



Netzwerkanalyse – Neue Methode oder alter Wein in neuen Schläuchen?

Katharina A. Zweig

Auszug aus dem Jahresbericht
„Marsilius-Kolleg 2010/2011“



Viele der Gespräche im Marsilius-Jahr 2010/2011 kreisten um Themen und Ergebnisse aus der Netzwerkanalyse, die in ihrer Bandbreite die meisten Disziplinen anwesender Fellows berührte. Dabei ging es oft auch um die Frage, ob die Netzwerkanalyse nun wirklich eine neue Perspektive mit bisher kaum zu beobachtenden Resultaten erbringt oder ob nicht die damit gewonnen Erkenntnisse auch auf anderem Wege hätten erlangt werden können. Eine allgemeine Kritik an der Netzwerkanalyse besteht darin, dass sie zwar bisher viele neue Methoden angeregt hat, sie den Beweis ihrer Relevanz aber bisher weitgehend schuldig geblieben ist. In diesem Essay werden wir zuerst einen kleinen Abriss darüber geben, was die Netzwerkanalyse ist und was sie leisten kann. Dabei liegt ein Fokus darauf, aufzuzeigen, warum sie sich insbesondere für interdisziplinäre Fragestellungen eignet. Wir werden auch beispielhaft darlegen, inwieweit die vorgeschlagenen Methoden der Netzwerkanalyse bisher auf ihre Signifikanz überprüft wurden, und einen Vorschlag erarbeiten, wie die Netzwerkanalyse systematischer als bisher evaluiert werden kann¹.

Netzwerk- analyse – Neue Methode oder alter Wein in neuen Schläuchen?

Katharina A. Zweig

Einleitung

Als soziale Spezies ist die Bedeutung unserer Eingebettetheit in soziale Systeme für uns immanent. Im Laufe der Evolution haben wir daher empfindliche Sensoren für unsere eigene soziale Stellung und die unserer Freunde, Bekannten und Feinde entwickelt. Die Netzwerkanalyse ist eine Sammlung von Methoden, die diese intuitive Bewertung mathematisch modelliert und damit quantifizierbar und reproduzierbar einer analytischen Verwertung zugänglich macht. Die analytischen Methoden der Netzwerkanalyse wurden entwickelt, um beispielsweise besonders zentrale Personen in einem sozialen Kontext zu identifizieren², eine implizite Hierarchie innerhalb einer Gemeinschaft zu erkennen³, Gruppen von Personen oder Institutionen zu bestimmen, die besonders häufig miteinander und nur selten mit anderen interagieren⁴ oder sogar um zukünftige Kooperationen zwischen Wissenschaftlern vorherzusagen⁵. Interessanterweise können dieselben Methoden, die zuerst in einem sozialen Kontext präsentiert wurden, auch auf andere Netzwerke angewendet werden: Man

kann nach zentralen Proteinen in tierischen Zellen suchen⁶ oder Tiere in einem ökologischen System danach bewerten, wie ihr Wegfall das Gleichgewicht der Arten innerhalb des balancierten Räuber-Beute-Netzwerkes verändern würde. Genauso kann in wissenschaftlichen Artikeln, die aufeinander verweisen, nach versteckten Hierarchien oder Gruppen von aufeinander aufbauenden Artikeln geforscht werden, die in ihrer Dynamik darstellen, wie sich neue wissenschaftliche Gebiete aufbauen und andere in Vergessenheit geraten.

