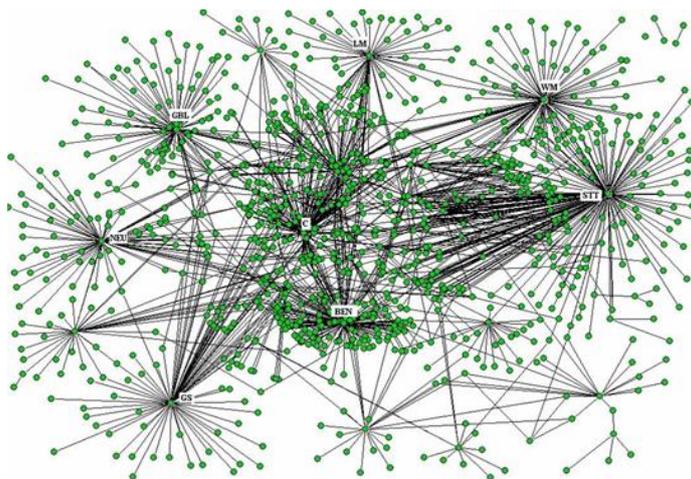
*Κατευθυνόμενος Γράφος (directed graph)* αν κάθε μία από τις ακμές του είναι προσανατολισμένη προς μία κατεύθυνση.

*Μη Κατευθυνόμενος Γράφος (undirected graph)* αν οι ακμές του δεν είναι προσανατολισμένες.

### **2.1.1 Βεβαρημένοι Γράφοι σε σχέση με τις Λίστες και τους Πινάκες Γειτνίασης**

*Βεβαρημένα Γραφήματα (Weighted Graphs)*: Σε πολλές εφαρμογές, κάθε άκρο ενός γραφήματος έχει μία συσχετισμένη αριθμητική αξία, που ονομάζεται βάρος και συνήθως οι ακμές του είναι μη αρνητικοί ακέραιοι αριθμοί.

Βεβαρημένα γραφήματα μπορεί να είναι είτε κατευθυνόμενα ή μη κατευθυνόμενα καθώς επίσης και το βάρος μιας ακμής συχνά αναφέρεται ως το "κόστος" της ακμής αυτής [1].



**Γράφημα 2.2:** Αναπαράσταση βεβαρημένου γράφου

Αξίζει να σημειώσουμε ότι με μια μικρή τροποποίηση του καταλόγου και του πίνακα γειτνίασης, οι συγκεκριμένες μέθοδοι μπορούν να χρησιμοποιηθούν και για την

αναπαράσταση εμβάρων γράφων. Το βάρος  $w(u, v)$  της ακμής  $(u, v) \in E$  μπορεί απλώς να αποθηκευτεί μαζί με τον κόμβο  $v$  στον κατάλογο γειτνίασης του  $u$ .

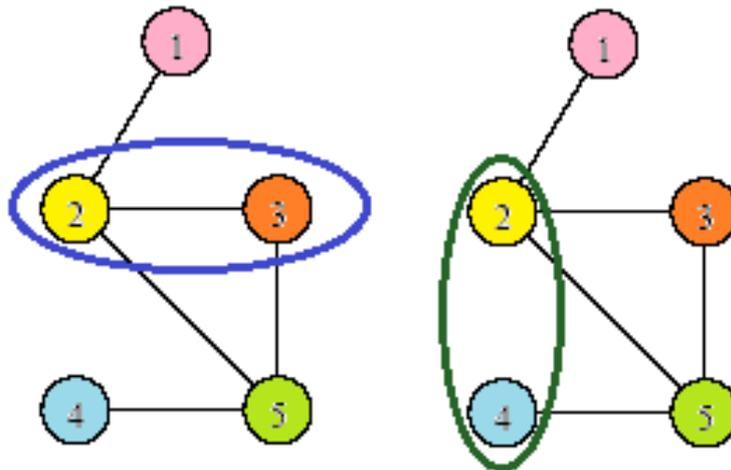
## 2.2 Αναπαράσταση Γράφων

Υπάρχουν δύο καθιερωμένοι τρόποι αναπαράστασης ενός γράφου  $G = (V, E)$

- ✓ υπό την μορφή μιας συλλογής από λίστες γειτνίασης και
- ✓ υπό τη μορφή ενός πίνακα γειτνίασης.

Αμφότερες οι αναπαραστάσεις μπορούν να εφαρμοστούν τόσο σε κατευθυνόμενους όσο και σε μη κατευθυνόμενους γράφους.

*Γειτονικά σημεία (Adjacent):* Όταν δύο κόμβοι - κορυφές συνδέονται με μια ακμή ονομάζονται ότι είναι γειτονικά σημεία [2].



**Γράφημα 2.3** (α) Γειτονικά σημεία (β) Μη Γειτονικά σημεία

*Πίνακας Γειτνίασης (Adjacency Matrix):* Ο πίνακας γειτνίασης ενός απλού επισημασμένου γραφήματος είναι ένας πίνακας με σειρές και στήλες όπου επισημαίνονται οι κορυφές της γραφικής παράστασης που θέλουμε να αναλύσουμε. Η ανάλυση του γραφήματος στον πίνακα αναπαριστάται με την χρήση των 0 ή 1 στις θέσεις  $(i, j)$  ανάλογα με το αν  $i$  και  $j$  είναι γειτονικές ή όχι. Για ένα απλό γράφημα χωρίς επαναλαμβανόμενες κορυφές, ο πίνακας γειτνίασης πρέπει να έχει μόνο 0 στη κύρια διαγώνιο [3].

Επιπλέον ο πίνακας γειτνίασης για ένα μη-κατευθυνόμενο γράφημα, είναι συμμετρικός.

$$A = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

*Πίνακας 2.1: Απεικόνιση του πίνακα Γειτνίασης για τα γραφήματα 2.3*

Ο Πίνακας Γειτνίασης 2.1 απεικονίζει την ακολουθία του μη-κατευθυνόμενου γραφήματος 2.3, όπου A (πίνακας) αντιστοιχεί σε:

Πρώτη γραμμή

- ‘0’ ο πρώτος κόμβος δεν συναντά τον εαυτό του.
- ‘1’ ο πρώτος κόμβος είναι γειτονικός με τον δεύτερο.
- Τα υπόλοιπα τρία ‘0’ τις πρώτης γραμμής παρουσιάζουν ότι ο πρώτος κόμβος δεν είναι γειτονικός με κανέναν άλλο κόμβο.

Δεύτερη γραμμή

- ‘1’ ο δεύτερος κόμβος είναι γειτονικός με τον πρώτο.
- ‘0’ ο δεύτερος κόμβος δεν συναντά τον εαυτό του.
- ‘1’ ο δεύτερος κόμβος είναι γειτονικός με τον τρίτο.
- ‘0’ ο δεύτερος κόμβος δεν είναι γειτονικός με τον τέταρτο.
- ‘1’ ο δεύτερος κόμβος είναι γειτονικός με τον πέμπτο.

Τρίτη γραμμή

- ‘0’ ο τρίτος κόμβος είναι γειτονικός με τον πρώτο.
- ‘1’ ο τρίτος κόμβος
- Ο τρίτος κόμβος ‘0’ δεν συναντά τον εαυτό του και τέταρτος κόμβος ‘0’ δεν είναι γειτονικός με τον τρίτο.
- ‘1’ ο τρίτος κόμβος είναι γειτονικός με τον πέμπτο.

Τέταρτη γραμμή

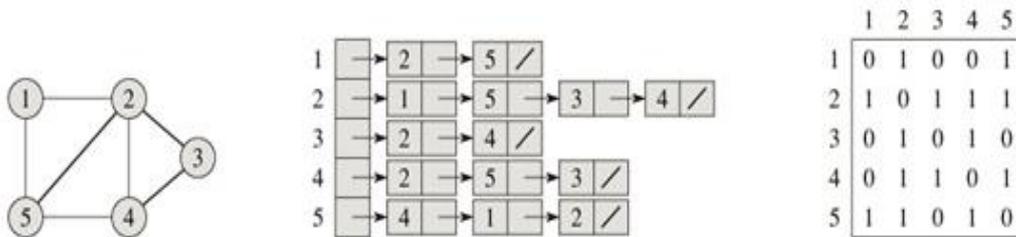
- Οι πρώτοι τρεις κόμβοι ‘0’ δεν είναι γειτονικοί με τον τέταρτο κόμβο καθώς και ο τέταρτος δεν συναντά τον εαυτό του.
- ‘1’ ο τέταρτος κόμβος είναι γειτονικός με τον πέμπτο.

Πέμπτη γραμμή

- ‘0’ ο πέμπτος κόμβος δεν είναι γειτονικός με τον πρώτο.
- Ο δεύτερος, τρίτος και τέταρτος κόμβος ‘1’ είναι γειτονικοί με τον πέμπτο.
- ‘0’ ο πέμπτος κόμβος δεν συναντά τον εαυτό του.

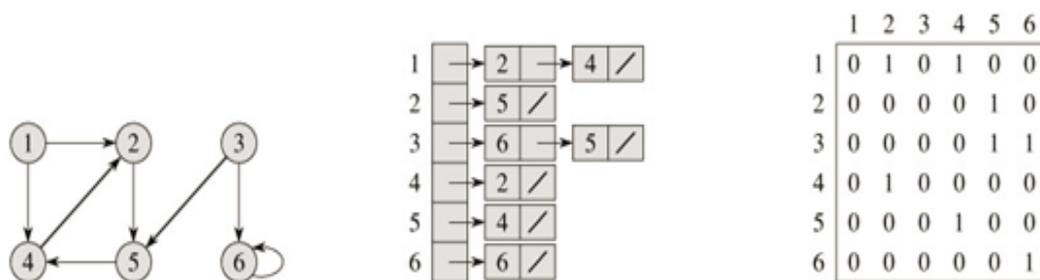
Συνοψίζοντας τα όσα αφορούν την αναπαράσταση ενός γράφου  $G=(V, E)$  μέσω του πίνακα γειτνίασης (adjacency matrix) υποθέτουμε ότι οι κόμβοι είναι αριθμημένοι από το 1 έως το  $|V|$  κατά αυθαίρετο τρόπο. Στην περίπτωση αυτή, η αναπαράσταση ενός γράφου  $G$  μέσω πίνακα γειτνίασης συνίσταται σε έναν  $|V| \times |V|$  πίνακα  $A = (a_{ij})$  με στοιχεία

$$A_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{εάν } a_{ij} \in E \text{ και } 0, \text{ διαφορετικά} \end{cases}$$



**Σχήμα 2.1:** (α) Μη κατευθυνόμενος γράφος, (β) Κατάλογος γειτνίασης, (γ) Πίνακας γειτνίασης

**Λίστες Γειτνίασης (Adjacency List):** Η αναπαράσταση μέσω καταλόγων γειτνίασης ενός γράφου  $G=(V,E)$  συνίσταται σε μια συστοιχία Adj από  $|V|$  καταλόγους, έναν για κάθε κόμβο του  $V$ . Για κάθε  $u \in V$  ο κατάλογος γειτνίασης Adj[u] περιέχει όλους τους κόμβους  $v$  για τους οποίους υπάρχει ακμή  $(u, v) \in E$ . Δηλαδή, ο Adj[u] αποτελείται από όλους τους κόμβους που γειτνιάζουν με τον  $u$  στο  $G$ . Η διάταξη των κόμβων σε κάθε κατάλογο γειτνίασης είναι κατά κανόνα αυθαίρετη. Στο σχήμα 2.1 φαίνεται η αναπαράσταση ενός μη κατευθυνόμενου γράφου μέσω καταλόγων γειτνίασης ενώ στο σχήμα 2.2 φαίνεται η αναπαράσταση ενός κατευθυνόμενου γράφου μέσω των καταλόγων γειτνίασης. (Σ. Μπέης, 2013)



**Σχήμα 2.2:** (α) Κατευθυνόμενος γράφος, (β) Κατάλογος Γειτνίασης, (γ) Πίνακας γειτνίασης

### 2.3 Διαγνωστικά Δικτύου (Network Diagnostics) μέσα από Διαγνωστικά Βαθμών (Degree Diagnostics) και της Κατανομής Βαθμών (Degree Distribution)

Εάν είναι γνωστός ο τύπος των άκρων του γράφου, μπορούμε να υπολογίσουμε μία ποικιλία χρήσιμων ποσοτήτων που περιγράφουν τα ιδιαίτερα χαρακτηριστικά του δικτύου.

#### 2.3.1 Degree Diagnostics για Μη-κατευθυνόμενα Δίκτυα

Η έννοια της *κεντρικότητας* (*centrality*) χρησιμοποιείται για να καταλάβουμε ποιιοι κόμβοι του γράφου ενός δικτύου είναι σημαντικότεροι (M. E. J. Newman, 2010). Υπάρχουν πολλοί δυνατοί τρόποι για να ορίσουμε τη σημασία, αλλά το απλούστερο μέτρο της κεντρικότητας σε ένα δίκτυο είναι να παρατηρήσουμε τον αριθμό των ακμών που συνδέονται με κάθε κορυφή - κόμβο και αναφέρεται ως ο βαθμός κεντρικότητας (*degree centrality*).

Ο *βαθμός* (*degree*) ενός κόμβου σε ένα μη-κατευθυνόμενο γράφο είναι ο αριθμός των ακμών που συνδέονται με αυτόν.

*Βαθμός κόμβου* (*node degree*): Ο βαθμός για έναν κόμβο  $i$ , σε ένα μη-κατευθυνόμενο γράφο που αποτελείται από  $n$  κόμβους, συμβολίζεται με  $k_i$  και μπορεί να γραφτεί σε όρους του πίνακα γειτνίασης ως

$$k_i = \sum_{j=1}^n A_{ij}$$

**Τύπος 2.1:** Βαθμός κόμβου (*node degree*)

δηλαδή το άθροισμα της σειράς  $i^{\text{th}}$  του πίνακα γειτνίασης.

*Μέσος Βαθμός* (*mean degree*): Ο μέσος βαθμός του γράφου σε ένα μη-κατευθυνόμενο γράφο είναι

$$c = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n k_i$$

**Τύπος 2.2:** Μέσος Βαθμός (*mean degree*) μη-κατευθυνόμενου γράφου

Αυτός ο τύπος για το μέσο βαθμό μπορεί να είναι μια πιο απλή έκδοση, γραμμένη από την άποψη του συνολικού αριθμού των ακμών στο μη-κατευθυνόμενο δίκτυο. Με την χρήση του τύπου 2.1, μπορούμε να ξαναγράψουμε το διπλό ποσό του τύπου του συνολικού αριθμού των ακμών τύπος 2.3 για ένα μη-κατευθυνόμενο δίκτυο

$$m = \frac{1}{2} \sum_{ij} A_{ij}$$

**Τύπος 2.3:** Συνολικός αριθμός Ακμών (Edges) σε μη-κατευθυνόμενο Γράφο  
έτσι ώστε να γίνει

$$m = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n k_i$$

**Τύπος 2.4:** Απλοποιημένος Συνολικός αριθμός Ακμών (Edges) σε μη-κατευθυνόμενο Γράφο

και να αποδίδει

$$c = \frac{2m}{n}$$

**Τύπος 2.5:** Απλοποιημένος Μέσος Βαθμός (Mean Degree) μη-κατευθυνόμενου γράφου

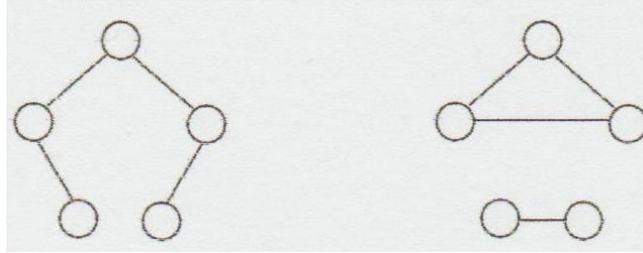
**Κατανομή Βαθμών (Degree Distribution):** Η κατανομή βαθμών των κόμβων είναι μία από τις πιο βασικές ιδιότητες του γράφου. Το κλάσμα των κόμβων του δικτύου που έχουν βαθμό  $k$  συμβολίζεται με  $p_k$  και δίνεται από

$$p_k = \frac{\text{number of nodes with degree } k}{n}$$

**Τύπος 2.6:** Κατανομή Βαθμών (Degree Distribution)

Το σύνολο αυτών των ποσοτήτων  $\{p_k\}$ , δίνει την κατανομή βαθμών, ώστε να σχεδιαστεί η κατανομή βαθμών ενός μεγάλου δικτύου ως συνάρτηση του  $k$ .

Σύμφωνα λοιπόν με τα παραπάνω, η κατανομή βαθμών δεν μας λέει την πλήρη δομή του δικτύου. Για παράδειγμα, οι δύο γράφοι στο γράφημα 2.4 έχουν την ίδια κατανομή βαθμών, αλλά είναι εντελώς διαφορετικοί.



**Γράφημα 2.4 :** Διαφορετικοί γράφοι με ίδια Κατανομή Βαθμών

### 2.3.2 Degree Diagnostics για Κατευθυνόμενους Γράφους

Σε ένα κατευθυνόμενο γράφο ενός δικτύου, μία κορυφή - κόμβος συνδέεται με δύο τύπους του βαθμού, τον έσω-βαθμό (in-degree) και τον έξω-βαθμό (out-degree).

*Έσω-Βαθμός Κόμβου (in-degree node):* Ο in-degree ενός κόμβου είναι ο αριθμός των εισερχόμενων ακμών που συνδέονται με έναν κόμβο.

Γι αυτό το λόγο ένα στοιχείο του κατευθυνόμενου πίνακα γειτνίασης,  $A_{ij}$ , είναι 1 αν υπάρχει μια ακμή από  $j$  σε  $i$ , ο in-degree μπορεί να γραφτεί ως

$$k_i^{\text{in}} = \sum_{j=1}^n A_{ij}$$

**Τύπος 2.7:** Έσω-Βαθμός Κόμβου (in-degree node)

*Έξω-Βαθμός Κόμβου (out-degree node):* Ο out-degree ενός κόμβου είναι ο αριθμός των εξερχόμενων ακμών από έναν κόμβο ο οποίος μπορεί να γραφτεί ως

$$k_j^{\text{out}} = \sum_{i=1}^n A_{ij}$$

**Τύπος 2.8:** Έξω-Βαθμός Κόμβου (out-degree node)

*Μέσος Βαθμός (mean degree):* Ο μέσος βαθμός του in-degree και out-degree και δίνονται από

$$c_{\text{in}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n k_i^{\text{in}} \quad \text{και} \quad c_{\text{out}} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n k_j^{\text{out}}$$

**Τύπος 2.9:** Μέσος έσω και έξω Βαθμός (mean in and out degree)

αντίστοιχα. Ωστόσο, υποκαθιστώντας τους τύπους (2.8), (2,9) και τον τύπο (2.10) που εκφράζει έναν κατευθυνόμενο γράφο χωρίς self-edges,

$$m = \sum_{ij} A_{ij}$$

**Τύπος 2.10:** Αριθμός Ακμών (Edges) σε κατευθυνόμενο Γράφο

μπορεί να διαπιστωθεί ότι  $c_{in} = c_{out}$ , και ότι ο μέσος βαθμός (mean degree) μπορεί να γραφτεί ως

$$c = \frac{m}{n}$$

**Τύπος 2.11:** Μέσος Βαθμός (Mean Degree) κατευθυνόμενου Γράφου

Όπου  $c = c_{in} = c_{out}$ .

*Κατανομή Βαθμών (Degree Distribution των μη-κατευθυνόμενων γράφων):* Αφού υπάρχουν λοιπόν δύο διαφορετικοί βαθμοί που συνδέονται με κάθε κόμβο σε ένα κατευθυνόμενο γράφο, υπάρχουν αντίστοιχα και δύο διαφορετικές κατανομές βαθμών, οι κατανομές in-degree και out-degree. Η μέθοδος για την κατασκευή αυτών κατανομών είναι η ίδια όπως παρουσιάστηκε και παραπάνω στους μη-κατευθυνόμενους γράφους. Η in-degree κατανομή βαθμών αντιπροσωπεύεται από το σύνολο  $\{p_k\}$ , όπου  $p_k^{in}$  είναι η αναλογία των κόμβων με in-degrees  $k^{in}$ . Με τον ίδιο τρόπο εμφανίζεται και η out-degree κατανομή βαθμών που δείχνει την εξάπλωση των out-degrees των κόμβων του γράφου.

