

Modélisation par règles de propagation au sein de réseaux

Jason Vallet, Bruno Pinaud, Guy Melançon

▶ To cite this version:

Jason Vallet, Bruno Pinaud, Guy Melançon. Modélisation par règles de propagation au sein de réseaux. 2014. hal-01112575

HAL Id: hal-01112575

https://hal.science/hal-01112575

Preprint submitted on 3 Feb 2015

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Modélisation par règles de propagation au sein de réseaux

Jason Vallet*, Bruno Pinaud*, Guy Melançon*

*Univ. Bordeaux, LaBRI, UMR 5800 F-33400 Talence, France {jason.vallet, bruno.pinaud, guy.melancon}@labri.fr

Introduction

L'étude des réseaux sociaux ainsi que les comportements de leurs utilisateurs a levé beaucoup de questions et mené à la création de nombreux modèles tentant de régénérer artificiellement les agissements observés. Ces résultats peuvent être utilisés afin de prédire les réponses des utilisateurs face à certains stimuli et possiblement en anticiper l'évolution. Un tel usage est notamment répandu dans le domaine de la publicité et du placement de produits (initié par Domingos et Richardson (2001)) ou encore en médecine et santé publique pour l'anticipation et le traitement des épidémies (Dodds et Watts (2005)).

Deux modèles ont été initialement décrits pour tenter de caractériser les différentes facettes de ce problème, respectivement la propagation par seuil d'activation ou par cascade indépendante, par la suite reconnus comme appartenant à un modèle plus général introduit par Kempe et al. (2003). Après étude de la bibliographie disponible, nous nous sommes rendus compte que le grand nombre de modèles disponibles pouvait devenir désavantageux dès lors où la personne désirant émuler une propagation n'avait qu'une idée approximative du modèle pouvant lui convenir pour s'approcher au mieux de son cas d'étude. Cette réflexion nous a amené à nous demander comment un utilisateur pouvait effectivement sélectionner ou comparer des modèles lui paraissant appropriés. Entre autres, les pistes auxquelles nous nous sommes intéressés nous ont également amené à nous pencher vers la visualisation et sur certains de ses aspects pouvant être exploités pour mener à bien cette tâche.

Démarche suivie

Les opérations réalisées dans le cadre des modèles de propagation ne sont pas sans évoquer les règles de transformation utilisées lors de la réécriture de graphe. Nous rappelons que de telles règles permettent de spécifier dans un système de réécriture de graphe comment certains sous-ensembles d'éléments peuvent être transformés. Chacune d'elles est composée d'un membre gauche, indiquant la description du sous-graphe sujet à un tel changement, ainsi que d'un membre droit, représentant les modifications à réaliser lors de l'application. D'une façon similaire, l'application d'un modèle de propagation va débuter par la recherche des sous-ensembles d'éléments correspondants aux conditions décrites par la partie gauche de la règle, identifiable à la validation de l'influence réalisée par ou sur les nœuds voisins susceptibles

d'être transformés. Par la suite, un des sous-ensembles sera sélectionné et réécrit selon la partie droite de la règle. Cette étape est identifiée à l'activation des voisins répondant aux critères posés, c'est donc la propagation.

Travail réalisé

Nous pouvons exploiter cette faculté de décrire un modèle de propagation sous la forme de règles de réécriture pour faciliter la comparaison entre ceux-ci. Afin de parvenir à nos fins, nous avons exploité l'outil de visualisation Porgy, introduit par Pinaud et al. (2012), et enrichit ses fonctionnalités pour permettre l'application de règles pouvant exprimer les modèles de propagation. L'outil proposant une exploration simultanée de plusieurs scénario de réécriture ainsi que la possibilité d'essayer l'application de stratégies alternatives, nous pouvons user de cet avantage pour explorer les différentes variations possibles, aussi bien au niveau du choix des nœuds concernés que des modèles suivis. L'outil autorise également l'utilisateur à comparer à la fois visuellement ou à l'aide de métriques les résultats obtenus à chacune des étapes.

Les techniques de réécriture vont nous permettre de découper et d'analyser chacune des étapes de la propagation séparément afin de mettre en place une étude scrupuleuse de l'évolution de différents modèles. La finalité de cette démarche réside éventuellement dans le repérage des cas de maximisation ou de minimisation d'influence sur n'importe quel modèle pouvant être décrit par la généralisation proposée par Kempe et al. (2003). La comparaison des variations nous indique quels sont les nœuds permettant d'obtenir les meilleurs résultats et ainsi de débuter le phénomène de propagation effectif dans des conditions optimales.

Références

- Dodds, P. et D. Watts (2005). A generalized model of social and biological contagion. *Journal of Theoretical Biology* 232(4), 587 604.
- Domingos, P. et M. Richardson (2001). Mining the network value of customers. In *Proceedings* of the Seventh ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining, KDD '01, New York, NY, USA, pp. 57–66. ACM.
- Kempe, D., J. Kleinberg, et E. Tardos (2003). Maximizing the spread of influence through a social network. In *Proceedings of the Ninth ACM SIGKDD International Conference* on Knowledge Discovery and Data Mining, KDD '03, New York, NY, USA, pp. 137–146. ACM.
- Pinaud, B., G. Melançon, et J. Dubois (2012). Porgy: A visual graph rewriting environment for complex systems. *Computer Graphics Forum* 31(3), 1265–1274.

Summary

The propagation models in social networks and alike are numerous and hard to compare to each other. We suggest in the following the use of graph rewriting technique to divide each model and create additionnal contrasting points. Such method, seconded with a customized visualization software granting an understandable presentation of the results, eases the user tasks by assisting her/him in finding an appropriate propagation model.