Damit wird sofort einer der wichtigsten Aspekte der Netzwerkanalyse gegenwärtig: die mögliche Anwendung der Methoden auf unterschiedlichste Fragestellungen und auf Daten aus nahezu allen Disziplinen. Diese Interdisziplinarität der Netzwerkanalyse und der Wissenschaftsgemeinde, die sich mit ihr beschäftigt, stellt aber andererseits auch ein gewisses Hemmnis dar, da sich die Fragestellungen, Perspektiven, und sogar die Benutzung der Fachtermini von Disziplin zu Disziplin stark unterscheiden. Ein kurzer Abriss der Geschichte der Netzwerkanalyse zeigt die starke Interdisziplinarität auf: Der Begriff *soziales Netzwerk* wird in der Soziologie seit den 1950ern systematisch verwendet⁷, und aufbauend auf der Idee, dass sich Beziehungen zwischen Menschen und Institutionen als Netzwerk darstellen und untersuchen lassen, wurden neue Methoden entwickelt, um das individuelle Verhalten von Akteuren in diesen Netzwerken zu quantifizieren. Ebenfalls in den 1950ern wurde in der Mathematik ein neues Wissenschaftsgebiet aus der Taufe gehoben: die Theorie der Zufallsgraphen⁸, die schon in den 1970ern auch vereinzelt auf Fragen der Soziologie angewendet wurde⁹. In der theoretischen Informatik wurden zeitgleich grundlegende Algorithmen und Datenstrukturen entwickelt, mit denen graphentheoretische Probleme gelöst werden können, während die Weiterentwicklung der praktischen Informatik es ermöglichte, zwei der größten technischen Netzwerke aufzubauen, das Internet und das darauf basierende World Wide Web. Zu diesem Zeitpunkt hatte die Physik schon ein weitgehendes Verständnis von komplexen Systemen entwickelt, die sich aus einer Vielzahl von Teilchen zusammensetzen; zugegebenermaßen waren die einzelnen Partikel in ihrer Modellierung noch sehr einfach strukturiert, und somit war eine mögliche Übertragbarkeit auf komplexe soziale Systeme noch kaum vorstellbar. Das globale Verhalten solcher idealisierter Systeme wird beschrieben durch statistische Methoden, die in dem Teilgebiet der statistischen Physik entwickelt wurden.

Aus der heutigen Sicht ist es eindeutig erkennbar, dass sich die Netzwerkanalyse Erkenntnissen aus all diesen Feldern bedient – aber erst am Ende des vergangenen Jahrhunderts wurde diese Synthese in zwei bahnbrechenden Publikationen erfolgreich bewerkstelligt¹⁰. Diese Publikationen erregten durch eben diese Kombination von Perspektiven die Aufmerksamkeit vieler Wissenschaftler und legten damit den Grundstein für eine intensiviertere Beschäftigung mit dem Thema. Viele Publikationen innerhalb der Netzwerkanalyse wurden in den hochangesehenen Journalen Nature, Science und PNAS veröffentlicht, weil sie versprachen, völlig neue Einblicke in komplexe Systeme wie unsere globale Gesellschaft zu geben, indem man sich auf nur eine Art von Akteur und eine Art von Beziehungen zwischen diesen Akteuren konzentriert. Diese grundlegende Idee kann auch auf beliebige andere Systeme angewendet werden, zum Beispiel Kommunikationssysteme, Transportnetzwerke oder biologische Systeme. Um beispielsweise das komplexe Zusammenspiel von biologischen Molekülen in Zellen zu verstehen, fokussiert die Netzwerkanalyse auf die Analyse der bekannten Beziehungen zwischen ihren Proteinen und lässt damit andere wichtige Akteure wie Lipide, DNA, Zellskelettstrukturen, Organelle vorerst außer Acht.

Die zugrundeliegende Annahme ist, dass die reine Information darüber, welches Protein mit welchem anderen Protein physisch interagiert, möglicherweise auch Informationen darüber enthalten könnte, welche Funktion die jeweiligen Proteine haben. Dies wiederum beruht auf der Annahme, dass solche Proteine, die dieselbe Funktion ausüben, auch eher miteinander physisch Kontakt aufnehmen, als solche, die völlig unterschiedliche Funktionen haben. In diesem Sinne ist also das Protein-Protein-Interaktionsnetzwerk eine Modellierung des komplexen Systems „Zelle“, und es wird angenommen, dass statistisch signifikante Strukturen in diesem komplexen Netzwerk mit signifikanten Strukturen oder Prozessen des Gesamtsystems korreliert werden können. Im Wesentlichen wird somit durch die Netzwerkanalyse die Menge aller möglichen Teilmengen von Proteinen, die eine gemeinsame Funktion haben könnten, eingegrenzt auf diejenige Menge von Proteinmengen, die als statistisch signifikant in dem jeweiligen Netzwerk identifiziert wurden. Auch wenn die angenommene Korrelation, bedingt durch den Fokus auf einen einzelnen Typ von Akteur und durch unvollständige oder unzuverlässige Daten, nur schwach ausgeprägt ist, kann die vergleichsweise wenig aufwändige netzwerkbasierende Analyse dieser Daten zu einer profitablen Einengung des möglichen Lösungsraumes führen,

da sie es dem Biologen oder Mediziner erlauben, seine teuren und zeitaufwändigen Versuche auf diejenigen Experimente zu beschränken, die von der Netzwerkanalyse vorgeschlagen werden.