Η πραγματική κατανομή βαθμών ενός κατευθυνόμενου γράφου ενός δικτύου θα μπορούσε να θεωρηθεί ως μία κοινή κατανομή των in-degrees και των out-degrees. (M. E. J. Newman, 2010)

## 2.4 Συντομότερα Μήκη Διαδρομής, Διαμέτρου και Ενδιάμεσου Χώρου

### 2.4.1 Συντομότερες Διαδρομές (Shortest Paths)

Τα συντομότερα μονοπάτια παίζουν ένα σημαντικό ρόλο στη μεταφορά και την επικοινωνία μέσα σε ένα γράφο. Για παράδειγμα ας υποθέσουμε ότι κάποιος πρέπει να στείλει ένα πακέτο δεδομένων από έναν υπολογιστή σε έναν άλλο μέσω του Διαδικτύου: γεωδαιτικά παρέχεται ένας βέλτιστος τρόπος διαδρομής, αφού επιτυγχάνεται μια γρήγορη μεταφορά και εξοικονομούνται πόροι από το σύστημα (R. Pastor-Satorras, A. Vespignani, 2004). Για αυτόν το λόγο, τα συντομότερα μονοπάτια παίζουν τόσο σημαντικό ρόλο στον χαρακτηρισμό της εσωτερικής δομής του γραφήματος (S. Wasserman, K. Faust, 1994). Είναι χρήσιμο να παρουσιάζονται όλα

τα μήκη των συντομότερων διαδρομών ενός γραφήματος  $G$  έτσι ώστε σε έναν πίνακα  $A$  στον οποίον η είσοδος  $a_{ij}$  είναι το μήκος της από τον κόμβο  $i$  στον κόμβο  $j$ . Η μέγιστη τιμή του  $a_{ij}$  ονομάζεται *διάμετρος του γραφήματος*.

Ένας τυπικός διαχωρισμός μεταξύ δύο κόμβων στο γράφημα δίνεται από το μέσο μήκος της συντομότερης διαδρομής (average shortest path length), γνωστή ως χαρακτηριστικό μήκος διαδρομής (characteristic path length), που ορίζεται ως ο μέσος όρος των γεωδαιτικών μηκών πάνω όλα τα ζευγάρια των κόμβων (D.J. Watts, 1999):

$$L = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i,j \in \mathcal{N}, i \neq j} d_{ij}$$

**Τύπος 2.12:** Μέσος όρος των γεωδαιτικών μηκών των κόμβων (average shortest path length)

#### 2.4.2 Κόμβος Ενδιάμεσου Χώρου (Betweenness Node)

Η επικοινωνία δύο μη γειτονικών κόμβων, εξαρτάται από τους υπόλοιπους κόμβους που ανήκουν στο εκάστοτε μονοπάτι και τους συνδέουν. Κατά συνέπεια, ένας τρόπος ώστε να υπάρξει επικοινωνία, ενός δεδομένου κόμβου με έναν μη γειτονικό του, είναι να ληφθεί μέσω της μέτρησης του γεωδαιτικού αριθμού, λεγόμενος και ως *κόμβος ενδιάμεσου χώρου (betweenness node)*.

Ακριβέστερα, κόμβος ενδιάμεσου χώρου (betweenness node)  $b_i$  ενός κόμβου  $i$ , που μερικές φορές αναφέρεται επίσης ως φορτίο, ορίζεται ως:

$$b_i = \sum_{j,k \in \mathcal{N}, j \neq k} \frac{n_{jk}(i)}{n_{jk}}$$

**Τύπος 2.13:** Ενδιάμεσος Χώρος (Betweenness)

όπου  $n_{jk}$  είναι ο αριθμός των διαδρομών που συνδέουν γρηγορότερα τα  $j$  και  $k$ , ενώ  $n_{jk}(i)$  είναι ο αριθμός των διαδρομών που συνδέουν συντομότερα  $j$  και  $k$  και περνώντας μέσα από  $i$ . (R.K. Ahuja, T.L. Magnati, 1993)

Η έννοια της betweenness μπορεί να επεκταθεί και στα άκρα. Η άκρη του ενδιάμεσου χώρου (edge betweenness) ορίζεται ως ο αριθμός των συντομότερων μονοπατιών μεταξύ των ζευγών των κόμβων που τρέχουν μέσω αυτού του άκρου. (P. Crucitti, V. Latora, 2004)

## 2.5 Ομαδοποίηση (Clustering)

Η ομαδοποίηση, γνωστή και ως μεταβατικότητα (transitivity), είναι μια τυπική ιδιότητα των δικτύων γνωριμίας, σε δίκτυα δηλαδή που δύο άτομα με ένα κοινό φίλο είναι πιθανό να γνωρίζονται μεταξύ τους. (S. Wasserman, K. Faust, 1994)

Αυτό μπορεί να ποσοτικοποιηθεί με τον καθορισμό της μεταβατικότητας  $T$  ενός γράφου ως ένας σχετικός αριθμός τριπλετών, δηλαδή το κλάσμα των τριών συνδεδεμένων κόμβων (triads), τα οποία σχηματίζουν τρίγωνο (M.E.J. Newman, 2003):

$$T = \frac{3 \times \# \text{ of triangles in } G}{\# \text{ of connected triples of vertices in } G}$$

**Τύπος 2.14:** Μεταβατικότητα (Transitivity)

Ο παράγοντας 3 στον αριθμητή αντισταθμίζει το γεγονός ότι κάθε τρίγωνο που απαρτίζεται από τρεις κόμβους συμβάλλει τρεις φορές, δηλαδή οι συνδεδεμένες τριάδες, και εξασφαλίζει ότι  $0 \leq T \leq 1$ , με  $T = 1$  για  $K_N$ . Μια εναλλακτική δυνατότητα είναι να χρησιμοποιηθεί ο συντελεστής ομαδοποίησης  $C$  του γράφου, και ορίζεται ως μία  $c_i$  ποσότητα (ο τοπικός συντελεστής ομαδοποίησης των κόμβων  $i$ ) που εισάγεται για πρώτη φορά, εκφράζοντας την πιθανότητα να ισχύει  $a_{jm} = 1$  για δύο γείτονες  $j$  και  $m$  του κόμβου  $i$ . Ο τοπικός συντελεστής ομαδοποίησης ορίζεται ως ο λόγος μεταξύ  $e_i$  (αριθμός άκρων) και  $k_i(k_i - 1) / 2$ , (ο μέγιστος δυνατός αριθμός των ακμών) σε ένα γράφο (D.J. Watts, 1999):

$$c_i = \frac{2e_i}{k_i(k_i - 1)} = \frac{\sum_{j,m} a_{ij} a_{jm} a_{mi}}{k_i(k_i - 1)}$$

**Τύπος 2.15:** Τοπικός Συντελεστής Ομαδοποίησης

Ο συντελεστής ομαδοποίησης του γραφήματος δίνεται τότε από το μέσο όρο της  $c_i$  πάνω από όλους τους κόμβους του γράφου:

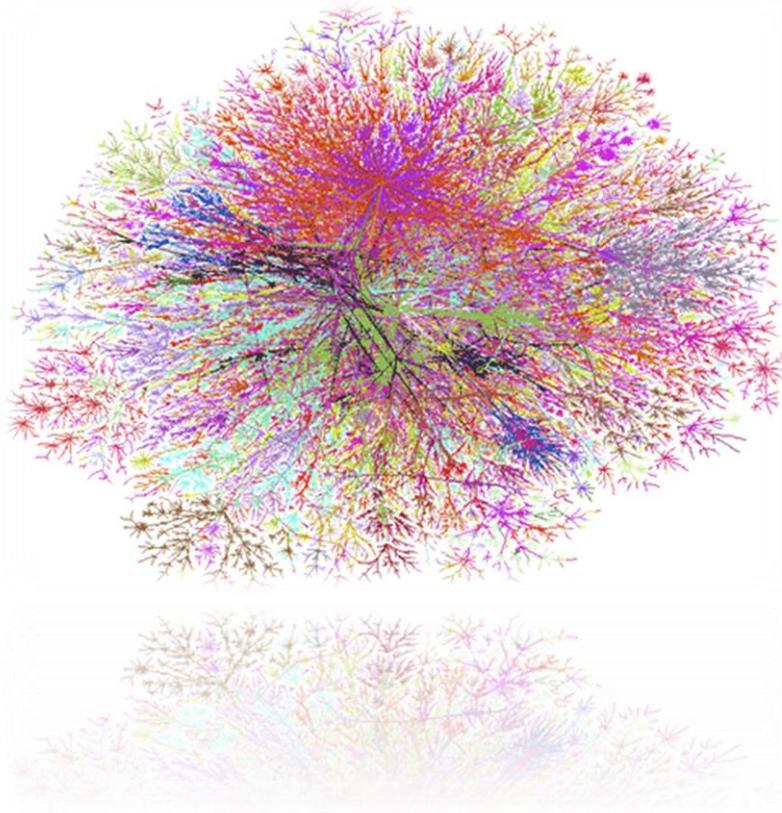
$$C = \langle c \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i \in \mathcal{N}} c_i$$

**Τύπος 2.16:** Ο Μέσος Όρος Τοπικού Συντελεστή Ομαδοποίησης

Εξ ορισμού,  $0 \leq c_i \leq 1$  και  $0 \leq C \leq 1$ .



### Κεφάλαιο 3: Μοντέλα Σύνθετων Δικτύων



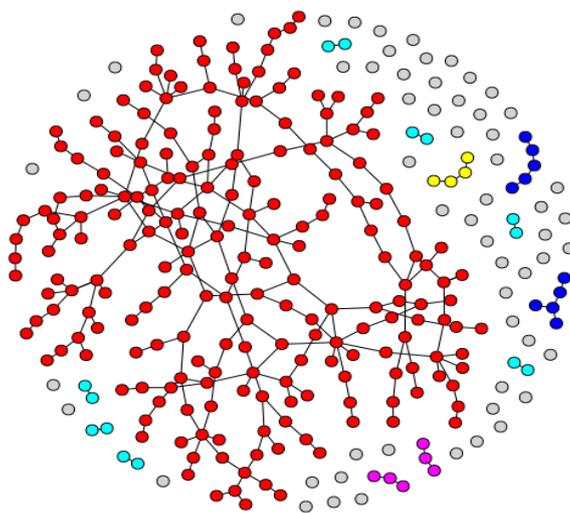
### 3.1 Μοντέλα σύνθετων δικτύων

Η μοντελοποίηση των σύνθετων δικτύων βοηθά στην καλύτερη κατανόησή τους και δίνει την δυνατότητα της προσομοίωσης και ανάλυσής τους, καθώς και της πρόβλεψης της συμπεριφοράς διεργασιών που πραγματοποιούνται σε αυτά, όπως η διάχυση ή η ανάκτηση πληροφορίας.

#### 3.1.1 Το μοντέλο Erdős - Rényi

Το μοντέλο των Erdős και Rényi είναι ένα από τα πρώτα μοντέλα δικτύων και αναπαριστά τον τυχαίο γράφο (Random Graph). Το μοντέλο του τυχαίου γράφου χαρακτηρίζεται από τον αριθμό των κορυφών και την πιθανότητα σύνδεσης δύο τυχαία επιλεγμένων κορυφών.

Κάθε ένα από τα ζεύγη κορυφών συνδέονται, με ίση πιθανότητα μεταξύ τους, ανεξάρτητα από τα άλλα ζεύγη. Το μοντέλο Erdős - Rényi έγινε αποδεκτό, διότι οι ιδιότητές του διευκολύνουν τη μοντελοποίηση δικτύων. Οι τυχαίοι γράφοι δεν αντανακλούν τη δομή των πραγματικών δικτύων (real networks) μεγάλης κλίμακας λόγω του ότι οι βαθμοί των κορυφών των τυχαίων γράφων ακολουθούν την κατανομή Poisson (αντί της κατανομής power-law – η οποία είναι μια λειτουργική σχέση μεταξύ δύο ποσοτήτων), και έτσι να μην αντανακλούν το φαινόμενο ομαδοποίησης (clustering), με αποτέλεσμα το μοντέλο αυτό να είναι ακατάλληλο για σύγχρονες μελέτες (P. Erdős, A. Rényi, 1959).



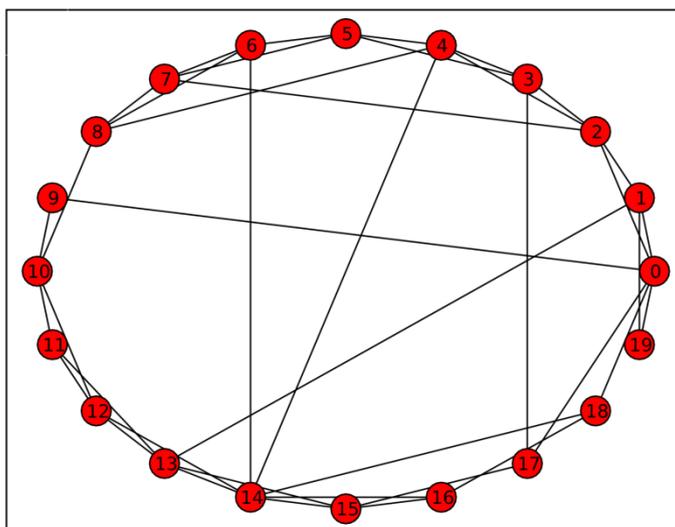
*Γράφημα 3.1:* Μοντέλο Erdős–Rényi

#### 3.1.2 Το μοντέλο Watts - Strogatz

Το μοντέλο Watts - Strogatz είναι ένα μοντέλο τυχαίου γράφου που παράγει γραφήματα με την ιδιότητα του μικρού κόσμου (small-world), δηλαδή μικρό μέσο

μήκος διαδρομής (shortest path length) και τον υψηλό συντελεστή ομαδοποίησης (clustering distribution).

Οι Watts - Strogatz δημιούργησαν μία κατηγορία γράφων που προκύπτουν από παρεμβολή (interpolation) μεταξύ ενός κανονικού πλέγματος (regular lattice) με υψηλό συντελεστή ομαδοποίησης, και ενός τυχαίου γράφου (random graph) με την ιδιότητα του μικρού κόσμου (small world). Οι γράφοι αυτοί αρχίζουν από ένα πλέγμα δακτυλίων (ring lattice) στο οποίο κάθε ακμή έχει βαθμό  $k$  και με πιθανότητα  $p$  κάθε ακμή επανατοποθετείτε. Με αυτόν τον τρόπο, οι μικρές τιμές των πιθανοτήτων  $p$  αρκούν για να μειωθούν σημαντικά τα μήκη των συντομότερων μονοπατιών (shortest path length) μεταξύ των ακμών, ενώ ο συντελεστής ομαδοποίησης παραμένει υψηλός (D. Watt, S. Strogatz, 1998).



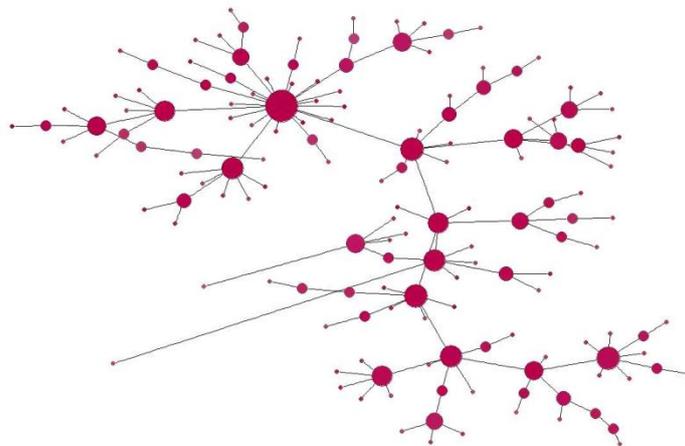
*Γράφημα3.2: Το μοντέλο Watts-Strogatz*

### **3.1.3 Το μοντέλο Barabási - Albert**

Το πιο δημοφιλές μοντέλο με κατανομή βαθμών (degree distribution) των ακμών που βασίζεται σε power-law είναι το μοντέλο των Barabási – Albert, όπου οι γράφοι κατασκευάζονται με μία δυναμική διαδικασία όπου οι ακμές προστίθενται μία-μία σε έναν αρχικό πυρήνα (core). Η πιθανότητα μιας νέας ακμής να συνδεθεί με μια ήδη υπάρχουσα είναι ανάλογη ως προς το βαθμό της τελευταίας. Σύμφωνα με τα παραπάνω λοιπόν, οι ακμές με υψηλή κατανομή βαθμών έχουν μεγάλη πιθανότητα να επιλεγούν ως γειτονικές από νέες ακμές. Από την στιγμή που συμβαίνει αυτό, ο βαθμός των ακμών αυξάνεται, οπότε είναι ακόμα πιθανότερο να επιλεγούν στο μέλλον. Αυτή η διαδικασία δημιουργεί ένα γράφο με κατανομή βαθμών που χαρακτηρίζεται από μία ουρά (tail) που βασίζεται σε power-law μιας και ο αριθμός των ακμών τείνει στο άπειρο.

Το μοντέλο παρουσιάζει πολύ μικρό μέσο μήκος συντομότερου μονοπατιού (average shortest path length) από ένα τυχαίο (random) γράφημα και συντελεστή ομαδοποίησης (clustering) που μειώνεται με το μέγεθος του δικτύου και είναι χαμηλότερος από ότι στα πραγματικά δίκτυα (real networks). Με αποτέλεσμα να μην

γίνεται επιτυχής η αναπαράσταση της κοινοτικής δομής των πραγματικών σύνθετων δικτύων (A. Barabási, R. Albert, 1999).



*Γράφημα 3.3: Το μοντέλο Barabási–Albert*

### **3.1.4 Μοντέλα εξέλιξης δικτύου**

Τα μοντέλα εξέλιξης δικτύου χρησιμοποιούνται για τον έλεγχο υποθέσεων όπου συγκεκριμένοι μηχανισμοί εξέλιξης του δικτύου οδηγούν σε συγκεκριμένη δομή του δικτύου. Αυτά τα μοντέλα χωρίζονται σε αυξητικά (growing) μοντέλα, και δυναμικά (dynamical) (R. Toivonen, L. Kovanen, 2009).

Τα Μοντέλα εξέλιξης δικτύου ορίζονται από:

1. Μία επαναληπτική διαδικασία που καθορίζεται από τα ίδια τα μοντέλα αυτά.
2. Ένα ορισμένο σύνολο στοχαστικών κανόνων με τους οποίους η δομή του δικτύου εξελίσσεται στο χρόνο.
3. Ένα κριτήριο τερματισμού που περιλαμβάνεται στα μοντέλα αυτά.

#### *3.1.4.1 Δυναμικά Μοντέλα Εξέλιξης Δικτύου*

Τα δυναμικά μοντέλα επαναλαμβάνουν βήματα προσθήκης και αφαίρεσης δεσμών σε ένα σταθερό σύνολο κόμβων ώσπου η δομή του δικτύου να μην μεταβάλλεται άλλο στατιστικά (R. Toivonen, L. Kovanen, 2009).

Είδη δυναμικών μοντέλων παρουσιάζονται παρακάτω:

*Το μοντέλο DEB:* Χαρακτηρίζεται από δύο παραμέτρους τον αριθμό των κόμβων  $N$  και την πιθανότητα  $p$  και ακολουθεί επαναληπτικά τη διαδικασία επιλογής ενός κόμβου τυχαία. Αν ο κόμβος αυτός έχει λιγότερους από δύο δεσμούς, τον συνδέει με

έναν τυχαίο κόμβο, αλλιώς επιλέγει δύο γείτονες του αρχικού κόμβου και τους συνδέει μεταξύ τους αν δεν συνδέονται ήδη.

Διαφορετικά επιλέγει έναν τυχαίο κόμβο και με πιθανότητα  $p$  αφαιρεί όλους τους δεσμούς του. (J. Davidsen, H. Ebel., 2002)

*Το μοντέλο MVS:* Χαρακτηρίζεται από τέσσερις παραμέτρους τον αριθμό των κόμβων  $N$  και τις πιθανότητες  $\eta$ ,  $\zeta$ ,  $\lambda$ , και ακολουθεί επαναληπτικά την διαδικασία της επιλογής ενός κόμβου τυχαία. Συνδέει τον κόμβο με έναν άλλο τυχαίο κόμβο με πιθανότητα  $\eta$ . Έπειτα επιλέγει ένα φίλο φίλου του αρχικού κόμβου (με ομοιόμορφα τυχαία αναζήτηση) με πιθανότητα  $\zeta$  και τον συνδέει με αυτόν αν δεν συνδέονται ήδη. Διαφορετικά επιλέγει έναν τυχαίο δεσμό και τον διαγράφει με πιθανότητα  $\lambda$ . (M. Marsili, F. Vega-Redondo, 2004)

*Το μοντέλο KOSKK:* Χαρακτηρίζεται από έξι παραμέτρους τον αριθμό των κόμβων  $N$ , από τις πιθανότητες  $p_A$ ,  $p_r$ ,  $p_d$  και από τις δυνάμεις δεσμών  $w_0$ ,  $\delta$ , ακολουθεί επαναληπτικά διαδικασία επιλογής ενός κόμβου τυχαία και επιλέγει έναν φίλο του αρχικού κόμβου τον  $k$ , (με σταθμισμένη αναζήτηση και τον συνδέει με τον αρχικό κόμβο με πιθανότητα  $p_A$  (με αρχική δύναμη δεσμού  $w_0$ ) αν δεν συνδέονται ήδη. Αυξάνει τις δυνάμεις των δεσμών  $\delta$  κατά μήκος του μονοπατιού αναζήτησης. Επίσης, με πιθανότητα  $p_r$  συνδέει τον αρχικό κόμβο με έναν τυχαίο κόμβο (με δύναμη δεσμού  $w_0$ ). Διαφορετικά επιλέγει έναν τυχαίο κόμβο και με πιθανότητα  $p_d$  αφαιρεί όλους τους δεσμούς του. (J. Kumpula, J. Onnela, 2007)

#### 3.1.4.2 Αυξητικά Μοντέλα Εξέλιξης Δικτύου

Τα αυξητικά μοντέλα προσθέτουν κόμβους και συνδέσμους έως ότου το εκάστοτε δίκτυο να περιέχει τον επιθυμητό αριθμό κόμβων (R. Toivonen, L. Kovanen, 2009).

