

Динамическая визуализация комплексных сетей на основе эволюционных алгоритмов с распараллеливанием

М.Ю. Чураков, С.В. Иванов, А.В. Бухановский

Мультимедийные технологии как инструмент исследования занимают все более важное место в современной науке. В связи с этим информативность обычных статических графиков и диаграмм часто является недостаточной для глубокого понимания особенностей и принципов работы сложных систем. В рамках проводимого исследования рассматриваются динамические процессы, протекающие в комплексных сетях – случайных графах очень большого объема. Такие модели используются, в частности, для описания развития эпидемий (например, таких как грипп или ВИЧ), а также для распространения компьютерных вирусов или информации (новостей, слухов и т.п.).

Целью исследований является анализ современных технологий визуализации комплексных сетей с упором на информативное отображение их структуры и свойств, а так же построение оригинального алгоритма динамической визуализации комплексных сетей.

На данном этапе рассмотрены наиболее популярные алгоритмы укладки статических сетей. Как видно из рисунка, даже одну и ту же сеть можно отобразить значительно отличающимися друг от друга способами. Как следствие, информативность такой визуализации будет сильно различна. Если смотреть на рисунок (А-Г) с точки зрения устойчивости к вирусной атаке, например ВИЧ [2], то, очевидно, что связность графа достаточно объективно передается только на рисунке В. Дополнительно с целью уменьшения весьма значительного времени, которое требуется для работы многих алгоритмов, предполагается исследовать возможность параллельной реализации алгоритмов укладки сетей.

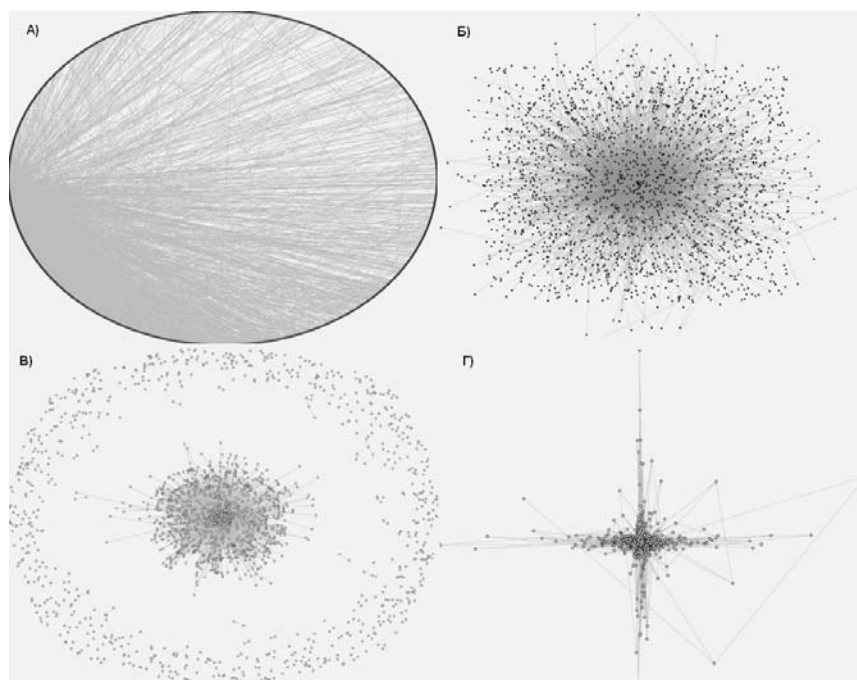


Рис. Примеры статической визуализации одного графа со степенным законом распределения. Варианты укладки (пакет Pajek [1]): А) круговая укладка, Б) алгоритм Кавада-Кавай со свободной укладкой, В) алгоритм Фрухтермана-Рейнгольда 2D, Г) алгоритм укладки на базе собственных векторов

Литература

1. Batagelj V., Mrvar A. Pajek – analysis and visualization of large networks // Connections. — 1998. — Vol. 21. — P. 47–57.
2. Sloot P.M.A., Ivanov S.V., Boukhanovsky A.V. et al. Stochastic simulation of HIV population dynamics through complex network modeling // International Journal of Computer Mathematics. — In press, 2007.