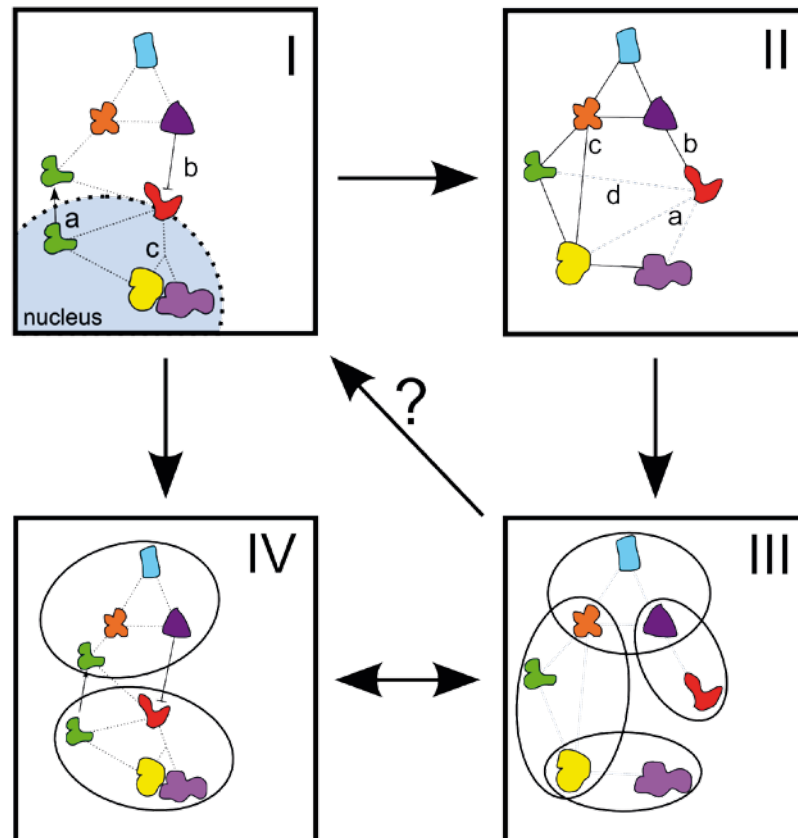


Abb. 1: I) Eine schematische Darstellung von Proteinen in einer Zelle. Einige Proteine befinden sich im Zellkern, während andere sich frei im Zellkern und im Zytosol bewegen können (Kante 'a'). Proteine können miteinander wechselwirken, sich beispielsweise inhibieren (Kante 'b'). Nicht spezifizierte Wechselwirkungen werden durch gepunktete Linien dargestellt. Kante 'c' repräsentiert die Wechselwirkungen von zwei Proteinen in einem Proteinkomplex, das nach seiner Formierung mit einem dritten Protein wechselwirkt. II) Ein komplexes Netzwerk, das Teile der Information in I) repräsentiert. III) Das Resultat eines Clusterings auf dem Netzwerk in II). Seine Korrelation mit Prozessen und Strukturen ist unklar. IV) Nur ein Vergleich der gefundenen Strukturen mit einem bekannten oder gewünschten Clustering, das direkt aus dem komplexen System abgeleitet wurde, kann diese Frage quantitativ bewerten.