*Το μοντέλο TOSHK:* Χαρακτηρίζεται από τρεις παραμέτρους, τον αριθμό των κόμβων  $N$ , από τις πιθανότητες  $p$  και  $k$ , ακολουθεί επαναληπτικά την διαδικασία πρόσθεσης ενός νέου κόμβου στο δίκτυο, συνδέοντάς με μια τυχαία αρχική επαφή με πιθανότητα  $p$ , ή με δύο με πιθανότητα  $1 - p$ . Έπειτα επιλέγει έναν αριθμό δευτερευουσών συνδέσεων και συνδέει τον αρχικό κόμβο με τις γειτονικές δευτερεύουσες της τυχαίας αρχικής επαφής  $j$  αν υπάρχουν, για κάθε τυχαία αρχική επαφή  $j$ . (R. Toivonen, J. Onnela, 2006)

*Το μοντέλο του Vásquez:* Χαρακτηρίζεται από δύο τον αριθμό των κόμβων  $N$ , από την πιθανότητα  $u$ , ακολουθεί επαναληπτικά την διαδικασία πρόσθεσης ενός νέου κόμβου  $n$  στο δίκτυο, με πιθανότητα  $1 - u$ , και συνδέοντάς τον με έναν τυχαίο κόμβο. Με αποτέλεσμα να δημιουργεί 'δυναμικές ακμές' μεταξύ του  $n$  και των δύο γειτονικών. Διαφορετικά μετατρέπει μία 'δυναμική ακμή' που δημιουργήθηκε σε οποιοδήποτε προηγούμενο βήμα σε ακμή, με πιθανότητα  $u$ . (A. Vázquez, 2003)

### 3.1.5 Μοντέλα γνωρισμάτων κόμβων

Στα μοντέλα γνωρισμάτων κόμβων η πιθανότητα ύπαρξης μίας ακμής ανάμεσα σε δύο κόμβους εξαρτάται μόνο από τα γνωρίσματα των κόμβων αυτών. Συχνά βασίζονται στην τάση όπου οι όμοιοι κόμβοι αλληλεπιδρούν μεταξύ τους. Η τάση αυτή είναι γνωστό ότι δομεί δεσμούς διαφόρων τύπων, όπως φιλίας, εργασίας, γάμου και μεταφοράς πληροφορίας. (R. Toivonen, L. Kovanen, 2009)

#### 3.1.5.1 Το μοντέλο BPDA

Το μοντέλο BPDA: Χαρακτηρίζεται από τρεις παραμέτρους, τον αριθμό των κόμβων  $N$  και από τις πιθανότητες  $a$  και  $b$ . Κατανέμει  $N$  κόμβους με ομοιόμορφη πιθανότητα σε έναν (μονοδιάστατο) κοινωνικό χώρο. Συνδέει κόμβους με πιθανότητα  $P = 1/(1 + (d/b)^a)$ , όπου  $d$  είναι η απόστασή τους στον κοινωνικό χώρο. Σε περισσότερες διαστάσεις, η ομοιότητα σε μία από αυτές αρκεί για να θεωρηθούν οι κόμβοι παρόμοιοι. (M. Boguna, R. Pastor-Satorras, 2004)

#### 3.1.5.2. Το μοντέλο WPR

Το μοντέλο WPR: Χαρακτηρίζεται από τέσσερις παραμέτρους, , τον αριθμό των κόμβων  $N$ ,  $H$ , και από τις πιθανότητες  $p$ , και  $p_b$ . Κατανέμει  $N$  κόμβους σύμφωνα με μία ομοιογενή διαδικασία Poisson σε ένα διδιάστατο κοινωνικό χώρο μοναδιαίου εμβαδού. (L. Wong, P. Pattison, 2006)

Επίσης, δημιουργεί ένα σύνδεσμο ανάμεσα στους δύο κόμβους με απόσταση  $d$  και με πιθανότητα  $p + p_b$  αν  $d > H$ .

### 3.1.6 Εκθετικά μοντέλα τυχαίων γράφων

Ένα είδος μοντέλων που έχει χρησιμοποιηθεί ευρέως στην επιστήμη της κοινωνιολογίας είναι τα εκθετικά μοντέλα τυχαίων γράφων, τα οποία είναι κατανομές επί του χώρου όλων των δυνατών δικτύων. Η γενική μορφή των μοντέλων αυτών είναι:

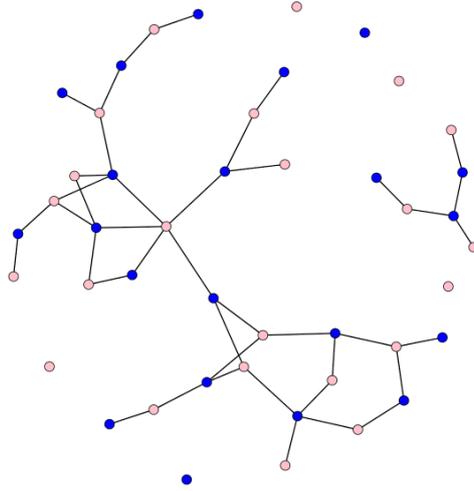
$$P_{\theta}\{Y = y\} = \exp(\theta_1 z_1(y) + \theta_2 z_2(y) + \dots + \theta_k z_k(y) - \psi(\theta)),$$

όπου η παράμετρος είναι  $\theta = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_k)$ ,

οι επαρκείς στατιστικές είναι  $(z_1(y), z_2(y), \dots, z_k(y))$

και  $\psi$  κανονικοποιητική σταθερά.

Η θετική τιμή της παραμέτρου  $\theta_i$  δείχνει την τάση προς μεγάλη τιμή της αντίστοιχης στατιστικής. Όπου οι στατιστικές αυτές αντιστοιχούν σε απόψεις του δικτύου, όπως η αμοιβαιότητα (reciprocity) και η μεταβατικότητα (transitivity) (R. Schutt, 2012).



**Γράφημα 3.4:** Εκθετικό μοντέλο τυχαίου γράφου

Η εκτίμηση των παραμέτρων από μία παρατήρηση του δικτύου για τα μοντέλα αυτά στη πράξη γίνεται συνήθως είτε με μία διαδικασία εκτίμησης ψευδής πιθανότητας εμφάνισης (pseudo-likelihood) η οποία έχει απορριφθεί διότι παράγει άπειρες τιμές ακόμη και σε περιπτώσεις όπου η ψευδής πιθανότητα εμφάνισης συγκλίνει.

Είτε με μεθόδους MCMC (Markov chain Monte Carlo) στις οποίες επίσης, έχουν γίνει κριτικές και αμφισβητήσεις λόγω συμπερασματικού εκφυλισμού (inferential degeneracy), όπου οι αλγόριθμοι συγκλίνουν σε εκφυλισμένους γράφους, πλήρεις ή κενούς, ή ο αλγόριθμος δεν συγκλίνει (consistently).

### 3.1.7 Μοντέλα λανθάνοντος χώρου

Με βάση τα προβλήματα που παρατηρήσαμε στα εκθετικά μοντέλα τυχαίων γράφων οι Hoff, Raftery και Handcock παρουσίασαν εναλλακτικές διαδικασίες των παραμέτρων αυτών με τα μοντέλα λανθάνοντος χώρου (latent space models) (P. Hoff, A. Raftery, 2002). Στα μοντέλα λανθάνοντος χώρου τα παρατηρούμενα δεδομένα είναι ένας  $n \times n$  πίνακας ενός κοινωνικού δικτύου  $Y$  με στοιχεία  $y_{ij}$  που δηλώνουν τις σχέσεις μεταξύ των γειτονικών κόμβων και η αντίστοιχη μεταβλητή (covariate) πληροφορία  $X$ .

Μη παρατηρούμενες είναι οι λανθάνουσες θέσεις  $z_i$  στον κοινωνικό χώρο, για όλους τους κόμβους, τέτοιες ώστε οι ακμές υπό την συνθήκη αυτών των μη παρατηρούμενων θέσεων να είναι ανεξάρτητες. Τα  $z_i$  και  $\theta$  αντιμετωπίζονται ως παράμετροι προς εκτίμηση στο μοντέλο

$$P(Y | z, x, \theta) = \prod_{i \neq j} P(y_{ij} | z_i, z_j, X_{ij}, \theta),$$

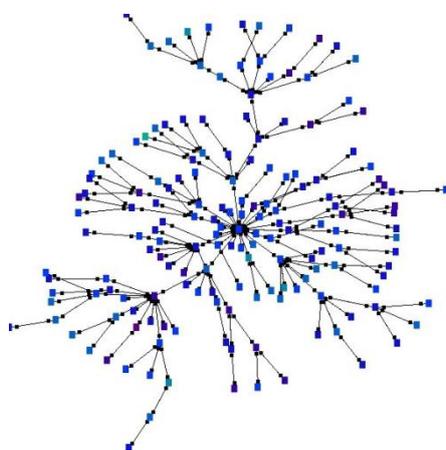
όπου οι όροι του γινομένου να μοντελοποιούνται με τη χρήση της λογιστικής παλινδρόμησης.

### 3.2 Δίκτυο Ελεύθερης Κλίμακας (Scale Free Network)

Ένα δίκτυο ελεύθερης κλίμακας (scale free network) είναι ένα είδος σύνθετου δικτύου που έχει προκαλέσει το ενδιαφέρον από τότε που ανακαλύφθηκε, με πολλά δίκτυα πραγματικού κόσμου (real – world networks) να ανήκουν σε αυτή την κατηγορία.

Το δίκτυο ελεύθερης κλίμακας ακολουθεί μια κατανομή ισχύος (power law distribution) η οποία αφορά τον αριθμό των συνδέσεων ανάμεσα στους κόμβους. Οι κύριοι κόμβοι (hubs), παρουσιάζουν υψηλή συνδεσιμότητα, ενώ οι δευτερεύοντες κόμβοι (nodes), παρουσιάζει χαμηλή συνδεσιμότητα.

Ένα δίκτυο ελεύθερης κλίμακας, αποτελείται από κόμβους συνδεδεμένους μεταξύ τους (links), δημιουργώντας κύριους κόμβους, που βρίσκονται σε συγκεκριμένες θέσεις στο δίκτυο. Ένα τέτοιο δίκτυο θα μπορούσε να χαρακτηριστεί με μία φράση και ως «ιστός αράχνης».



*Γράφημα 3.5: Δίκτυο Ελεύθερης Κλίμακας*

### 3.3 Έξι Βαθμοί Διαχωρισμού (Six Degree of Separation)

Η θεωρία αυτή συναντάται στη διατριβή του Michael Gurevich, την οποία εκπόνησε το 1961 στο M.I.T. και αφορούσε στη δομή των κοινωνικών δικτύων (Gurevich, M. 1961). Σύμφωνα λοιπόν με τη θεωρία αυτή, ανάμεσα στην συνάντηση δύο οποιονδήποτε ανθρώπων στον πλανήτη μεσολαβούν κατά μέσο όρο έξι ενδιάμεσοι άνθρωποι προκειμένου να συναντηθούν οι δύο αρχικοί.

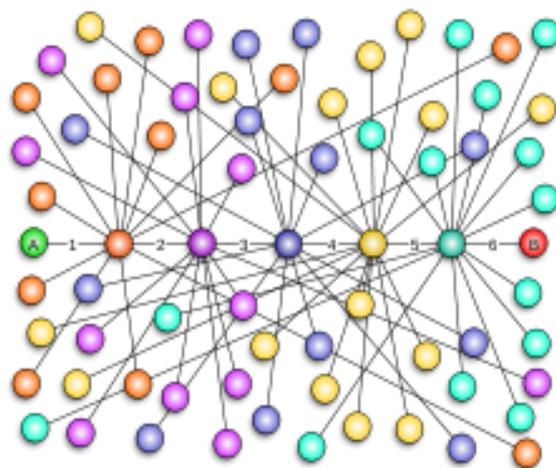
Το 1967, ο Αμερικανός κοινωνιολόγος Stanley Milgram, επινόησε έναν καινούριο τρόπο για να δοκιμάσει την συγκεκριμένη θεωρία, τον οποίο και ονόμασε «το πρόβλημα του μικρόκοσμου» (“the small – world problem”). Η διαδικασία που ακολούθησε ήταν η εξής:

Έστειλε σε δεκάδες ανθρώπους γράμματα με κάποιον άγνωστο παραλήπτη, ο οποίος ζούσε σε άλλη πολιτεία, με μοναδικό αίτημα οι νέοι παραλήπτες – αποστολείς να προωθήσουν το γράμμα σε κάποιον νέο που είναι πιο κοντά στον προορισμό του άγνωστου (τελικού) παραλήπτη. Οι αποστολείς γνώριζαν το όνομα, το επάγγελμα και

την γενικότερη περιοχή στην οποία κατοικούσε ο άγνωστος παραλήπτης αφού αυτά ήταν γραμμένα επάνω στο δέμα. Στην περίπτωση που ο νέος παραλήπτης - αποστολέα ήταν ο τελικός στόχος, το πείραμα θα τελείωνε. Διαφορετικά, θα έπρεπε να συνεχιστεί η παραπάνω διαδικασία έως ότου βρεθεί ο τελικός παραλήπτης (J. Kleinberg, 2001).

Παρόλο που το πιθανότερο ήταν να φτάσει το δέμα από τον αρχικό αποστολέα στον τελικό άγνωστο παραλήπτη έπειτα από εκατοντάδες αποστολές, στην πραγματικότητα χρειάστηκαν κατά μέσο όρο πέντε έως επτά ενδιάμεσοι αποστολείς και έτσι απέκτησε το όνομά Six Degrees of Separation.

Το 2001 ο Duncan Watts, αναδημιούργησε το πείραμα του Milgram στην περίπτωση του Internet. Ο Watts χρησιμοποίησε ως γράμμα ένα μήνυμα ηλεκτρονικού ταχυδρομείου (e-mail), το οποίο έπρεπε να παραδοθεί ενώ δεν το περίμενε κανείς, όταν εξέτασε τα δεδομένα βρήκε ότι ο μέσος όρος των ενδιάμεσων κόμβων που χρειάζονταν, πραγματικά ήταν έξι. Η έρευνα του Watts ξεκίνησε καινούριες μελέτες σχετικά με την θεωρία του *six degrees of separation*, στον τομέα της θεωρίας δικτύων, όπως η μετάδοση ιών, η θεωρία των γράφων και η επικοινωνία των μελών ενός οργανισμού (Barabasi, 2003).



**Γράφημα 3.6:** *Six Degree of Separation*



## Κεφάλαιο 4: Επιδημικά Μοντέλα σε Βιολογικά Δίκτυα



## **4.1 Βιολογικά Δίκτυα (Biological Networks)**

Βιολογικά δίκτυα μπορούν να χαρακτηριστούν όλα εκείνα που σχετίζονται και φτιάχνουν δικτυακές κοινότητες μεταξύ ζώντων οργανισμών, ή μεταξύ λειτουργιών των οργανισμών αυτών. Όπως για παράδειγμα ένα είδος Βιολογικού Δικτύου, και ίσως το πιο μελετημένο από τους επιστήμονες, είναι το οικοσύστημα και οι υποδιαίρεσεις του, καθώς επίσης και το νευρικό σύστημα του εγκεφάλου.

### **4.1.1 Βιολογικά Νευρωνικά Δίκτυα**

Στο παρόν υποκεφάλαιο θα συζητηθεί εν συντομία μια πολύ μικρή δομική άποψη του ζητήματος των βιολογικών νευρωνικών δικτύων. Όπως προαναφέρθηκε ο ανθρώπινος εγκέφαλος είναι ένα από τα μεγαλύτερα σύνθετα δίκτυα που υπάρχουν και οι λειτουργίες του είναι τόσο πολύ σύνθετες με αποτέλεσμα η προσέγγιση αυτού του δικτύου και των διαδικασιών που εκτελεί, είναι ιδιαίτερα δύσκολο να ‘αντιγραφούν’ από έναν απλό υπολογιστή.

Ο νευρώνας είναι ένας ιδιαίτερος τύπος κυττάρου που αποτελεί το βασικό σύστημα επεξεργασίας πληροφοριών που έχει το νευρικό σύστημα των ανθρώπων. Ο ανθρώπινος εγκέφαλος εκτιμάται πως αποτελείται από  $10^9$  νευρώνες που συνδέονται μεταξύ τους με διάφορους τρόπους. Ο αριθμός των νευρών στο νευρωνικό δίκτυο ενός πολύ μικρού οργανισμού για παράδειγμα του *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*) είναι μόνο 300 σε αντίθεση του αριθμού των νευρών σε έναν ανθρώπινο εγκέφαλο που είναι της τάξεως των 100 δισεκατομμυρίων, και είναι το μεγαλύτερο σύνθετο δίκτυο που παρατηρείται (Thomas J., 2013).

Ένας νευρώνας αποτελείται από τρία βασικά σημεία: Το σώμα (body) που είναι ο πυρήνας του κυττάρου, τους δενδρίτες (dendrites) όπου γίνεται η λήψη των σημάτων από τους γειτονικούς νευρώνες και τον άξονα (axon) που είναι το μέσο σύνδεσης του κύριου νευρώνα με άλλους νευρώνες.

Κάθε δενδρίτης έχει ένα πολύ μικρό κενό που ονομάζεται σύναψη (synapses). Σε αυτό το σημείο του νευρώνα γίνονται οι ενώσεις των διακλαδώσεων του άξονα ενός νευρώνα με τους δενδρίτες άλλων νευρώνων. Μέσω των συνάψεων πραγματοποιείται η μετάδοση των ηλεκτρικών σημάτων από τον άξονα – αποστολέα στον δενδρίτη – λήπτη. Η διαδικασία αυτής της μετάδοσης εξαρτάται από το πλάτος της σύναψης, την απόσταση άξονα – δενδρίτη και από την πυκνότητα του υλικού ( ιόντα καλίου και νατρίου) των κυστών των συνάψεων (Thomas J., 2013).

Το ποσοστό της ηλεκτρικής δραστηριότητας που μεταδίδεται στο δενδρίτη λέγεται συναπτικό βάρος, δηλαδή ένα νευρωνικό δίκτυο αλληλεπιδρά με το περιβάλλον και μαθαίνει από αυτό. Όλη η εμπειρική γνώση που αποκτά επομένως το νευρωνικό δίκτυο από το περιβάλλον μεταφράζεται σε συναπτικά βάρη, τα οποία αποτελούν το χαρακτηριστικό εκείνο που δίνει στο νευρωνικό δίκτυο την ικανότητα για εξέλιξη και προσαρμογή στο περιβάλλον.

Το βασικότερο χαρακτηριστικό ενός νευρώνα είναι η ικανότητα του να αντιδρά σε διάφορα εξωτερικά ερεθίσματα, με αποτέλεσμα την παραγωγή σύντομων ηλεκτρικών παλμών. Οι παλμοί αυτοί είναι οι φορείς της μεταφοράς των πληροφοριών που ταξιδεύουν στον άξονα κάθε νευρώνα και μέσω των συνάψεων μεταδίδονται στους δενδρίτες των Βιολογικών Νευρωνικών Δικτύων.

#### **4.1.2 Τεχνητά Νευρωνικά Δίκτυα**

Τα Τεχνητά Νευρωνικά Δίκτυα αρχικά προτάθηκαν ως ένα μαθηματικό μοντέλο προσομοίωσης της πολύπλοκης λειτουργίας του ανθρώπινου εγκεφάλου.

Η δομή του Τεχνητού Νευρωνικού Δικτύου μιμείται αυτή του βιολογικού νευρωνικού δικτύου, με αποτέλεσμα να εμφανίζει παρόμοιες ιδιότητες. Ένα τεχνητό νευρωνικό δίκτυο αποτελείται από ένα σύνολο τεχνητών νευρώνων που αλληλεπιδρούν μεταξύ τους με τις λεγόμενες συνάψεις (synapses), όπως γίνεται και στα βιολογικά νευρωνικά δίκτυα. Ο βαθμός αλληλεπίδρασης είναι διαφορετικός για κάθε ζεύγος νευρώνων και καθορίζεται από τα λεγόμενα συναπτικά βάρη.

Στα Τεχνητά Νευρωνικά Δίκτυα υπάρχουν δύο τρόποι για την εκπαίδευση τους. Πρώτον, η εκπαίδευση γίνεται με εποπτεία, δηλαδή το δίκτυο τροφοδοτείται με ένα σύνολο καταστάσεων στις οποίες μπορεί να περιέλθει, μαζί με τα αποτελέσματα που θέλουμε να δίνει για τις καταστάσεις αυτές. Όστε το δίκτυο να μάθει τα παραδείγματα αυτά, μέσω ενός αλγορίθμου εκπαίδευσης. Δεύτερον, η εκπαίδευση γίνεται χωρίς εποπτεία, δηλαδή το δίκτυο καλείται να αναγνωρίσει ομοιότητες, διαφορές και μοτίβα σε δεδομένα που του έχουμε τροφοδοτήσει, με αποτέλεσμα να παρουσιάζονται στο δίκτυο και αυτό οφείλει να προσαρμοστεί έτσι ώστε να τα χωρίσει σε ομάδες έως ότου δεν θα παρατηρείται μεταβολή στην ταξινόμηση των δεδομένων.

Το βασικό πλεονέκτημα των νευρωνικών δικτύων είναι ότι μπορούν να αποθηκεύσουν γνώση και εμπειρία από το περιβάλλον, την οποία μπορεί στη συνέχεια να ανακαλέσει. Επιπλέον, έχει τη δυνατότητα να εξάγει τα βασικά χαρακτηριστικά ενός συστήματος, ακόμα και όταν αυτά είναι κρυμμένα σε θορυβώδη – αλλοιωμένα δεδομένα.

#### **4.1.3 Δίκτυα Μεταβολικών Αντιδράσεων (Networks of Metabolic Reactions)**

Η ζωή είναι μία χημική διαδικασία. Σε μία πολύπλοκη συλλογή από μεταβολικές αντιδράσεις σε έναν οργανισμό παρέχουν μία απαραίτητη ενέργεια για τη ζωή. Γενικότερα, η χημική διαδικασία μπορεί να αναπαρασταθεί από τον γράφο της χημικής αντίδρασης (Kauffman, 1993). Για τα συστήματα των μεταβολικών αντιδράσεων, οι απευθείας γράφοι μπορεί να είναι απίστευτα σύνθετοι. Έτσι λοιπόν, οι μεταβολικές αντιδράσεις είναι περισσότερο αρχειοθετημένες και μελετημένες για

απλούς οργανισμούς, όπου ο αριθμός των μοριακών ενώσεων που συμπεριλαμβάνετε σε αυτές τις αντιδράσεις δεν υπερβαίνει τα  $10^3$ .

Οι κόμβοι των δικτύων των μεταβολικών αντιδράσεων είναι το υπόστρωμα, των μοριακών ενώσεων που παίζει το ρόλο της πρώτης ύλης ή του προϊόντος σε μια αντίδραση. Να σημειωθεί ότι η ίδια κορυφή μπορεί να συμμετέχει και σε άλλες αντιδράσεις σαν προϊόν. Οι κατευθυνόμενες κορυφές συνδέονται με τα προϊόντα που συμμετέχουν σε μία μεταβολική αντίδραση (Price N.D., Reed J.L., 2004). Η εισερχόμενη σύνδεση σε μία κορυφή σημαίνει πως αυτή η κορυφή είναι το προϊόν μίας αντίδρασης. Η εξερχόμενη άκρη σημαίνει πως είναι η πρώτη ύλη της αντίδρασης. Θεωρητικά μη κατευθυνόμενες συνδέσεις είναι πιθανό να μπορούν να δείξουν αν μία αντίδραση εκτελεί και τις δυο κατεύθυνσης.

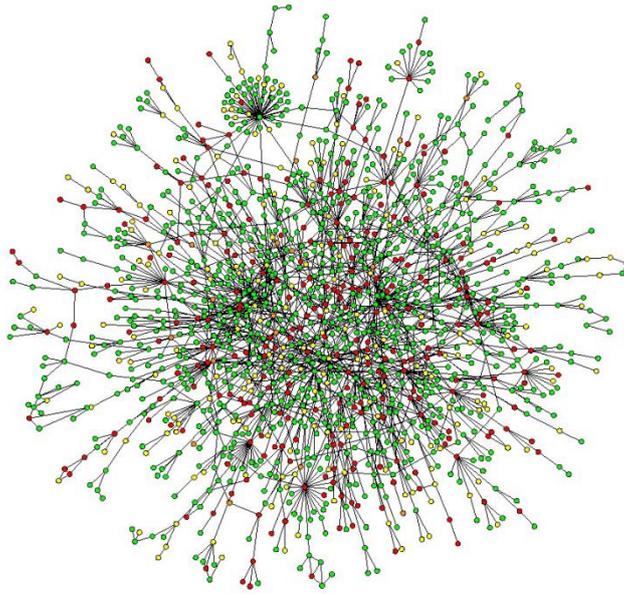
Σε μία εκτενή μελέτη πάνω στα δομικά δίκτυα μεταβολικών αντιδράσεων 43<sup>ov</sup> διαφορετικών οργανισμών δούλεψαν οι Jeong, Tombor, Albret, Oltvai και Barabasi το 2000. Αυτοί οι οργανισμοί ανήκαν στους τρεις τομείς της ζωής: τα βακτηρίδια, τα ευκαριωτικά (ζώα, φυτά κ.τ.λ.) και στα αρχαία. Αυτή λοιπόν η μελέτη κατέληξε στο συναρπαστικό συμπέρασμα που κατέληγε πως το δίκτυο των 43<sup>ov</sup> οργανισμών έχει την δομή ενός δικτύου ελεύθερης κλίμακας.

#### **4.1.4 Γονιδιακό και Πρωτεϊνικό Δίκτυο (Genome and Protein Network)**

Υπάρχουν δύο είδη πρωτεϊνικών δικτύων: Το Δίκτυο Φυσικής Πρωτεϊνικής αλληλεπίδρασης όπου οι κορυφές αυτού του δικτύου είναι οι πρωτεΐνες και στις μη κατευθυνόμενες άκρες (edges) υπάρχουν κατευθυνόμενα ζεύγη φυσικών αλληλεπιδράσεων ανάμεσα στις πρωτεΐνες. Οι άκρες αυτές, οι οποίες καθορίζουν την κατεύθυνση των μονοπατιών, παράγουν και αναδομούν την ρύθμιση των πρωτεϊνών. Το δεύτερο είδος πρωτεϊνικού δικτύου είναι το Κανονικό Πρωτεϊνικό Δίκτυο, όπου οι κορυφές του είναι οι πρωτεΐνες. Σε αυτό το είδος οι δυο πρωτεΐνες είναι συνδεδεμένες με μια κατευθυνόμενη άκρη, τότε η πρώτη ρυθμίζει απευθείας την παράγωγη και την οικοδόμηση της δεύτερης.

Οι γενετικές ρυθμίσεις περιλαμβάνουν στην πραγματικότητα έναν σαφή τύπο από όρια, οπότε ο ολοκληρωμένος δικτυακός γενετικός κανονισμός είναι εξαιρετικά πολύπλοκος. Για να κατασκευαστεί ένα υποσύνολο ενός ολοκληρωμένου δικτυακού γενετικού κανονισμού, θα πρέπει να επιλεχθούν κάποιοι συγκεκριμένοι τύποι ρυθμίσεων. Συνήθως αυτές οι ρυθμίσεις προκύπτουν από μία σημαντική αντιγραφή.

Οι Jeong, Manson, Barabasi και Oltvai το 2001 μελέτησαν το δίκτυο φυσικής πρωτεϊνικής αλληλεπίδρασης της μαγιάς (προζύμη). Το τελικό αποτέλεσμα του ιστού είχε 1870 κορυφές και 2240 άκρες, είναι προφανές πως το δίκτυο ήταν απλωμένο. Ο μέσος όρος του μήκους της γρηγορότερης διαδρομής ήταν ίσος με τα 4/5 του μέσου όρου του μήκους ενός κλασσικού τυχαίου γράφου.



*Γράφημα 4.1 : Δίκτυο φυσικής πρωτεϊνικής αλληλεπίδρασης της μαγιάς*

## **4.2 Μελέτη των Επιδημιών Μέσα στα Δίκτυα (Epidemics)**

Η μελέτη των επιδημιών ήταν πάντα ένα θέμα που έμπλεκε τα βιολογικά θέματα με τα κοινωνικά. Όταν ασχολούμαστε με επιδημικές ασθένειες, θα πρέπει να σκεφτόμαστε μεταδοτικές ασθένειες που προκαλούνται από βιολογικούς παθογόνους παράγοντες, όπως γρίπη, ιλαρά και σεξουαλικώς μεταδιδόμενα νοσήματα, που μεταδίδονται από άνθρωπο σε άνθρωπο. Οι επιδημίες μπορούν να εξαφανίσουν ένα πληθυσμό, ή μπορούν να υπάρχουν χωρίς να εκδηλώνονται για μεγάλα διαστήματα (φορείς). Σε ακραίες περιπτώσεις, ένα μόνο κρούσμα κάποιας νόσου μπορεί να έχει σημαντική επίδραση σε έναν ολόκληρο πολιτισμό, όπως για παράδειγμα οι επιδημίες που ξεκίνησαν από την άφιξη των Ευρωπαίων στην Αμερική (J. Diamond, 1999), ή η φονική επιδημία της ευλογιάς, όπως χαρακτηρίστηκε από τους Βρετανούς τον 15<sup>ο</sup> αιώνα.

### **4.2.1 Ασθένειες που μεταδίδονται από τα Δίκτυα**

Τα πρότυπα με τα οποία εξαπλώνονται οι επιδημίες μέσα από τις ανθρώπινες κοινωνίες καθορίζονται από τις παθογένειες που μεταφέρουν, αλλά και από τις δομές του πληθυσμιακού δικτύου που προσβάλλουν. Μέσα στον πληθυσμό ενός σύνθετου δικτύου, καθορίζονται πολλά για το πώς να εξαπλώνεται μία ασθένεια από άτομο σε άτομο. Οι ευκαιρίες που δίνονται σε μια ασθένεια ώστε να εξαπλωθεί καθορίζονται από το δίκτυο των σημείων επαφής (contact network):

Αν αυτά τα άτομα έρθουν σε επαφή μεταξύ τους είναι πιθανό να εξαπλωθεί η νόσος από το ένα στο άλλο. Αυτό δηλώνει ότι η ακρίβεια μοντελοποίησης του υποκείμενου

δικτύου είναι κρίσιμη για την κατανόηση της εξάπλωσης της επιδημίας. Παρόμοιος είναι και ο τρόπος μελέτης της εξάπλωσης των κακόβουλων λογισμικών που μεταδίδονται από τους υπολογιστές (J. Kephart, G. Sorkin, 1997).

Η παθογένεια και το δίκτυο είναι ιδιαίτερα συνυφασμένες έννοιες: Μέσα σε έναν πληθυσμό το δίκτυο των σημείων επαφής (contact network), που δημιουργείται στις μεταξύ συνδέσεις των ατόμων μπορεί να έχει άλλη δομή για δύο τελείως διαφορετικές ασθένειες και τον τρόπο με τον οποίο μεταδίδονται.

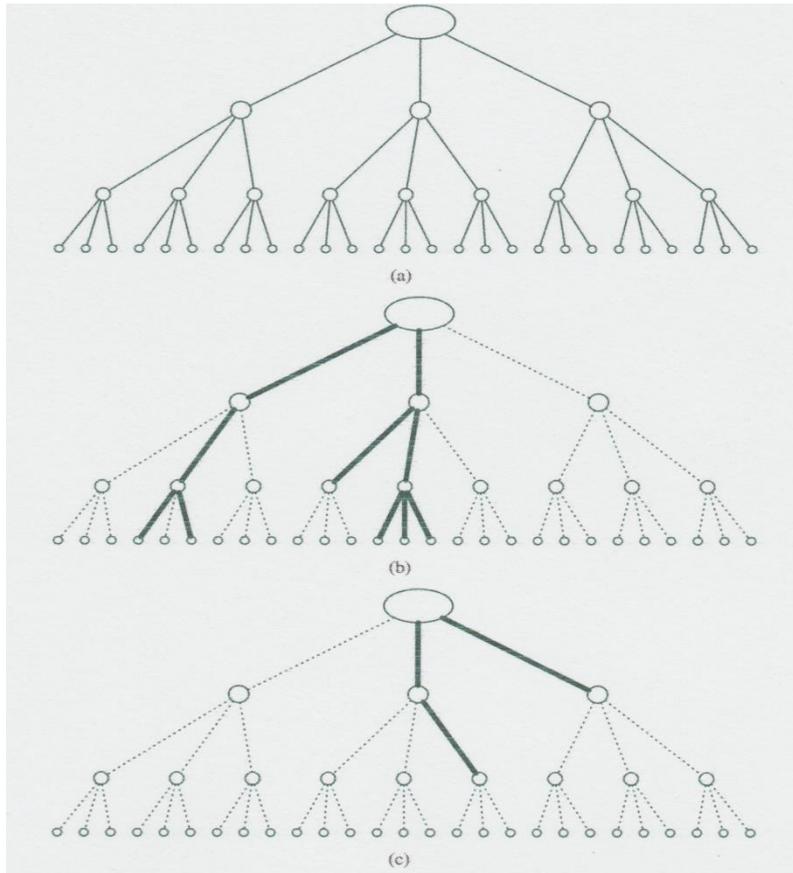
- Για μια αερομεταφερόμενη ασθένεια, η μετάδοση της θα βασίζεται στο βήχα και το φτέρνισμα, οπότε το δίκτυο επαφής θα περιλαμβάνει έναν τεράστιο αριθμό συνδέσεων από ζεύγη ατόμων που θα βρίσκονται σε κοινό τόπο όλοι μαζί.
- Ενώ για μια ασθένεια στενής επαφής, όπως είναι τα σεξουαλικά μεταδιδόμενα νοσήματα, το δίκτυο επαφής θα είναι πολύ αραιό, με πολύ λιγότερα ζεύγη ατόμων που θα συνδέονται μεταξύ τους. (J. Kleinberg, 2007)

#### 4.2.2 Διεργασίες Διακλάδωσης

Η διεργασία διακλάδωσης είναι το απλούστερο μοντέλο μετάδοσης μίας ασθένειας και ιδιαίτερα μιας αερομεταφερόμενης ασθένειας. Ένα τέτοιο δίκτυο, μπορεί να αναφερθεί και ως **δέντρο (tree)**: Ένα δέντρο έχει ένα μοναδικό κόμβο (node) στην κορυφή που ονομάζεται ρίζα (root), κάθε κόμβος συνδέεται με ένα σύνολο κόμβων στο επίπεδο κάτω από αυτό.

Το μοντέλο αυτό λειτουργεί μέσω κυμάτων μετάδοσης όπου αναλυτικότερα: Όταν μία ομάδα φορέων μίας ασθένειας εισέρχεται μέσα σε έναν υγιή πληθυσμό, υπάρχει πιθανότητα να μεταδοθεί η ασθένεια αυτή σε ένα ευπαθές κομμάτι αυτού του πληθυσμού, σύμφωνα με την τυχαία μετάδοση της νόσου. Έτσι, τα άτομα που θα νοσήσουν, θα αποτελέσουν το πρώτο κύμα μετάδοσης της ασθένειας. Σε αυτήν την περίπτωση κάθε μολυσμένο άτομο από το πρώτο κύμα που θα έρθει σε επαφή, μεταγενέστερα, με άλλα ευπαθή άτομα, υπάρχει και πάλι η πιθανότητα να περάσει την ασθένεια και σε αυτά, με αποτέλεσμα την δημιουργία ενός δεύτερου κύματος. Συνεπώς, με τον ίδιο τρόπο δημιουργούνται και τα μεταγενέστερα κύματα. Έτσι, το δίκτυο επαφής (contact network) για την επιδημία αυτή μπορεί να γίνει όπως στο σχήμα 4.1 (a), οπότε το δέντρο (tree) που σχηματίζει το δίκτυο επαφών (contact network) για τη διαδικασία διακλάδωσης είναι στην πραγματικότητα άπειρο.

Στο δέντρο του σχήματος 4.1(b) μπορεί να μελετηθεί η συμπεριφορά της επιδημίας μέσα από την απεικόνιση της εξάπλωσής της, σύμφωνα με την μετάδοση μιας επιθετικής επιδημίας. Όπου από την ρίζα του δέντρου μολύνονται δύο άτομα στο πρώτο κύμα, τρεις στο δεύτερο κύμα, πέντε στο τρίτο κύμα, και πιθανώς περισσότεροι στα μελλοντικά κύματα.



**Σχήμα 4.1:** Εξάπλωση Επιδημίας με την μορφή δικτύου Δέντρου (tree)(Easley D., Kleinberg J., 2010, εικ.21.1 , σελ.570)

Τώρα στο σχήμα 4.1 (c), απεικονίζεται μια πολύ πιο ήπια επιδημία. Η επιδημία μόλυνε μόλις δυο άτομα από το πρώτο κύμα και το ένα από αυτά δεν μολύνει κανέναν άλλο, ενώ το δεύτερο άτομο μόλυνε και αυτό μόνο έναν στο δεύτερο κύμα, όπου αυτός δεν μετέδωσε την ασθένεια σε κανέναν άλλο. Με αποτέλεσμα αυτή η ασθένεια να εξαφανιστεί εντελώς από τον πληθυσμό μετά το δεύτερο κύμα, έχοντας προσβάλει συνολικά μόνο τέσσερα άτομα.

### 4.2.3 Το Επιδημικό Μοντέλο SIR

Ένας ανεξάρτητος κόμβος στο μοντέλο διακλαδώσεων περνά από τρία στάδια κατά τη διάρκεια της επιδημίας.

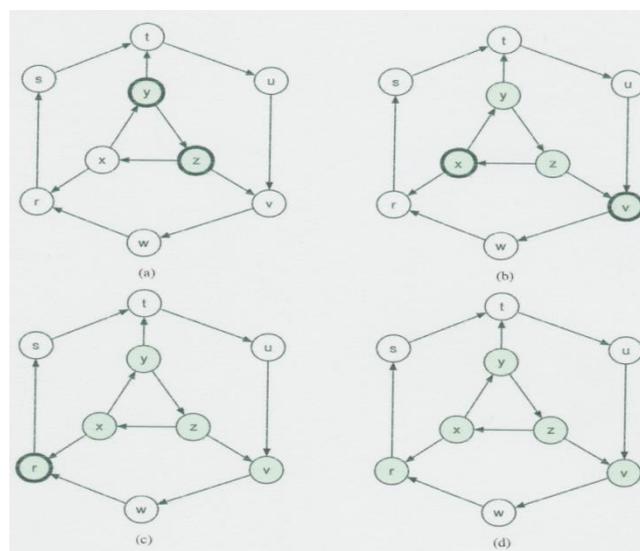
Το πρώτο στάδιο, η ευαισθησία (susceptible), είναι αυτό στο οποίο ο κόμβος - άτομο δεν έχει προσβληθεί ακόμα από την ασθένεια, αλλά είναι επιρρεπής σε μολύνσεις από τους γείτονές του. Στην συνέχεια, μόλις ο κόμβος - άτομο προσβληθεί από την ασθένεια, μετατρέπεται σε φορέα της νόσου και έχει κάποια πιθανότητα να μολύνει οποιονδήποτε ευαίσθητο γείτονά του, αυτό είναι και το δεύτερο στάδιο, που ονομάζεται λοιμώξη (infectious). Τέλος στο τρίτο στάδιο, μετά από ένα συγκεκριμένο κόμβο - άτομο, η ασθένεια έχει περάσει στην πλήρη μολυσματική περίοδο, όπου ο

κόμβος - άτομο αυτός αφαιρείται από την εξέταση δεδομένου ότι δεν αποτελεί πλέον απειλή των μελλοντικών λοιμώξεων. Έτσι, το στάδιο αυτό ονομάζεται αφαίρεση (removed). (Easley D., Kleinberg J., 2010)

Με την χρήση των τριών αυτών σταδίων του "κύκλου ζωής" μίας ασθένεια σε κάθε κόμβο - άτομο, μπορεί να οριστεί ένα μοντέλο για επιδημίες σε δίκτυα.