Die mit der Netzwerkanalyse verknüpften Hoffnungen sind groß, und die Anzahl der Publikationen, die den Begriff „Network analysis“ benutzen, ist geradezu verdächtig wirkend hoch¹¹. Das Versprechen, unser Verständnis komplexen menschlichen Handelns oder des delikaten, komplexen Zusammenspiels biologischer Komponenten fundamental zu erweitern, konnte jedoch bisher nicht eingelöst werden und das Feld hat daher viel Kritik auf sich gezogen¹². Wie wir hier darlegen werden, liegt dies hauptsächlich daran, dass zwar in den letzten zehn Jahren unzählige neue Methoden für die Netzwerkanalyse veröffentlicht wurden, aber nur wenige von ihnen einer systematischen Untersuchung ihrer Leistungsfähigkeit unterzogen wurden. Dadurch sind viele der bis heute vorgelegten Untersuchungen nur beschreibender Art und erlauben keine weitreichenden Schlüsse auf ähnliche Systeme. Wir werden im Folgenden zwei typische Klassen von netzwerkanalytischen Methoden besprechen, nämlich Zentralitäten und Netzwerkmotivanalysen. Wir werden aufzeigen, dass ihre Relevanz für das komplexe System, von dem das zu analysierende komplexe Netzwerk abgeleitet wurde, bisher höchstens anhand von anekdotenhaften Evidenzen nachgewiesen wurde. Wir werden aber auch an zwei Beispielen demonstrieren, wie eine systematische Untersuchung von netzwerkanalytischen Resultaten aussehen könnte.

Zentralitäten

Eine der ersten Analyseklassen, die schon in der Soziologie von vielen namhaften Wissenschaftlern entwickelt wurde, umfasst die vielen Methoden, die sogenannte zentrale Knoten in einem Netzwerk identifizieren. Betrachtet man beispielsweise eine Schulklasse und repräsentiert die Stimmabgabe von Schüler A zugunsten Schüler B's als Klassensprecher mit einem Pfeil von A nach B, ist sicherlich die Anzahl der eingehenden Pfeile ein gutes Maß für die Zentralität des jeweiligen Schülers. Diese sogenannte Gradzentralität ist der Intuition entsprechend auch als eines der ersten Zentralitätsmaße vorgeschlagen worden. Es wurde aber schnell klar, dass andere Arten von Beziehungen und andere Arten von Prozessen, die über diese Beziehungen vermittelt werden, neue Zentralitätsmaße verlangen: So ist im Internet nicht derjenige Router am zentralsten, der die meisten Verbindungen zu anderen Routern hat, sondern derjenige, der den meisten Stau verursacht, wenn er ausfällt. Laut

Nachrichten vom März dieses Jahres war beispielsweise eine übereifrige Altsammlerin dafür verantwortlich, dass Georgien und Armenien 12 Stunden lang vom Internet getrennt waren, weil sie das zentrale Glasfaserkabel zerschnitt und seinen kostbaren Metallschatz entnahm¹³. Offen-

sichtlich müssen die beiden damit verbundenen Router nicht hochvernetzt sein um zentral zu sein – es ist ausreichend für ihre Zentralität, dass sie die einzigen Router sind, die Armenien und Georgien mit dem Rest der Welt verbinden. In diesem Sinne wurden in den letzten Jahrzehnten Dutzende von Zentralitätsmaßen entworfen¹⁴, aber nur wenige wurden auf ihre Relevanz überprüft. Eine solche Relevanzprüfung kann dabei wie folgend aussehen: Für einen Teil der Akteure im komplexen System werden Experten gebeten, sie als ‚wichtig‘ oder ‚unwichtig‘ zu klassifizieren. Danach wird das komplexe Netzwerk, bestehend aus der gewählten Klasse von Akteuren und einer passenden Beziehungen zwischen diesen Akteuren gebildet. Die Akteure werden dann anhand einer geeigneten Zentralitätsmethode nach absteigendem Zentralitätswert sortiert. In dieser Sortierung sollten nun die von den Experten als wichtig klassifizierten Akteure möglichst weit oben stehen, was mit Hilfe verschiedener Qualitätsmaße quantifiziert werden kann.