Με βάση τα παραπάνω κάθε κόμβος έχει τη δυνατότητα να περάσει μέσα από τον κύκλο που περιγράφηκε, αλλά η εξάπλωση της επιδημίας ελέγχεται από τη δομή του δικτύου επαφών (contact network) με δύο επιπλέον ποσότητες: την πιθανότητα μετάδοσης και το μήκος της μόλυνσης. Η περιγραφή του πλήρους επιδημικού μοντέλου SIR έχει ως εξής:

Αρχικά το δίκτυο εμφανίζει κάποιους κόμβους - άτομα σε κατάσταση λοίμωξης (I) και όλους τους άλλους σε κατάσταση ευαισθησίας (S). Κάθε κόμβος - άτομο που εισέρχεται στην λοιμώδη κατάσταση (I) παραμένει μολυσμένος για σταθερό χρονικό διάστημα. Στη διάρκεια αυτού του διαστήματος, οι μολυσμένοι κόμβοι - άτομα έχουν την πιθανότητα να κολλήσουν την ασθένεια σε κάθε ευαίσθητο (S) γείτονά τους. Μετά από το διάστημα αυτό, οι κόμβοι - άτομα που νόσησαν ή ήταν επιρρεπή, δεν είναι πλέον. Η κατάσταση των κόμβων - ατόμων αυτών περιγράφεται ως αφαίρεση (R), δεδομένου ότι σε αυτήν την κατάσταση οι αδρανείς κόμβοι του δικτύου επαφών δεν μπορούν πλέον να καλύψουν ή να μεταδώσουν την ασθένεια.



**Γράφημα 4.2:** Αναπαράσταση του επιδημικού μοντέλου SIR

#### 4.2.3.1 Επεκτάσεις του SIR Μοντέλου

Το επιδημικό Μοντέλο SIR είναι εύκολο να επεκταθεί ώστε να μπορεί να χειριστεί πιο σύνθετες υποθέσεις. Αρχικά, δεν είναι δύσκολο να υποθέσει κάποιος ότι η μολυσματική περίοδος είναι πιθανό να ξεκινήσει μεταξύ κάποιων ζευγών κόμβων δημιουργώντας μία ξεχωριστή πιθανότητα προσβολής των συνδέσεων τους, σε ένα κατευθυνόμενο δίκτυο επαφών (direct contact network). Εδώ, οι μεγαλύτερες τιμές

των ζευγών των κόμβων - ατόμων αντιστοιχούν στη στενότερη επαφή που έχει ως αποτέλεσμα πιθανότατα τη μετάδοση, ενώ οι μικρότερες τιμές δείχνουν λιγότερη επαφή. Μπορεί επιπλέον να μοντελοποιηθεί η περίοδος της μόλυνσης ως τυχαία σε μήκος (random in length) από την παραδοχή ότι ένας μολυσμένος κόμβος – άτομο έχει μια πιθανότητα να ανακάμψει σε κάθε βήμα, παρόλο που έχει μολυνθεί.

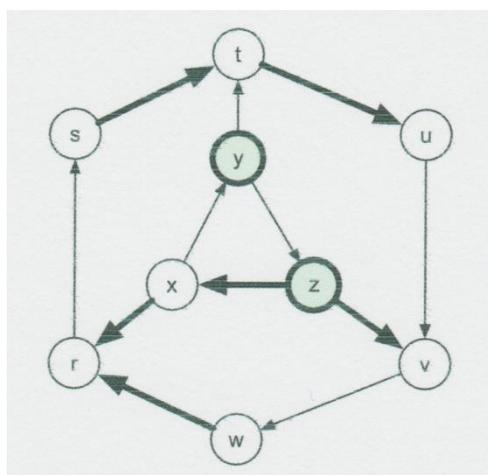
Περισσότερες επεκτάσεις του μοντέλου περιλαμβάνουν τον διαχωρισμό του σταδίου της λοίμωξης σε μια ακολουθία από πολλά (π.χ., πρώιμη, μέση και τελική περίοδο της μόλυνσης), και επιτρέποντας οι πιθανότητες μετάδοσης να διαφέρουν μεταξύ των σταδίων αυτών. Οι ερευνητές έχουν λάβει υπόψη τους ποικίλες παραλλαγές του μοντέλου SIR στις οποίες ο ιός που προκαλεί την ασθένεια υπάρχει πιθανότητα να μεταλλάσσεται κατά τη διάρκεια της επιδημίας. (D. Easley, J. Kleinberg, 2010)

#### 4.2.3.2 Η Διήθηση (Percolation)

Η χρήση των ανοιχτών και κλειστών ακρών (edges) ενός γράφου καθορίζουν τη διάρκεια μίας επιδημίας:

Ένας κόμβος μολύνεται κατά τη διάρκεια μίας επιδημίας, αν και μόνο αν υπάρχει ένα μονοπάτι από τον κόμβο αυτό, προς τους αρχικά μολυσμένους κόμβους που αποτελούνται από ανοιχτές άκρες (edges). Αυτή η στατική άποψη του μοντέλου αναφέρεται ως διήθηση (percolation). (D. Easley, J. Kleinberg, 2010)

Αν σκεφτούμε το δίκτυο επαφών (contact network) ως ένα σύστημα σωλήνων, και τον ιό ως κινούμενο υγρό μέσα σ' αυτούς, τότε τα άκρα του δικτύου επαφών που καταφέρνουν να κάνουν την μετάδοση του υγρού, είναι οι 'ανοιχτοί' σωλήνες και τα άκρα που δεν τα καταφέρνουν είναι οι 'μπλοκαρισμένοι' σωλήνες. (B. Bollobas, O. Riordan, 2006)

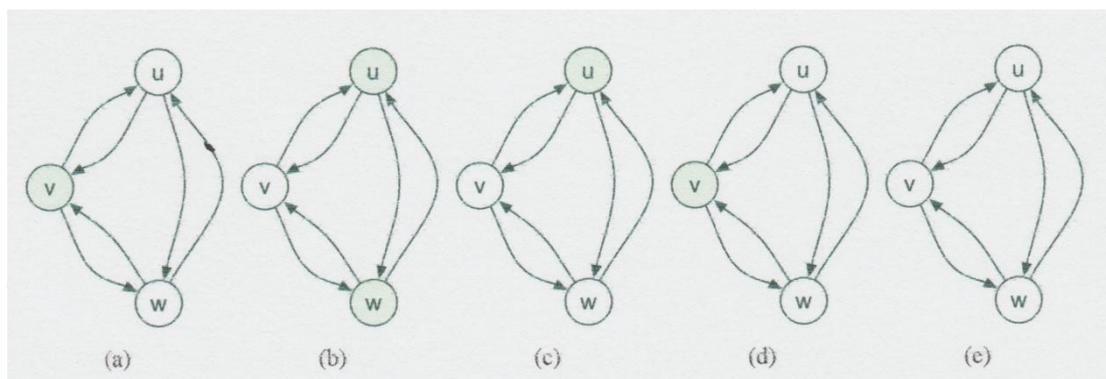


Σχήμα 4.2: Αναπαράσταση της Διήθησης με ανοιχτές και κλειστές άκρες

#### 4.2.4 Το Επιδημικό Μοντέλο SIS

Μια απλή παραλλαγή των επιδημικών μοντέλων των υποενοτήτων που παρατέθηκαν, επιτρέπει την υπόθεση πως οι κόμβοι που προσβάλλονται από κάποια επιδημία μπορούν να νοσήσουν παραπάνω από μία φορές. Τέτοιες επιδημίες, έχουμε όταν οι κόμβοι εναλλάσσονται ανάμεσα στις καταστάσεις της ευαισθησίας (S) και της λοίμωξης (I). Σε αυτό το μοντέλο δεν υφίσταται τρίτο στάδιο, δηλαδή στην κατάσταση της αφαίρεσης (R) το μοντέλο επιστρέφει στην κατάσταση της ευαισθησίας (S). Αυτός λοιπόν είναι και ο λόγος που ονομάστηκε μοντέλο SIS. Η διαδικασία που ακολουθεί αυτό το μοντέλο είναι παρόμοια με αυτήν του μοντέλου SIR. Πιο αναλυτικά, το δίκτυο εμφανίζει κάποιους κόμβους - άτομα σε λοιμώδη (I) κατάσταση και όλους τους άλλους σε κατάσταση ευαισθησίας (S). Κάθε κόμβος - άτομο που εισέρχεται στην λοιμώδη κατάσταση (I) παραμένει μολυσμένος για σταθερό χρονικό διάστημα. Στη διάρκεια αυτού του διαστήματος, οι μολυσμένοι κόμβοι - άτομα έχουν την πιθανότητα να κολλήσουν την ασθένεια σε κάθε ευαίσθητο (S) γείτονά τους. Μετά από το διάστημα αυτό, οι λοιμώδεις κόμβοι - άτομα δεν είναι πλέον μολυσμένοι και επιστρέφουν στην αρχική τους κατάσταση ως ευαίσθητοι (S).

Όπως με το μοντέλο SIR, έτσι και το μοντέλο SIS μπορεί να επεκταθεί για να χειριστεί πιο σύνθετα είδη υποθέσεων: διαφορετικές πιθανότητες μετάδοσης μεταξύ διαφορετικών ζευγών κόμβων - ατόμων, πιθανότητα ανάρρωσης από ασθένεια, όπου κάθε μολυσμένος κόμβος επιστρέφει πίσω στην ευαίσθητη κατάσταση με κάποια πιθανότητα, και πολλαπλά στάδια της μόλυνσης, με ποικίλες ιδιότητες της νόσου μεταξύ τους. (D. Easley, J. Kleinberg, 2010)



Σχήμα 4.3: Το επιδημικό Μοντέλο SIS

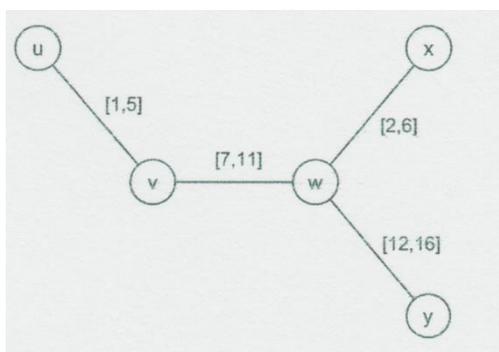
#### 4.2.5 Το Μοντέλο των Παροδικών Επαφών

Μέχρι στιγμής έχουν παρουσιαστεί μοντέλα επιδημιών που εξελίσσονται σε ταχύτατα χρονικά διαστήματα. Οι ασθένειες που εξαπλώνονται μέσω ενός πληθυσμού σε μεγαλύτερες χρονικές κλίμακες όπως οι σεξουαλικά μεταδιδόμενες ασθένειες,

παραδείγματος χάριν το HIV / AIDS, παίρνουν πολλά χρόνια να εξελιχθούν στο δίκτυο, με αποτέλεσμα η πορεία τους να εξαρτάται σε μεγάλο βαθμό από τις ιδιότητες της σεξουαλικής επαφής ανά ζευγάρι. Οι περισσότεροι άνθρωποι έχουν μικρό αριθμό επαφών σε οποιαδήποτε χρονική στιγμή, ενώ οι ταυτότητες αυτών των επαφών μπορεί να αλλάξουν, κατά την διάρκεια εξέλιξης της νόσου, δηλαδή νέες σχέσεις σχηματίζονται και άλλες διαλύονται.

Για την μοντελοποίηση αυτών των δικτύων, είναι σημαντικό να λαμβάνεται υπόψη το γεγονός ότι οι επαφές είναι παροδικές, δηλαδή δεν διαρκούν αναγκαστικά μέσα από την όλη πορεία της επιδημίας, αλλά μόνο για συγκεκριμένα χρονικά διαστήματα.

Ένα παράδειγμα αυτού του είδους των σχέσεων παρουσιάζεται στο σχήμα 4.4. Οι αριθμοί μέσα σε αγκύλες αναφέρονται σε ένα χρονικό περιθώριο όπου υφίσταται κάθε άκρη.



**Σχήμα 4.4:** Αναπαράσταση Μοντέλου Επιδημίας Παροδικών Επαφών

Αρχικά λοιπόν, συνέβησαν οι σχέσεις u-v και w-x, οι οποίες συνέβησαν στο ίδιο χρονικό διάστημα. Ενώ μετά από αυτό, ο κόμβος w έχει μια σχέση με τον κόμβο v και στη συνέχεια με τον κόμβο y. Σημειώνεται επίσης, ότι για το κομμάτι αυτό, οι άκρες είναι μη-κατευθυνόμενες, ώστε να φανεί πως η μόλυνση μπορεί να περάσει σε οποιαδήποτε κατεύθυνση ανάμεσα στα ζεύγη των ατόμων ενός πληθυσμού.

#### 4.2.5.1 Ταυτοχρονισμός (Concurrency)

Οι διαφορές στο χρονοδιάγραμμα των επαφών δεν επηρεάζει μόνον το ποιός έχει την πιθανότητα να μεταδώσει την ασθένεια σε ποιόν, αλλά το μοτίβο του ταυτοχρονισμού μπορεί να επηρεάσει τη σοβαρότητα της επιδημίας. (R. May, 1992)

Όταν ένα άτομο συνάπτει διαφορετικές αλλά ταυτόχρονες σχέσεις μέσα στο ίδιο χρονικό διάστημα, τότε το μοτίβο του ταυτοχρονισμού που προκαλείται δίνει την ώθηση στην ασθένεια να εξαπλωθεί πιο επιθετικά μέσω αυτού του δικτύου των τριών ατόμων.

Σε μοντέλα προσομοίωσης που έγιναν για τον ταυτοχρονισμό, οι Morris και Kretzschmar ανακάλυψαν ότι υπάρχουν μικρές διαφορές στην ποσότητα του

ταυτοχρονισμού, οι οποίες μπορούν να προκαλέσουμε μεγάλες αλλαγές στο μέγεθος της επιδημίας. (M. Morris, M. Kretzschmar, 1997)

Ο ταυτοχρονισμός είναι ένα συγκεκριμένο είδος σχεδίου για να βρεθεί το χρονοδιάγραμμα των σχέσεων σε ένα δίκτυο επικοινωνίας και μετάδοσης μίας ασθένειας σε έναν πληθυσμό.

### **4.3 Γενετική Κληρονομία**

Σε αυτό το υποκεφάλαιο, παρουσιάζεται η κατάσταση της γενετικής κληρονομιάς, δηλαδή η προοπτική της τυχαίας (random) εξάπλωσης σε μια κατάσταση όπου οι συνδέσεις είναι πιο λεπτές, και θέλουν λίγο χρόνο ώστε να καθοριστούν επακριβώς η ταυτότητα του δικτύου και η διαδικασία μετάδοσης της κατάστασης μέσα από αυτό. Αν αποδεχτούμε την κληρονομικότητα των χαρακτηριστικών ως μία τυχαία διαδικασία που λαμβάνει χώρα σε ένα δίκτυο όπου συνδέει οργανισμούς σε διαδοχικές γενεές, τότε μπορούν να ληφθούν κάποιες θεμελιώδεις κληρονομικές διαδικασίες.

#### **4.3.1 Η Εύα του Μιτοχονδρίου (Mitochondrial Eve)**

Το 1987 επιστήμονες ισχυρίστηκαν πως το γενεαλογικό δέντρο των ανθρώπων έχει σαν ρίζα του μία γυναίκα που έζησε μεταξύ 100.000 και 200.000 χρόνια πριν.

Ένας τρόπος με τον οποίο κατέληξαν στο συμπέρασμα αυτό οι επιστήμονες, ήταν ύστερα από την μελέτη του γενετικού υλικού (DNA) και πιο συγκεκριμένα, τα μιτοχόνδρια των κυττάρων μας. Στο DNA των μιτοχονδρίων καταγράφονται μόνο οι πληροφορίες που προέρχονται από την μητέρα. Έτσι, μπορεί ο καθένας να συμπεράνει πως, πέραν του κοινού γενετικού υλικού που φέρουμε και από τους δύο γονείς μας, φέρουμε και το γενετικό υλικό όλου του θηλυκού γενεαλογικού μας δέντρου. Με αυτό κατά νου, οι μελετητές ανέλυσαν το DNA που είχαν τα μιτοχόνδρια του δείγματός τους (πληθυσμού) και κατέληξαν στο συμπέρασμα ότι όλα τα δείγματα του DNA των μιτοχονδρίων που συνέλεξαν από αυτόν τον πληθυσμό, πιθανόν είχαν κοινή προέλευση 100.000 έως 200.000 χρόνων πριν. Δηλαδή το μιτοχονδρικό γονιδίωμα, που έφεραν τα πρόσωπα του πειράματος, ανήκε σε μία και μοναδική γυναίκα. Με αφορμή αυτό λοιπόν, οι ερευνητές αναφέρονται σε αυτή τη γυναίκα ως Εύα του DNA των μιτοχονδρίων. (R. Cann, M. Stoneking, 1987)

Ο προσδιορισμός του πειράματος της Εύας του μιτοχονδρίου ήταν κατά μία έννοια μια ιδέα που είχαν οι ερευνητές την προηγούμενη δεκαετία (Nordborg M., 2001). Αυτή η ιδέα βασίστηκε σε μοντέλα που θα μπορούσαν να προβλέψουν την ύπαρξη κοινού προγόνου και να γίνουν εκτιμήσεις σχετικά με την πείρα τους. Οι μελετητές παρουσίασαν σε ένα μαθηματικό επίπεδο, ότι η ύπαρξη γενετικού υλικού όπως η

Εύα του μιτοχονδρίου δεν ήταν μόνο φυσική, αλλά αναπόφευκτη. Ουσιαστικά, το μοντέλο αυτό δημιουργήθηκε από μία φόρμουλα που αφορούσε τα δίκτυα.

Με αυτόν τον τρόπο, μπορεί κανείς να εκτιμήσει πως με τη διαδικασία με την οποία αντιγράφεται το μιτοχονδριακό DNA στις επόμενες γενεές, μπορεί να εξαπλωθεί και μία επιδημία από άτομο σε άτομο.

#### **4.3.2 Γενετική Ερμηνεία**

Όσο η κληρονομικότητα του μιτοχονδριακού DNA φτάνει για μια απλή διαδικασία της μονογονεϊκής κληρονομιάς, το μοντέλο Wright - Fisher είναι σχετικό με τους σεξουαλικά αναπαραγόμενους πληθυσμούς για έναν πιο θεμελιώδη λόγο. Παρά το γεγονός ότι τα χρωμοσώματα των προγόνων (γονείς) συνδυάζονται προκειμένου να παράγουν το γονιδίωμα των απογόνων (παιδιά), κάθε μεμονωμένο σημείο στο γονιδίωμα των απογόνων (νουκλεοτίδια) έχει κληρονομηθεί από ένα μόνο πρόγονο. Με κατάληξη, αν κάποιος απόγονος θελήσει να εντοπίσει την καταγωγή ενός ενιαίου σημείου στο γονιδίωμά του, είναι υποχρεωμένος να ακολουθήσει την μονογονεϊκή καταγωγή του, ακόμη και αν οι απόγονοι παράγονται από τη σεξουαλική αναπαραγωγή.

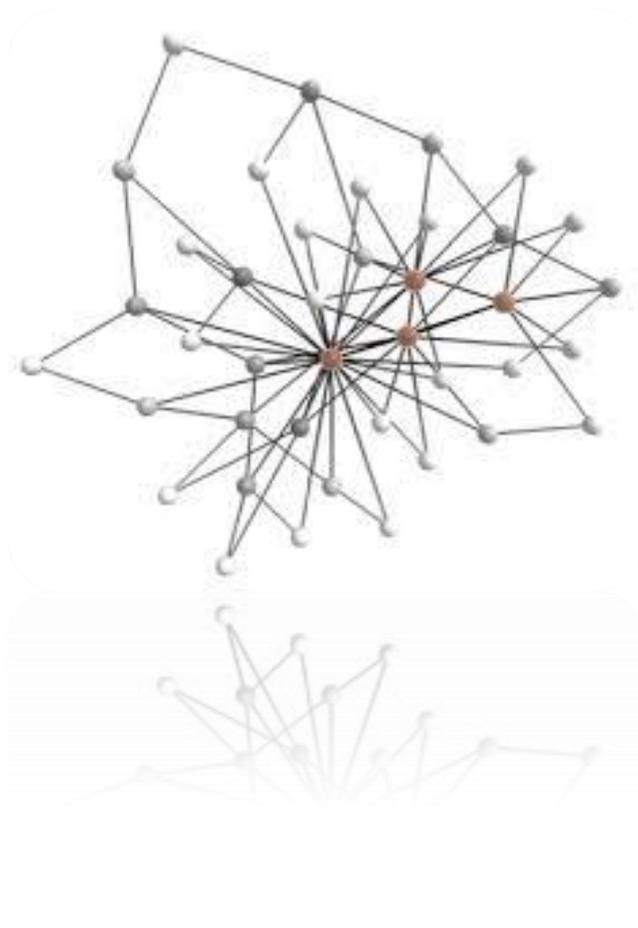
Ο πιο πρόσφατος κοινός πρόγονος για αυτό το συγκεκριμένο σημείο, που αναζητείται σε ένα πληθυσμό ατόμων, ακολουθεί την ίδια ανάλυση όπως για το μιτοχονδριακό DNA.

Λόγω του ανασυνδυασμού, η γενεαλογία για ένα σημείο του γονιδιώματος μπορεί να διαφέρει από τις γενεαλογίες ενός κοντινού σημείου. Έτσι, ακόμα και ο πιο πρόσφατος κοινός πρόγονος μπορεί να διαφέρει σημαντικά. Μπορεί να αναπτυχθούν μοντέλα για το πώς αυτές οι καταγωγές σχετίζονται μεταξύ τους, αλλά η ανάλυση γίνεται περίπλοκη (C. Wiuf, J. Hein, 1997).

Υπάρχουν πολλά άλλα θέματα που προκύπτουν κατά την επέκταση αυτών των απλοποιημένων μοντέλων σε πιο σύνθετες γενετικές εφαρμογές.



## Κεφάλαιο 5: Εφαρμογή Βιολογικού Δικτύου με το Εργαλείο Netlogo



## 5.1 Περιγραφή του Εργαλείου Netlogo

Το εργαλείο NetLogo 5.1.0 είναι ένα πολύ-παραγοντικό περιβάλλον προγραμματισμού μοντέλων και δυνατότητας HubNet προσομοίωσης (βασίζεται μία client – server αρχιτεκτονική), που αναπτύχθηκε στο Northwestern's Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling (CCL) από τον Uri Wilensky, και χρησιμοποιείτε από δεκάδες χιλιάδες φοιτητές, καθηγητές και ερευνητές σε όλο τον κόσμο [4].

Η χρήση του Netlogo γίνεται μέσω ενός μοντέλου agent-based (παραγόντων), όπου γίνεται μια προσομοίωση στην οποία μεμονωμένα αντικείμενα, ή παράγοντες, κινούνται και αλληλεπιδρούν μεταξύ τους μέσω συγκεκριμένων κανόνων μέσα στο περιβάλλον τους. Οι χρήστες μπορούν να τελειοποιήσουν αυτούς τους κανόνες μεταβάλλοντας την ταχύτητα κίνησης των παραγόντων ή κάνοντας διάφορες αλλαγές (π.χ. δημιουργία νέων ειδών αλληλεπίδρασης)[4].

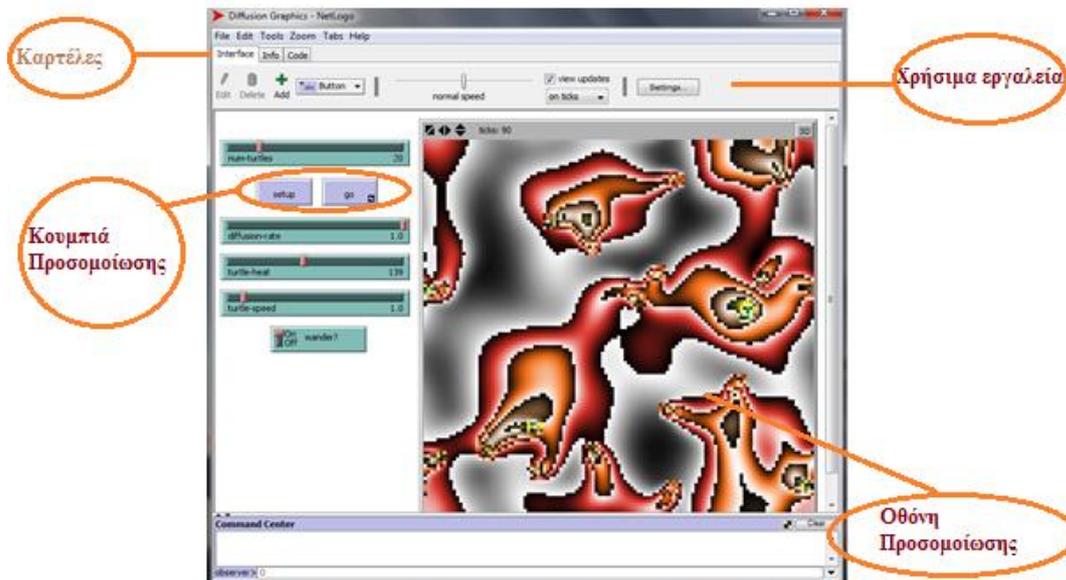
Στο NetLogo, ο χώρος προσομοίωσης χωρίζεται σε διακριτά patches (συμπληρώματα, επιθέματα). Σε κάθε patch ξεχωριστά μπορούν να δοθούν χαρακτηριστικά όπως η εμφάνιση, οι ιδιότητες, και οι κανόνες που θα εκτελεί.

Ένα μοντέλο του Netlogo μπορεί να περιέχει πολλαπλά είδη ή φυλές, από agents όπου ο καθένας μπορεί να έχει τη δική του εμφάνιση και τους δικούς του κανόνες. Στα περισσότερα μοντέλα όμως, οι agents και τα patches αλληλεπιδρούν μόνο με άλλους κοντινούς agents και patches, ώστε στα μεγαλύτερης κλίμακας μοντέλα προσομοίωσης να προκύπτουν συγκεκριμένες αλληλεπιδράσεις και συμπεριφορές από αυτές τις απλές σχέσεις (Anton E. Weisstein, 2013).

Επιπλέον το εργαλείο Netlogo είναι ένα πολύ-εργαλείο στο οποίο μπορούν να εργαστούν επιστήμονες διάφορων κλάδων και κατευθύνσεων ή ερασιτέχνες με πολλά και διάφορα ενδιαφέροντα. Ενδεικτικά το Netlogo δίνει την δυνατότητα προσομοίωσης στις επιστήμες της Κοινωνιολογίας, της Βιολογίας, της Χημείας και Φυσικής, της Πληροφορικής, της Γεωλογίας, των Μαθηματικών, των Τεχνών και πολλών άλλων επιστημών.

### 5.1.1 Περιβάλλον και Χρήση του Netlogo

Στο εργαλείο NetLogo, η καρτέλα Interface επιτρέπει την εμφάνιση του μοντέλου και την έναρξη της προσομοίωσης με την βοήθεια των εργαλείων (π.χ. κουμπιά έναρξης και παύσης της προσομοίωσης) που έχουν προγραμματιστεί και δοθεί από τον δημιουργό του μοντέλου. Επίσης, δίνει την δυνατότητα προβολής της προσομοίωσης και σε 3D διαστάσεις.



*Εικόνα 5.1: Το περιβάλλον του εργαλείου Netlogo κατά την διάρκεια μιας καλλιτεχνικής προσομοίωσης*

Στην καρτέλα Info δίνονται οι πληροφορίες – επεξηγήσεις του δημιουργού του εκάστοτε μοντέλου για το τι πραγματεύεται η προσομοίωση που έχει δημιουργήσει, όπως για παράδειγμα μια περίληψη των κανόνων που διέπουν τη συμπεριφορά των agents που έχει χρησιμοποιήσει, μία περιγραφή των βασικών ελέγχων του μοντέλου και των παραμέτρων του. Είναι πιθανό να προτείνονται και κάποιες από τις επεκτάσεις του μοντέλου.

Στην τρίτη καρτέλα Code, που ίσως να είναι και η πιο καθοριστική, γράφεται ο κώδικας του μοντέλου με ή όχι την χρήση σχολίων. Η καρτέλα αυτή καθορίζει τα είδη των agents και τις ιδιότητές τους, ανοίγει το περιβάλλον προσομοίωσης όπου "ζουν" οι agents, και καθορίζει τους κανόνες συμπεριφοράς και αλληλεπίδρασής τους.

## 5.2 Προσομοίωση Μετάδοσης του Ιού HIV με τη Χρήση του Netlogo

Στην παρούσα εργασία η εφαρμογή που αναπτύσσεται στο εργαλείο Netlogo αναπαριστά την μετάδοση του συνδρόμου της Επίκτητης Ανοσοανεπάρκειας (Acquired Immune Deficiency Syndrome), γνωστό ως AIDs, που προκαλείται από τον ιο Human Immunodeficiency Virus (HIV).

Αυτό το μοντέλο προσομοιώνει την εξάπλωση του ιού HIV, μέσω της σεξουαλικής μετάδοσης, μέσα σε ένα μικρό απομονωμένο ανθρώπινο πληθυσμό. Ο HIV μεταδίδεται με ποικίλους τρόπους, με πιο διαδεδομένο και ευρύτερο την σεξουαλική επαφή. Παρόλα αυτά, ο HIV μπορεί επίσης να μεταδοθεί σύριγγες που μοιράζονται οι

χρήστες ενέσιμων ναρκωτικών, μέσω των μεταγγίσεων αίματος, καθώς επίσης και από γυναίκες φορείς του HIV που μπορούν να μεταδώσουν το σύνδρομο στα μωρά τους, πριν ή κατά τη διάρκεια της γέννησης, ή αργότερα μέσω του θηλασμού.

Στην παρούσα εργασία επιλέχθηκε να γίνει μελέτη της μετάδοσης του ιού μέσω των συριγγών που χρησιμοποιούνται μεταξύ των χρηστών ενέσιμων ναρκωτικών. Σύμφωνα με μελέτες 18 εκατομμύρια ανθρώπων στην Ευρωπαϊκή Ένωση (ΕΕ) είναι χρήστες παράνομων ουσιών, το ποσοστό που αναλογεί σε χρήστες ενέσιμων ναρκωτικών ουσιών από τα 18 εκατομμύρια είναι το 5% [5]. Στο 5% αυτό, το 0,63% αναλογεί στους χρήστες που κόλλησαν το σύνδρομο AIDS, με την χρήση κοινής σύριγγας. (Patel P., Borkowf C. B., 2014)

### 5.3 Εφαρμογή - Προσομοίωση

Το μοντέλο που παρουσιάζεται στην εφαρμογή της εργασίας έγινε σύμφωνα με το μοντέλο των Erdős-Rényi του τυχαίου γράφου, όπου κάθε ζεύγος ανθρώπων έχει ίση πιθανότητα επαφής ανεξάρτητα από τα υπόλοιπα ζεύγη. Ενώ η μετάδοση της μόλυνσης μέσα στο δείγμα έγινε σύμφωνα με το επιδημικό μοντέλο Παροδικών Επαφών, όπου η εξάπλωση της μόλυνσης χρειάζεται μεγαλύτερο χρονικό διάστημα για να εξελιχτεί.

Το δείγμα που χρησιμοποιείτε στην εφαρμογή είναι 500 άτομα (χαρακτήρες – στην εφαρμογή Netlogo παρουσιάζονται σαν turtles), οι οποίοι είναι χρήστες ενέσιμων ναρκωτικών ουσιών, και μέσα σε αυτούς υπάρχει 0,63% που νοσεί από τον ιό του AIDS, σύμφωνα με την μελέτη που αναφέρεται στην προηγούμενη ενότητα.

Σε ένα κομμάτι του δείγματος λοιπόν, παρέχεται η τυχαία δυνατότητα επιλογής ή όχι κοινής σύριγγας ανάμεσα στους ανθρώπους μέσω της διαδικασίας setup-people, αλλά στην περίπτωση της χρήσης μέσω της μολυσμένης κοινής σύριγγας το “υγιές” άτομο θα νοσήσει 100%.

Ο κώδικας της εφαρμογής ελέγχεται μέσω Boolean μεταβλητών τα εξής:

- syringed? – Το αν έχει μολυνθεί το πρόσωπο χωρίς να το γνωρίζει.
- syr-known? – Αν η μόλυνση είναι γνωστή ή όχι στο πρόσωπο
- shared? – Αν το πρόσωπο έχει μοιραστεί σύριγγα με κάποιον άλλο ή όχι.

Αυτές είναι οι βασικές μεταβλητές στις οποίες είναι βασισμένη η εφαρμογή.

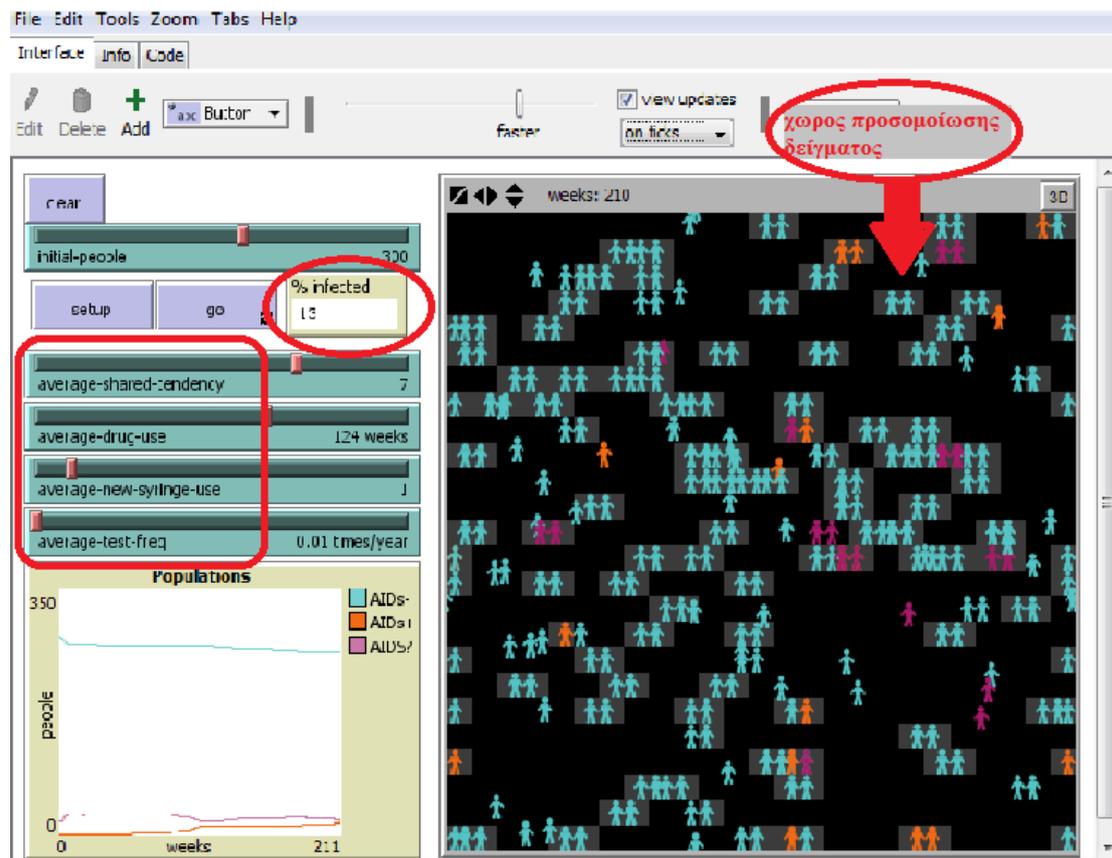
Επίσης, ο κώδικας ελέγχει την τάση της λοίμωξης του πληθυσμού και χειροκίνητα, δηλαδή ποιο κομμάτι του πληθυσμού θα νοσήσει, με την χρήση των μεταβλητών ανάθεσης (assign) που φαίνονται παρακάτω. Με αποτέλεσμα τη συλλογή στοιχείων που έχουν τη δυνατότητα να αλλάζουν, ανάλογα με το πρόβλημα που τους δίνεται.

- drug-use: πόσο καιρό το πρόσωπο θα κάνει χρήση με σύριγγα

- shared-tendency: πόσο πιθανό είναι το πρόσωπο να μοιράζεται μαζί με άλλους ταυτόχρονα
- new-syringe-use: πόσοι θα χρησιμοποιούν καθαρές (καινούριες) σύριγγες
- test-freq: πόσο συχνά θα εξετάζεται μέσα στο χρόνο.

Με αυτές τι μεταβλητές δίνεται στο χρήστη του μοντέλου η δυνατότητα να μεταβάλει τις τιμές των βοηθητικών μεταβλητών και να αλλάξει τα δεδομένα του μοντέλου με αποτέλεσμα να συλλέξει άλλες πληροφορίες από τις αρχικές που έχουν οριστεί στο μοντέλο.

Κατά την διάρκεια της προσομοίωσης δίνεται η δυνατότητα παρακολούθησης των αλλαγών των καταστάσεων ανάμεσα στο δείγμα μέσω της χρωματικής διαδικασίας color, όπου οι άνθρωποι ξεκινούν σαν “υγιείς” με χρώμα γαλάζιο, και αν κολλήσουν τον ιό μετατρέπονται σε μωβ αν δεν γνωρίζουν πως μολύνθηκαν ή σε πορτοκαλί αν το γνωρίζουν. Όπως επίσης, δίνεται και το ποσοστό μόλυνσης του δείγματος επί τοις εκατό, και απεικονίζεται με την γραφική παράσταση, παρουσιάζοντας στοιχειά μόλυνσης την διάρκεια της προσομοίωσης σε εβδομαδιαία βάση. Το ποσοστό μεταβάλλεται μέχρι τη στιγμή που δεν θα υπάρξει άλλη αλλαγή.



*Εικόνα 5.2: Φαίνεται το ποσοστό μόλυνσης, ο Χώρος Προσομοίωσης και οι ευμετάβλητες μεταβλητές.*

### 5.3.1 Ανάλυση του Κώδικα

Σε αυτό το υποκεφάλαιο εξηγούνται τα βασικά κομμάτια του κώδικα. Η παράθεση όλου του προγράμματος δίνεται στο Παράρτημα I.

Ο κώδικας ξεκινάει αρχικά με τις global και τις turtles-own μεταβλητές. Αυτές οι μεταβλητές είναι ουσιαστικά δομές οι οποίες περιέχουν μεταβλητές που μπορούν να χρησιμοποιηθούν από όλες τις turtles (ανθρώπους) του δείγματος.

```
globals [  
inf-syr-chance  
sympt-syr-show  
x-1 (1)  
x-2  
x-3  
x-4 ]
```

```
turtles-own [  
syringed?  
syr-known?  
use-length  
shared?  
shared-length  
drug-use  
shared-tendency  
new-syringe-use  
test-freq  
syr-partner ]
```

(1) οι μεταβλητές x είναι προσωρινές βοηθητικές μεταβλητές που κυρίως χρησιμοποιούνται στην καρτέλα Interface στις μπάρες που δείχνουν τα average, και συντονίζουν το μοντέλο κατά τη διάρκεια της προσομοίωσης.

Έπειτα ξεκινάει το κομμάτι των διαδικασιών του setup

```
to setup-globals (2)  
set inf-syr-chance 100  
set sympt-syr-show 200.0  
set x-1 average-drug-use  
set x-2 average-shared-tendency  
set x-3 average-new-syringe-use  
set x-4 average-test-freq  
end
```

(2) Αρχικά καθορίζονται οι μεταβλητές globals. Θέτει την πιθανότητα μόλυνσης στο 100 μετά την κοινή χρήση και δίνει τιμές στις βοηθητικές μεταβλητές.

```
to setup-people  
crt initial-people (3)  
[ setxy random-xcor random-ycor  
set syr-known? False  
set shared? False  
set syr-partner nobody
```

```

ifelse random 2 = 0
[ set shape "person righty" ]
[ set shape "person lefty" ] (4)
set syringed? (who < initial-people * 0.063)

```

```

if syringed?
[ set use-length random-float sympt-syr-show ]
assign-drug-use
assign-shared-tendency (5)
assign-new-syringe-use
assign-test-freq
assign-color ]
end

```

```

to assign-color
ifelse not syringed? (6)
[ set color cyan ]
[ifelse syr-known?
[ set color orange ]
[set color magenta ] ]
end

```

Το κυρίως πρόγραμμα του κώδικα.

```

to go
if all? turtles [ syr-known?
[ stop ]
check-x

```

```

ask turtles (7)

[ if syringed?
[ set use-length use-length + 1 ] (8)

if shared?
[ set shared-length shared-length + 1 ] ]

```

```

ask turtles
[ if not shared? and shape = "person righty" and (random-float 10.0 < shared
tendency) (9)
[ share ] ]

```

```

ask turtles [ dont-share ] (10)
ask turtles [ infection ]
ask turtles [ test ]
ask turtles [ assign-color ]

```

(3) Θέτει τους people να κινούνται τυχαία στο πεδίο χωρίζοντας τους σε δεξιούς και αριστερούς.

(4) Αρχικά μόνο το 0,63% του πληθυσμού είναι μολυσμένο.

(5) Αναθέτει τις turtles-own μεταβλητές στις x βοηθητικές μεταβλητές.