Eine Arbeit, die diesen Ansatz verfolgt¹⁵, bewertete Proteine nach der Anzahl ihrer Wechselwirkungspartner in Protein-Protein-Wechselwirkungsnetzwerken (Gradzentralität) und verglich die sich dadurch ergebende Sortierung mit der bekannten Letalität der Proteine¹⁶. Es zeigte sich, dass diejenigen 97 % aller Proteine, die höchstens fünf Interaktionspartner haben, nur zu 21 % letal sind, während die 0.7 % aller Proteine, die mindestens 15 Interaktionspartner aufweisen, zu über 63 % letal sind. Auch wenn diese Zahlen überzeugend sind, ergibt

sich die Frage, ob das gewählte Zentralitätsmaß die beste aller möglichen Korrelationen mit der Letalität der Proteine ergibt oder ob andere Zentralitätsmaße dies noch besser beschreiben. Eine solch optimale Zentralitätsbestimmung hätte nicht nur akademischen Wert: Protein-Protein-Wechselwirkungsdaten werden für immer mehr Organismen bekannt, aber für viele Proteine in anderen als den bisher bekannten Modelltieren (Maus, Zebrafisch, Mensch, ...) ist die biologische Funktion noch nicht bekannt. Biologische Letalitätstest sind zeitintensiv und teuer, und eine Einschränkung dieser Experimente auf die durch die Netzwerkanalyse identifizierten Kandidaten wäre daher von großem Nutzen. Leider fehlen solche systematischen Überprüfungen des optimalen Zentralitätsmaßes für ganze Klassen von Netzwerken ansonsten weitgehend.

Beobachtung 1:

Insgesamt ergibt sich damit die Beobachtung, dass die große Klasse der Zentralitätsmaße bisher noch nicht ausreichend auf ihre Anwendbarkeit für gewisse Netzwerke getestet wurde. Ein Zentralitätsmaß kann aber prinzipiell in seiner Güte quantitativ bewertet werden, wenn für eine Teilmenge der Akteure eine Sortierung nach ihrer Wichtigkeit bekannt ist.

Netzwerkmotive

Eine weitere Klasse von netzwerkbasierter Analysemethoden bewertet die Häufigkeit von verschiedenen Beziehungsmustern, den sogenannten Netzwerkmotiven¹⁷. Ein einfaches Muster sind beispielsweise vier Akteure, die alle miteinander in Beziehung stehen. Die Anzahl solcher Motive kann nun in einem gegebenen Netzwerk ausgezählt werden, und mit der erwarteten Anzahl in einem geeigneten Modell verglichen werden. Die Wahl des Vergleichsmodells ist dabei entscheidend: Milo et al. verwendeten ein Modell, in dem jeder Akteur zwar dieselbe Anzahl von Beziehungspartnern behält, diese aber ansonsten randomisiert sind. Diese Methode wurde auf Gen-Aktivierungs- und Inhibierungsnetzwerke angewendet, indem ein Pfeil von Gen A zu Gen B die Information repräsentiert, dass Gen A die Konzentration von Gen B in der Zelle verändert. In diesem Netzwerk erwiesen sich sogenannte Feed-Forward-Loops als statistisch signifikant, also solche, in denen ein Gen A ein anderes Gen C einmal



direkt und dann noch einmal indirekt über ein weiteres Gen beeinflusst (Abb. 2). Die Abbildung visualisiert ein Netzwerk mit vier solchen Motiven und daneben eine Menge von randomisierten Netzwerken, die dieses Motiv höchstens zweimal enthalten.