(6) Καθορίζει το χρώμα: οι υγιείς γαλάζιο, οι μολυσμένοι που το γνωρίζουν πορτοκαλί και οι μολυσμένοι που δεν το γνωρίζουν μωβ

(7) Η λέξη (ask) ζητάει από την εκάστοτε μεταβλητή να κάνει κάτι.  
(8) Στην συγκεκριμένη περίπτωση αυξάνει τα μεγέθη κατά 1 ή (9) καθορίζει τη θέση των ανθρώπων ή (10) καλεί κάποια άλλη διαδικασία

```
tick  
end
```

```
to check-x (11)  
if (x-1 != average-drug-use)  
[ ask turtles [ assign-drug-use ]  
set x-1 average-drug-use ]  
  
if (x-2 != average-shared-tendency)  
[ ask turtles [ assign-shared-tendency ]  
set x-2 average-shared-tendency ]  
end
```

```
to share  
let potential-syr-partner one-of (turtles-at -1 0)  
with [not shared? and shape = "person lefty"]
```

```
if potential-syr-partner != nobody (12)  
[ if random-float 10.0 < [shared-tendency] of potential-syr-partner  
[ set syr-partner potential-syr-partner  
set shared? True  
ask syr-partner [ set shared? true ]  
ask syr-partner [ set syr-partner myself ]  
move-to patch-here  
ask potential-syr-partner [move-to patch-here]  
set pcolor gray - 3 (13)  
ask (patch-at -1 0) [ set pcolor gray - 3 ] ] ]  
end
```

```
to dont-share  
if shared? and(shape = "person righty")  
[ if (shared-length > drug-use) or (14)  
([shared-length] of syr-partner) > ([drug-use] of syr-partner)  
[ set shared? False  
set shared-length 0  
ask syr-partner [ set shared-length 0 ]  
set pcolor black  
ask (patch-at -1 0) [ set pcolor black ]  
ask syr-partner [ set syr-partner nobody  
ask syr-partner [ set shared? false ]  
set syr-partner nobody ] ]  
end
```

(11) σε κάθε tick δηλαδή κάθε εβδομάδα γίνεται έλεγχος για να δούμε αν υπάρχει αλλαγή στα x. Αν έχει γίνει αλλαγή ρυθμίζεται η αντίστοιχη μεταβλητή (εδώ παραθέτονται μόνο οι δύο από τις τέσσερις μεταβλητές σαν παράδειγμα προς κατανόηση)

(12) Οι άνθρωποι έχουν την ευκαιρία να μοιραστούν τις παράνομες ουσίες και να κάνουν χρήση εφόσον κάποιοι είναι μαζί.  
(13) Για να φανεί ότι μοιράστηκαν την σύριγγα, τα παρακάτω patches γίνονται γκρι.

(14) Αν δυο άνθρωποι είναι μαζί για παραπάνω από ότι επιτρέπει η μεταβλητή drug-use, η διαδικασία της χρήσης κοινής σύριγγας τελειώνει.

```

to infection (15)
if shared? and syringed? and not syr-known?
[ if random-float 11 > new-syringe-use or
random-float 11 > ([new-syringe-use] of syr-partner)
[ if random-float 100 < inf-syr-chance
[ ask syr-partner [ set syringed? true ] ] ] ]
end

```

(15) Στην διαδικασία αυτή καθορίζονται ποιοι άνθρωποι θα νοσούν και θα το γνωρίζουν και ποιοι θα νοσούν χωρίς να το γνωρίζουν.

```

to test
if random-float 52 < test-freq
[ if syringed?
[ set syr-known? true ] ]
if use-length > sympt-syr-show (16)
[ if random-float 100 < 5
[ set syr-known? true ] ]
end

```

(16) Οι άνθρωποι έχουν την τάση να εξετάζουν την υγεία τους. . Μετά από το διάστημα sympt-syr-show, υπάρχει ένα 5% πιθανότητα το πρόσωπο να νοσήσει και να πάει στο γιατρό για εξέταση ακόμη και χωρίς την πρόθεση να εξεταστεί.

Για την εμφάνιση του ποσοστού στην καρτέλα Interface.

```

to-report %infected
ifelse any? Turtles
[ report (count turtles with [syringed?]) / count turtles) * 100 ]
[ report 0 ]
end

```

### 5.3.2 Αποτελέσματα προσομοίωσης

Στην εργασία αυτή παρατίθενται τρία σενάρια του μοντέλου με τα μόνα σταθερά και αμετάβλητα δεδομένα να είναι τα εξής:

- 1) Αν κάποιο άτομο, κάνει χρήση κοινής σύριγγας, μολυσμένης με τον ιό έχει 100% πιθανότητα να μολυνθεί - (inf-syr-chance 100).
- 2) Το 0,63% του πληθυσμού είναι μολυσμένο αλλά δεν το γνωρίζει (set syringed? (who < initial-people \* 0.0063)).
- 3) Τα πρόσωπα δεν εξετάζονται ποτέ παρά μόνο περιοδικά όταν το καθορίζει υποχρεωτικά το πρόγραμμα μέσω τις διαδικασίας (to test).
- 4) Από το σύνολο των 500ιων ανθρώπων θα γίνει χρήση δείγματος μόνο των 300ιων ανθρώπων.
- 5) Τα συμπτώματα θα εμφανίζονται μετά από 100 εβδομάδες.

Τα δεδομένα που μεταβλήθηκαν είναι:

- ✓ Το ποσοστό των προσώπων που μοιράζεται μαζί με άλλους ταυτόχρονα κοινή σύριγγα (average-shared-tendency) και

- ✓ Το ποσοστό του πληθυσμού που θα χρησιμοποιήσει καθαρή (καινούρια) σύριγγα (average-new-syringe-use)

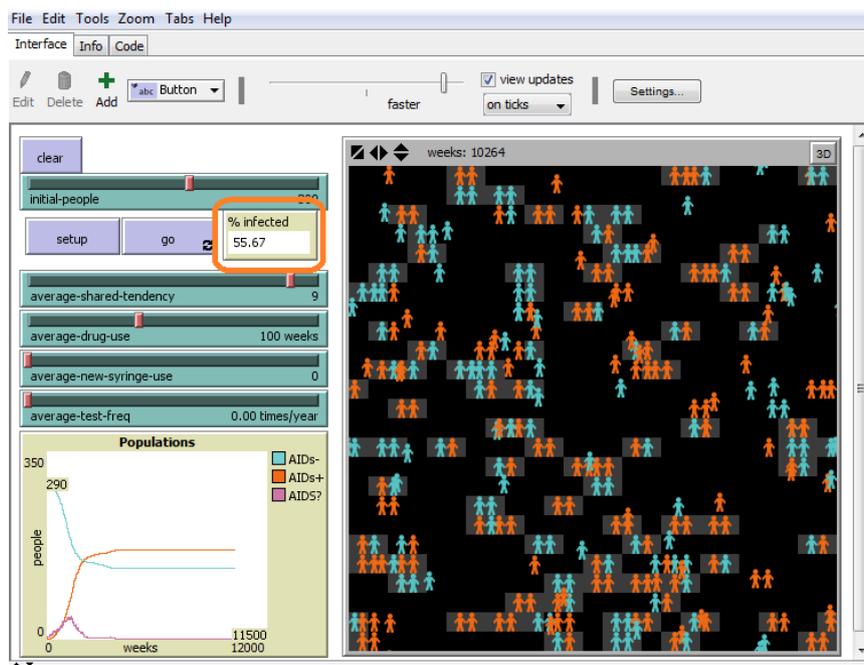
### 5.3.2.1 1<sup>ο</sup> Σενάριο

Σε αυτήν την ακραία περίπτωση στο average-shared-tendency δίνεται ο αριθμός 9 (ρυθμίζεται στην μπάρα της καρτέλας Interface) και στο average-new-syringe-use ο αριθμός 0 όπως φαίνεται στον Πίνακα 5.1. Το ποσοστό της μόλυνσης ξεκινάει με 0,67% και όχι 0,63% - γιατί δεν είναι δυνατό να είναι μολυσμένα 1,89 άτομα από τα 300 (σύμφωνα με την πράξη  $300 \cdot 0,0063 = 1,89$ ) - και στην εξέλιξη του φαινομένου φτάνει περίπου έως το 55,67% και αναφέρεται η λέξη περίπου διότι η κοινή χρήση γίνεται τυχαία μεταξύ των ανθρώπων.

<b>initial-people</b>	300
<b>average-shared-tendency</b>	9
<b>average-drug-use</b>	100 weeks
<b>average-new-syringe-use</b>	0
<b>average-test-freq</b>	0.00 times/year

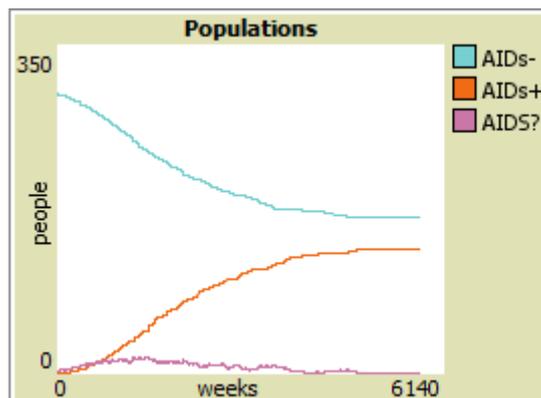
Πίνακας 5.1: Σενάριο 1<sup>ο</sup>

Με τα δεδομένα του πίνακα 5.1 η προσομοίωση του πρώτου σεναρίου δίνει τα αποτελέσματα που φαίνονται στην εικόνα 5.3.



Εικόνα 5.3: Σενάριο 1<sup>ο</sup>

Το αποτέλεσμα αυτό είναι λογικό γιατί το average-shared-tendency έχει τον αριθμό 9 πράγμα που σημαίνει πως το μεγαλύτερο κομμάτι του πληθυσμού μοιράζεται κοινή σύριγγα και το average-new-syringe-use έχει τον αριθμό 0, δηλαδή κανείς δεν χρησιμοποιεί καινούρια σύριγγα. Οπότε η εξάπλωση του ιού είναι εκτενής. Το γεγονός όμως ότι δεν ανεβαίνει παραπάνω αυτό το ποσοστό ώστε να καλύψει το 100% του κόσμου είναι επίσης λογικό γιατί μετά από το διάστημα των 6140 εβδομάδων περίπου όπως φαίνεται στο γράφημα 5.1, το ίδιο το πρόγραμμα αναγκάζει τους μολυσμένους να υποβληθούν σε εξέταση. Έτσι από ένα σημείο και μετά ο ιός δεν εξαπλώνεται περαιτέρω.



*Γράφημα 5.1: Σενάριο 1<sup>ο</sup>*

#### 5.3.2.2 2<sup>ο</sup> Σενάριο

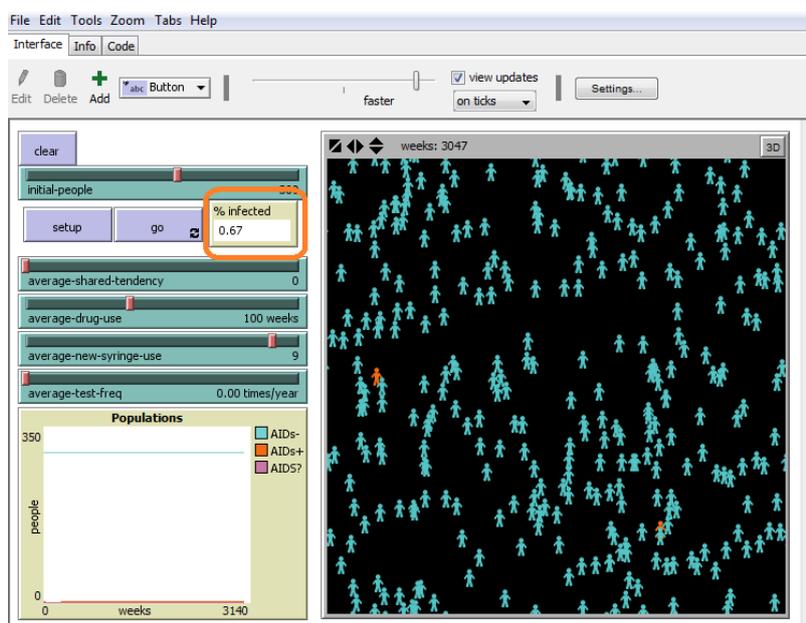
Σε αυτήν την δεύτερη ακραία περίπτωση το average-shared-tendency θα πάρει τον αριθμό 0 στην μπάρα της καρτέλας Interface και το average-new-syringe-use τον αριθμό 9 όπως φαίνεται στον πίνακα 5.2. Το ποσοστό της μόλυνσης ξεκινάει με 0,67% (όπως και στο πρώτο σενάριο) και παραμένει σε αυτό.

<b>initial-people</b>	300
<b>average-shared-tendency</b>	0
<b>average-drug-use</b>	100 weeks
<b>average-new-syringe-use</b>	9
<b>average-test-freq</b>	0.00 times/year

*Πίνακας 5.2: Σενάριο 2<sup>ο</sup>*

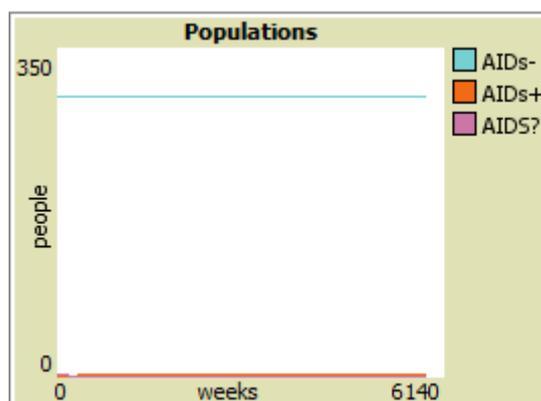
Με τα δεδομένα του πίνακα 5.2 η προσομοίωση του δεύτερου σεναρίου δίνει τα αποτελέσματα που φαίνονται στην εικόνα 5.4.

Όπως φανερό και από το αποτέλεσμα της προσομοίωσης που φαίνονται στην εικόνα 5.4 και το γράφημα 5.2 είναι απόλυτα λογικό, διότι η ποσότητα των ανθρώπων που μοιράζεται κοινή σύριγγα *average-shared-tendency* είναι 0, δηλαδή δεν μοιράζεται κανένας την σύριγγά του, και η ποσότητα των ανθρώπων που κάνει χρήση νέας σύριγγας *average-new-syringe-use* είναι 9.



*Εικόνα 5.4: Σενάριο 2<sup>ο</sup>*

Έτσι είναι σχεδόν αδύνατο κάποιος να μεταδώσει τον ιό κάτω από αυτές τις συνθήκες, και φυσικά αυτό είναι ένα ιδανικό σενάριο.



*Γράφημα 5.2: Σενάριο 2<sup>ο</sup>*

### 5.3.2.3 3<sup>ο</sup> Σενάριο

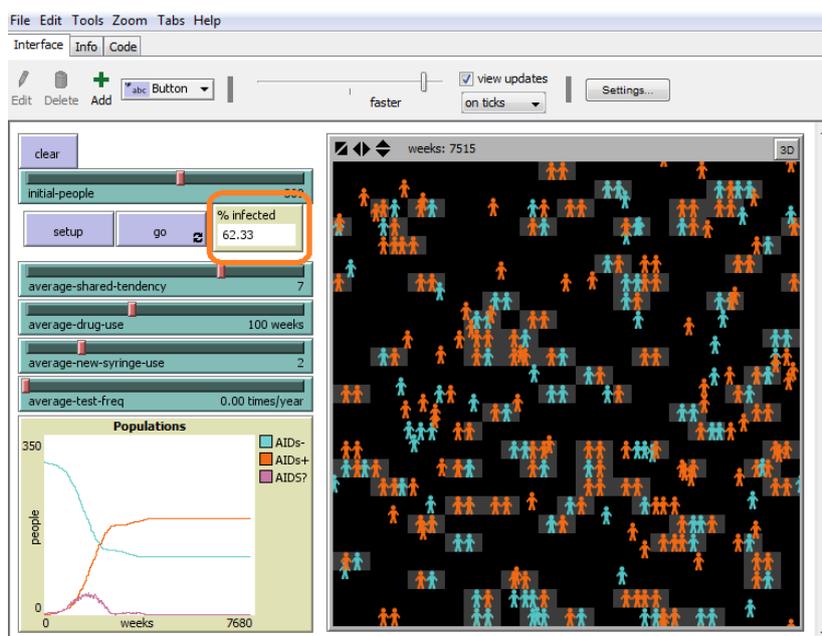
Στην τρίτη περίπτωση τα δεδομένα είναι πιο κοντά στην πραγματικότητα το *average-shared-tendency* θα πάρει τον αριθμό 7 στην μπάρα της καρτέλας Interface και το *average-new-syringe-use* τον αριθμό 2 όπως φαίνεται στον πίνακα 5.3. Το ποσοστό της μόλυνσης ξεκινάει με 0,67% (για τον ίδιο λόγο με τα παραπάνω σενάρια) και

φτάνει περίπου το 62,33%, όπως και στο πρώτο σενάριο έτσι και σε αυτό η λέξη περίπου αναφέρεται διότι η κοινή χρήση γίνεται τυχαία μεταξύ των ανθρώπων.

<b>initial-people</b>	300
<b>average-shared-tendency</b>	0
<b>average-drug-use</b>	100 weeks
<b>average-new-syringe-use</b>	9
<b>average-test-freq</b>	0.00 times/year

*Πίνακας 5.3: Σενάριο 3<sup>ο</sup>*

Με τα δεδομένα του πίνακα 5.3 η προσομοίωση του τρίτου σεναρίου δίνει τα αποτελέσματα που φαίνονται στην εικόνα 5.4.

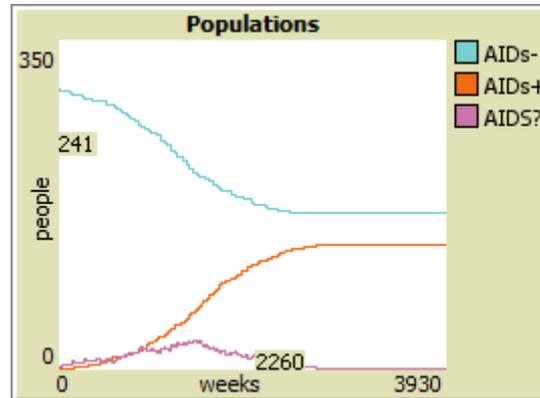


*Εικόνα 5.5: Σενάριο 3<sup>ο</sup>*

Σύμφωνα λοιπόν με τις ενδείξεις των προηγούμενων σεναρίων, και σε αυτή την περίπτωση είναι λογικό το αποτέλεσμα γιατί το average-shared-tendency έχει τον αριθμό 7 πράγμα που σημαίνει πως ένα σοβαρό κομμάτι του πληθυσμού μοιράζεται κοινή σύριγγα και το average-new-syringe-use έχει τον αριθμό 2, που σημαίνει πως το ποσοστό του πληθυσμού που χρησιμοποιεί καινούρια σύριγγα είναι μικρό αλλά όχι αμελητέο. Οπότε η εξάπλωση του ιού είναι εκτενής συμφωνά με τα υπάρχοντα δεδομένα, αλλά με ραγδαίες ταχύτητες εξάπλωσης όπως φαίνεται στο γράφημα 5.3.

Το ποσοστό όμως ανεβαίνει παραπάνω από αυτό του πρώτου σεναρίου. Αυτό οφείλεται και πάλι στα δεδομένα που δόθηκαν. Το γεγονός ότι το average-shared-tendency είναι 7 και το average-new-syringe-use είναι 2 καθυστερούν και

επεκτείνουν την εξάπλωση του ιού σε περισσότερο κόσμο γιατί υπάρχει αυτό το μικρό ποσοστό των χρηστών που δεν κάνουν κοινή χρήση σύριγγας και έτσι η τυχαία επιλογή των ανθρώπων καλύπτει μεγαλύτερο εύρος του κόσμου πιο αργά και το αναγκάζει να εξεταστεί περισσότερο.



*Γράφημα 5.3: Σενάριο 3<sup>ο</sup>*

## Κεφάλαιο 6: Συμπεράσματα



Τα σύνθετα δίκτυα δεν είναι μόνο δημοφιλή και ελκυστικά αλλά και ιδιαίτερα σημαντικά. Η μελέτη τους μπορεί να φανεί χρήσιμη σε πάρα πολλούς τομείς και επιστήμες του πραγματικού κόσμου, όπως για παράδειγμα στην κοινωνιολογία, πληροφορική, βιολογία, φυσική και άλλες. Τα σύνθετα δίκτυα παρέχουν δυνατότητες μελέτης των δικτύων κάθε επιστήμης, σύμφωνα με τα δεδομένα που εισάγονται σε αυτό, και ανάλογα με τις απαιτήσεις που έχει ο κάθε τομέας του πραγματικού κόσμου.

Στην παρούσα εργασία παρουσιάστηκε ο τρόπος αναπαράστασης των σύνθετων δικτύων και μελετήθηκε η δομή τους. Πρόκειται ουσιαστικά, για δίκτυα που σχηματίζονται αυθαίρετα, οι οντότητες δηλαδή που τα απαρτίζουν εισέρχονται στο δίκτυο και δημιουργούν συνδέσεις χωρίς προκαθορισμένο τρόπο. Επιπλέον οι οντότητες αυτές μπορεί οποιαδήποτε στιγμή να αποχωρήσουν από το δίκτυο.

Οι ερευνητές, βασιζόμενοι στην θεωρία των γράφων, χρησιμοποιούν θεωρητικά μοντέλα όπως τα Erdős-Rényi τυχαία δίκτυα και το Preferential Attachment (Barabasi - Albert) δίκτυα για να αναπαραστήσουν την αρχιτεκτονική των πραγματικών δικτύων, όπως είναι το δίκτυο του ανθρώπινου νευρικού συστήματος.

Στη μοριακή βιολογία τα δίκτυα αποτελούνται από μέρη που αλληλεπιδρούν μεταξύ τους (πρωτεΐνες, ένζυμα, γονίδια, κα.). Η κατανόηση των διεργασιών που διέπουν αυτά τα σύνθετα δίκτυα, αποτελεί πρόκληση αλλά και στόχο των ερευνητών, όσον αφορά την μελέτη της επίλυσης προβλημάτων (μεταλλάξεις, μετάδοση ασθενειών) μέσα στα δίκτυα αυτά.

Η επιδημιολογία, ως τμήμα της βιολογίας, όχι μόνο μελετάται με την βοήθεια των σύνθετων δικτύων, αλλά τα χρησιμοποιεί και ως εργαλεία για την ανάλυση, την μοντελοποίηση και την προσομοίωσή της.

Στην παρούσα εργασία, χρησιμοποιήσαμε το εργαλείο NetLogo και εξετάσαμε τη μετάδοση μιας ασθένειας (AIDS) σε μια ομάδα ανθρώπων. Ο πληθυσμός που επιλέξαμε αποτελεί δείγμα του συνολικού πληθυσμού, με την υπόθεση ότι οι μεταξύ τους σχέσεις ακολουθούν το μοντέλο Erdős-Rényi, ενώ η μετάδοση της ασθένειας ανάμεσα στους ανθρώπους του δείγματος ακολουθεί το επιδημικό μοντέλο Παροδικών Επαφών.

Όπως παρουσιάστηκε και παραπάνω, έγιναν μετρήσεις για διάφορες συνθήκες και σενάρια ανάμεσα στο δείγμα, με αποτέλεσμα να ληφθούν δεδομένα μέσα από την προσομοίωση, τα οποία είναι αδύνατο να μελετηθούν και να πραγματοποιηθούν στον πραγματικό κόσμο.

Τα αποτελέσματα της προσομοίωσης δείχνουν την εξέλιξη της μόλυνσης νέων ατόμων (που δεν νοσούσαν) μέσα στο χρόνο. Τέτοιου είδους πληροφορίες είναι ιδιαίτερα χρήσιμες για την πρόβλεψη αλλά και δρομολόγηση προληπτικών μέτρων σε πολλά είδη ασθενειών.

## Βιβλιογραφία

Albert – Laszlo Barabasi. *Linked – How Everything is Connected to Everything Else and What it Means for Business, Science and Everyday Life*. 2003.

Albert-LászlóBarabási and Réka Albert. Emergence of scaling in random networks. *Science*, 286:509-512, 1999.

Albert – Laszlo Barabasi and Eric Bonabeau (2003). *Scale – Free Networks*. *Scientific American*, pp. 52 – 56.

Anton E. Weisstein, *Introduction to Programming in NetLogo* Truman State University 2013.

Boguna, M., Pastor-Satorras, R., Díaz-Guilera, A., Arenas, A. Emergence of clustering, correlations, and communities in a social network model. *Physical Review E* 70, 056122, 2004.

Bela Bollob'as and Oliver Riordan. *Percolation*. Cambridge University Press, 2006.

Carsten Wiuf and Jotun Hein. On the number of ancestors to a DNA sequence. *Genetics*, 147:1459–1468, 1997.

Charlotte H. Watts and Robert M. May. The influence of concurrent partnerships on the dynamics of HIV/AIDS. *Mathematical Biosciences*, 108:89–104, 1992.

David Easley, Jon Kleinberg: *Networks, Crowds, and Markets. Reasoning about a Highly Connected World* 2010

D.J. Watts, *Small Worlds: The Dynamics of Networks between Order and Randomness*, Princeton University Press, Princeton, NJ, 1999.

Duncan J. Watts and Steven H. Strogatz. Collective dynamics of 'smallworld' networks. *Nature*, 393:440-442, 1998.

Dauidsen, J., Ebel, H., Bornholdt, S.. Emergence of a small world from local interaction: Modeling acquaintance networks. *Physical Review Letters* 88, 128701, 2002.

Erdős, P., and A. Rényi, *Publ. On random graphs*. *Math. Debrecen* 6, 290, 1959.

Freeman, Linton. 2006. *The Development of Social Network Analysis*. Vancouver: Empirical Pres, 2006; Wellman, Barry and S.D. Berkowitz, eds., 1988. *Social Structures: A Network Approach*. Cambridge: Cambridge University Press.

F. Radicchi, C. Castellano, F. Cecconi, V. Loreto, D. Parisi, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 101 (2004) 2658.

Feist A.M., Palsson B.O.: The growing scope of applications of genome-scale metabolic reconstructions using *Escherichia coli*. *Nat Biotechnol* 2008, 26:659-667.

Girvan M., Newman M. E. J.: *Community structure in social and biological networks*, 2002.

Gurevich, M.: *The Social Structure of Acquaintanceship Networks*, Cambridge, MA: MIT Press (1961)

Hansen, William B. and Reese, Eric L. 2009. *Network Genie User Manual* Greensboro, NC: Tanglewood Research.

Jon Kleinberg. The wireless epidemic. *Nature (News & Views)*, 449:287–288, 2007.

Jared Diamond. *Guns, Germs, and Steel: The Fates of Human Societies*. W. W. Norton & Company, 1999.

Jeffrey Kephart, Gregory Sorkin, David Chess, and Steve White. Fighting computer viruses. *Scientific American*, pages 88–93, November 1997.

Kauffman Stuart A. *The Origins of Order: Self Organization and Selection in Evolution* Oxford University Press, 1993 - 709

Kleinberg, J. M. (2001) „Small-world Phenomena and the Dynamics of Information“ *Advances in Neural Information Processing Systems (NIPS)*.

Kumpula, J., Onnela, J.-P., Saramäki, J., Kaski, K., Kertész, J.. Emergence of communities in weighted networks. *Physical Review Letters* 99, 228701, 2007.

Martina Morris and Mirjam Kretzschmar. Concurrent partnerships and the spread of HIV. *AIDS*, 11(4):641–648, 1997.

Marsili, M., Vega-Redondo, F., Slanina, F.. The rise and fall of a networked society: A formal model *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS) (USA)* 101, 1439-1442, 2004.

Magnus Nordborg. Coalescent theory. In David J. Balding, Martin Bishop, and Chris Canning, editors, *Handbook of Statistical Genetics*, John Wiley & Sons, 2001

M.E.J. Newman, *SIAM Rev.* 45 (2003)

M. Marchiori, V. Latora, *Physica A* 285 (2000)

Patel P., Borkowf C.B., Brooks J.T., et al. Estimating per-act HIV transmission risk: a systematic review. *AIDS* 2014

Price N.D., Reed J.L., Palsson B.O.: Genome-scale models of microbial cells: evaluating the consequences of constraints. *Nature Reviews Microbiology* 2004, 2:886-897.

- P. Crucitti, V. Latora, M. Marchiori, *Physica A* 338 (2004) 92.
- P. D. Hoff, A. E. Raftery, M. S. Handcock, Latent Space Approaches to Social Network Analysis, *Journal of the American Statistical Association* 97 (460), 1090-1098, 2002.
- R. Pastor-Satorras, A. Vespignani, *Evolution and Structure of the Internet: A Statistical Physics Approach*, Cambridge University Press, Cambridge, 2004.
- R.K. Ahuja, T.L. Magnati, J.B. Orlin, *Network Flows: Theory, Algorithms, and Applications*, Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1993.
- Rachel Schutt, *Brief Introduction to Social Network Modeling*, 2012.
- Riitta Toivonen, Lauri Kovanen, Mikko Kivelä, Jukka-Pekka Onnela, Jari Saramäki, Kimmo Kaski: A comparative study of social network models: Network evolution models and nodal attribute models. *Social Networks* 31(4): 240-254 (2009).
- Rebecca L. Cann, Mark Stoneking, and Allan C. Wilson. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325:31–36, January 1987.
- S. Wasserman, K. Faust, *Social Networks Analysis*, Cambridge University Press, Cambridge, 1994.
- Scott, John. 1991. *Social Network Analysis*. London: Sage.
- Sarit Markovich, 2005. Snowball: A dynamic oligopoly model with indirect network effects.
- Toivonen, R., Onnela, J.-P., Saramäki, J., Hyvönen, J., Kaski, K.. A model for social networks. *Physica A* 371(2), 851-860, 2006.
- Thomas J. Anastasio *Tutorial on Neural Systems Modeling*, 2013.
- Vázquez, A.. Growing networks with local rules: Preferential attachment, clustering hierarchy, and degree correlations. *Physical Review E* 67, 056104, 2003.
- Wellman, Barry and S.D. Berkowitz, eds., 1988. *Social Structures: A Network Approach*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Wasserman, Stanley, and Faust, Katherine. 1994. *Social Network Analysis: Methods and Applications*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Wong, L. H., Pattison, P., Robins, G.. A spatial model for social networks. *Physica A* 360, 99-120, 2006.

- [1] <http://courses.cs.vt.edu> (30/11/2014)
- [2] <http://www.utdallas.edu> (21/10/2014)
- [3] <http://mathworld.wolfram.com> (3/11/2014)
- [4] <http://ccl.northwestern.edu> (3/4/2015)
- [5] <http://www.emcdda.org> (4/6/2015)
- <http://www.cs.unibo.it> (8/1/2015)
- <http://image.diku.dk> (13/1/2015)
- <http://www.cns.bu.edu> (7/2/1015)
- <http://nemertes.lis.upatras.gr> (16/2/2015)
- <http://vivliothmmy.ee.auth.gr> (23/3/2015)
- <http://istlab.dmst.aueb.gr> (4/4/2015)
- <http://artemis.cslab.ntua.gr> (27/4/2015)
- <http://nemertes.lis.upatras.gr> (11/5/2015)
- <http://www.cs.unibo.it> (12/5/2015)
- <http://image.diku.dk> (17/5/2015)
- <http://www.cns.bu.edu> (17/5/2015)

## Ευρετήρια

### Ευρετήριο Γραφημάτων

<i>Γράφημα 2.1: (α) μη κατευθυνόμενος γράφος (β) κατευθυνόμενος γράφος</i> .....	20
<i>Γράφημα 2.2: Αναπαράσταση βεβαρημένου γράφου</i> .....	22
<i>Γράφημα 2.3 (α) Γειτονικά σημεία (β) Μη Γειτονικά σημεία</i> .....	23
<i>Γράφημα 2.4 : Διαφορετικοί γράφοι με ίδια Κατανομή Βαθμών</i> .....	28
<i>Γράφημα 3.1: Μοντέλο Erdős–Rényi</i> .....	34
<i>Γράφημα 3.2: Το μοντέλο Watts-Strogatz</i> .....	35
<i>Γράφημα 3.3: Το μοντέλο Barabási–Albert</i> .....	36
<i>Γράφημα 3.4: Εκθετικό μοντέλο τυχαίου γράφου</i> .....	39
<i>Γράφημα 3.5: Δίκτυο Ελεύθερης Κλίμακας</i> .....	40
<i>Γράφημα 3.6: Six Degree of Separation</i> .....	41
<i>Γράφημα 4.1 : Δίκτυο φυσικής πρωτεϊνικής αλληλεπίδρασης της μαγιάς</i> .....	47
<i>Γράφημα 4.2: Αναπαράσταση του επιδημικού μοντέλου SIR</i> .....	50
<i>Γράφημα 5.3: Σενάριο 1<sup>ο</sup></i> .....	67
<i>Γράφημα 5.2: Σενάριο 2<sup>ο</sup></i> .....	68
<i>Γράφημα 5.1: Σενάριο 3<sup>ο</sup></i> .....	70

### Ευρετήριο Σχημάτων

<i>Σχήμα 2.1: (α) Μη κατευθυνόμενος γράφος, (β) Κατάλογος γειτνίασης, (γ) Πίνακας γειτνίασης</i> .....	25
<i>Σχήμα 2.2: (α) Κατευθυνόμενος γράφος, (β) Κατάλογος Γειτνίασης, (γ) Πίνακας γειτνίασης</i> .....	25
<i>Σχήμα 4.1: Εξάπλωση Επιδημίας με την μορφή δικτύου Δέντρου (tree)</i> .....	49
<i>Σχήμα 4.2: Αναπαράσταση της Διήθησης με ανοιχτές και κλειστές άκρες</i> .....	51
<i>Σχήμα 4.3: Το επιδημικό Μοντέλο SIS</i> .....	52
<i>Σχήμα 4.4: Αναπαράσταση Μοντέλου Επιδημίας Παροδικών Επαφών</i> .....	53

### Ευρετήριο Πινάκων

<i>Πίνακας 2.1: Απεικόνιση του πίνακα Γειτνίασης για τα γραφήματα 2.2 (α) και 2.2 (β)</i> .....	24
<i>Πίνακας 5.3: Σενάριο 1<sup>ο</sup></i> .....	66
<i>Πίνακας 5.2: Σενάριο 2<sup>ο</sup></i> .....	67
<i>Πίνακας 5.1: Σενάριο 3<sup>ο</sup></i> .....	69

### Ευρετήριο Εικόνων

<i>Εικόνα 5.1: Το περιβάλλον του εργαλείου Netlogo κατά την διάρκεια μιας καλλιτεχνικής προσομοίωσης</i> .....	59
<i>Εικόνα 5.2: Φαίνεται το ποσοστό μόλυνσης, ο Χώρος Προσομοίωσης και οι ευμετάβλητες μεταβλητές</i> .....	61
<i>Εικόνα 5.3: Σενάριο 1<sup>ο</sup></i> .....	66
<i>Εικόνα 5.4: Σενάριο 2<sup>ο</sup></i> .....	68
<i>Εικόνα 5.5: Σενάριο 3<sup>ο</sup></i> .....	69

### Ευρετήριο Τύπων

<i>Τύπος 2.1: Βαθμός κόμβου (node degree)</i> .....	26
<i>Τύπος 2.2: Μέσος Βαθμός (mean degree) μη-κατευθυνόμενου γράφου</i> .....	26
<i>Τύπος 2.3: Συνολικός αριθμός Άκρων (Edges) σε μη-κατευθυνόμενο Γράφο</i> .....	27
<i>Τύπος 2.4: Απλοποιημένος Συνολικός αριθμός Άκρων (Edges) σε μη-κατευθυνόμενο Γράφο</i> .....	27
<i>Τύπος 2.5: Απλοποιημένος Μέσος Βαθμός (Mean Degree) μη-κατευθυνόμενου γράφου</i> .....	27
<i>Τύπος 2.6: Βαθμός Κατανομή (Degree Distribution)</i> .....	27
<i>Τύπος 2.7: Έσω-Βαθμός Κόμβου (in-degree node)</i> .....	28
<i>Τύπος 2.8: Έξω-Βαθμός Κόμβου (out-degree node)</i> .....	28
<i>Τύπος 2.9: Μέσος έσω και έξω Βαθμός (mean in and out degree)</i> .....	28
<i>Τύπος 2.10: Αριθμός Άκρων (Edges) σε κατευθυνόμενο Γράφο</i> .....	29

<b>Τύπος 2.11:</b> Μέσος Βαθμός ( <i>Mean Degree</i> ) κατευθυνόμενου Γράφου.....	29
<b>Τύπος 2.12:</b> Μέσος όρος των γεωδαιτικών μηκών των κόμβων ( <i>average shortest path length</i> ).....	30
<b>Τύπος 2.13:</b> Ενδιάμεσος Χώρος ( <i>Betweenness</i> ).....	30
<b>Τύπος 2.14:</b> Μεταβατικότητα ( <i>Transivity</i> ).....	31
<b>Τύπος 2.15:</b> Τοπικός Συντελεστής Ομαδοποίησης.....	31
<b>Τύπος 2.16:</b> Ο Μέσο Όρο Τοπικού Συντελεστή Ομαδοποίησης.....	31



## Παράρτημα I

```
globals [  
inf-syr-chance  
sympt-syr-show  
x-1  
x-2  
x-3  
x-4 ]
```

```
turtles-own [  
syringed?  
syr-known?  
use-length  
shared?  
shared-length  
drug-use  
shared-tendency  
new-syringe-use  
test-freq  
syr-partner ]
```

```
to clear  
clear-all  
end
```

```
to setup  
setup-globals  
setup-people  
reset-ticks  
end
```

```
to setup-globals  
set inf-syr-chance 100  
set sympt-syr-show 200.0  
set x-1 average-drug-use  
set x-2 average-shared-tendency  
set x-3 average-new-syringe-use  
set x-4 average-test-freq  
end
```

```
to setup-people  
crt initial-people  
[ setxy random-xcor random-ycor  
set syr-known? False
```

```

set shared? False
set syr-partner nobody

ifelse random 2 = 0
[ set shape "person righty" ]
[ set shape "person lefty" ]
set syringed? (who < initial-people * 0.063)

if syringed?
[ set use-length random-float sympt-syr-show ]
assign-drug-use
assign-shared-tendency
assign-new-syringe-use
assign-test-freq
assign-color ]
end

to assign-color
ifelse not syringed?
[ set color cyan]
[ifelse syr-known?
[ set color orange ]
[set color magenta ] ]
end

to assign-drug-use
set drug-use random-near average-drug-use
end

to assign-shared-tendency
set shared-tendency random-near average-shared-tendency
end

to assign-new-syringe-use
set new-syringe-use random-near average-new-syringe-use
end

to assign-test-freq
set test-freq random-near average-test-freq
end

to-report random-near [central-point]
let result 0
repeat 40
[ set result (result + random-float central-point) ]
report result / 20
end

```

```

to go
if all? turtles [ syr-known?
[ stop ]
check-x

ask turtles

[ if syringed?
[ set use-length use-length + 1 ]

if shared?
[ set shared-length shared-length + 1 ]]

ask turtles
[ if not shared?
[ move ] ]

ask turtles
[ if not shared? and shape = "person righty" and (random-float 10.0 < shared
tendency)
[ share ] ]

ask turtles [ dont-share ]
ask turtles [ infection ]
ask turtles [ test ]
ask turtles [ assign-color ]
tick
end

to check-x
if (x-1 != average-drug-use)
[ ask turtles [ assign-drug-use ]
set x-1 average-drug-use ]

if (x-2 != average-shared-tendency)
[ ask turtles [ assign-shared-tendency ]
set x-2 average-shared-tendency ]

if (x-3 != average-new-syringe-use)
[ ask turtles [ assign-new-syringe-use ]
set x-3 average-new-syringe-use ]

if (x-4 != average-test-freq )
[ ask turtles [ assign-test-freq ]
set x-4 average-test-freq ]
end

```

```

to move
rt random-float 360
fd 1
end

to share
let potential-syr-partner one-of (turtles-at -1 0)
with [not shared? and shape = "person lefty"]

  if potential-syr-partner != nobody
  [ if random-float 10.0 < [shared-tendency] of potential-syr-partner
  [ set syr-partner potential-syr-partner
  set shared? True
  ask syr-partner [ set shared? true ]
  ask syr-partner [ set syr-partner myself ]
  move-to patch-here
  ask potential-syr-partner [move-to patch-here]
  set pcolor gray - 3
  ask (patch-at -1 0) [ set pcolor gray - 3 ] ] ]
end

to dont-share
if shared? and(shape = "person righty")
[ if (shared-length > drug-use) or
([shared-length] of syr-partner) > ([drug-use] of syr-partner)
[ set shared? False
set shared-length 0
ask syr-partner [ set shared-length 0 ]
set pcolor black
ask (patch-at -1 0) [ set pcolor black ]
ask syr-partner [ set syr-partner nobody
ask syr-partner [ set shared? false ]
set syr-partner nobody ] ]
end

to infection
if shared? and syringed? and not syr-known?
[ if random-float 11 > new-syringe-use or
random-float 11 > ([new-syringe-use] of syr-partner)
[ if random-float 100 < inf-syr-chance
[ ask syr-partner [ set syringed? true ] ] ] ]
end

```

```
to test
if random-float 52 < test-freq
[ if syringed?
[ set syr-known? true ] ]
if use-length > sympt-syr-show
[ if random-float 100 < 5
[ set syr-known? true ] ]
end

to-report %infected
ifelse any? Turtles
[ report (count turtles with [syringed?] / count turtles) * 100 ]
[ report 0 ]
end
```