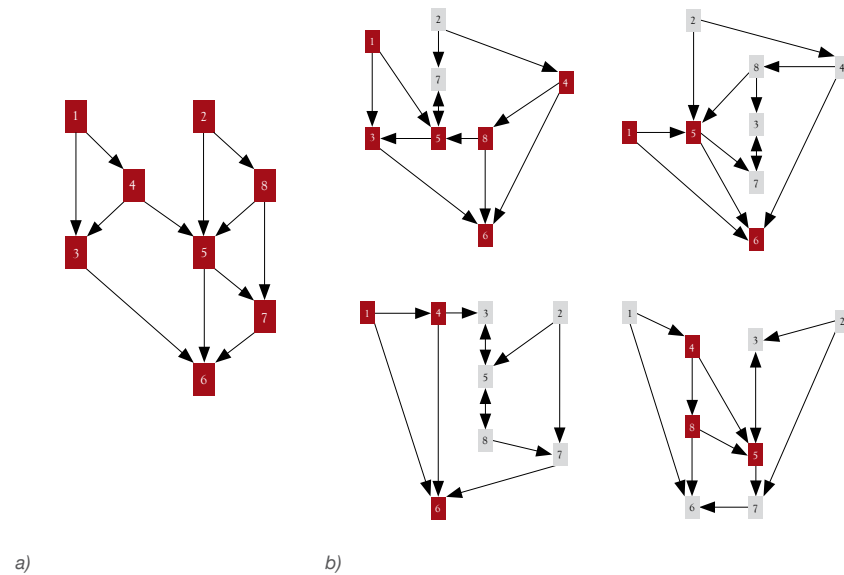


Abb. 2: a) Im Netzwerk gibt es vier Feed-Forward-Motive: Gen 1 beeinflusst Gen 3 einmal direkt und einmal indirekt über Gen 4. Die anderen drei Feed-Forward-Motive sind zwischen den Knoten (2,5,8), (8,7,5) und (5,6,7) zu finden. b) In den randomisierten Netzwerken gibt es dieses Motiv höchstens zweimal.

Im Vergleich zu Zentralitätsmaßen sind Netzwerkmotivalgorithmus deutlich besser aufgebaut, statistisch signifikante Strukturen zu identifizieren, da sie die Anzahl der Motive um den Erwartungswert korrigiert. Ein interessanter Kommentar von Artzy-Randrup et al.¹⁸ zeigte aber schon früh auf, dass die Wahl eines anderen Vergleichsmodells zu völlig anderen Ergebnissen bezüglich der statistischen Signifikanz kommen kann. Das bedeutet, dass die Methode sehr instabil gegenüber dem gewählten Vergleichsmodell ist, und daher ist es auch hier nötig, systematisch zu untersuchen, wann welche Art von Netzwerk mit welchem Modell verglichen werden muss. In den vergangenen Jahren haben

wir uns mit der Frage beschäftigt, wie ein solches Ergebnis überprüft werden kann, und haben dies am Beispiel von sogenannten Einkaufskorb-Daten vorgeführt¹⁹. Im vorliegenden Fall hatten wir Zugang zu 100 Millionen Bewertungen von Kunden eines Videoverleihs, und wir wollten herausfinden, ob es Gruppen von Filmen gibt, die von einer Gruppe von Kunden ähnlich gut bewertet wurden. Dazu zählten wir für alle Paare von Filmen jeweils die Anzahl von Kunden, die beide gut bewertet hatten. Aber ist 23 eine hohe Zahl? Oder 1197? Um die Signifikanz dieser Zahlen abschätzen zu können, ist ein Vergleichsmodell unabdingbar. Aus der Literatur war ein Modell seit 30 Jahren bekannt, dessen Wirksamkeit wir mit einem deutlich komplexeren Modell verglichen haben. Die zugrundeliegende Idee dabei ist, dass zwei Filme, die sich in ihrer Thematik ähneln, von denselben Leuten auch ähnlich bewertet werden sollten. Daraus folgt umgekehrt, dass solche Paare von Filmen statistisch signifikant oft ähnlich gut bewertet werden sollten. Unter dieser Annahme ist ein Vergleichsmodell umso besser für die Aufgabe geeignet, je mehr es solche Paare von Filmen als signifikant bewertet, die sich ähneln. Nun gibt es über die Ähnlichkeit zweier beliebiger Filme keine Theorien – oder vielmehr: zu viele Theorien, nämlich so viele wie Zuschauer! Um das Ergebnis des Signifikanztestes bewerten zu können, haben wir uns daher auf Serien konzentriert, da man annehmen kann, dass ein Teil einer Serie zu anderen Teilen derselben Serie ähnlich ist.

Film	1. Rang	2. Rang	3. Rang	4. Rang	5. Rang
Friends, 1. Teil	Miss Undercover	Forrest Gump	Pretty Woman	Fluch der Karibik	Friends, 3. Staffel
	Friends, 4. Staffel	Friends, 3. Staffel	The Best of Friends, 2. Staffel	The Best of Friends, 1. Staffel	Friends, 5. Staffel
Stargate, 1. Staffel	Independence Day	Armageddon	Fluch der Karibik	Men in Black II	Der Herr der Ringe I
	Stargate, 2. Staffel	Stargate, 3. Staffel	Stargate, 4. Staffel	Stargate, 6. Staffel	Stargate, 5. Staffel

Tabelle 1: Vergleich zweier Bewertungsmethoden, ob die Anzahl gemeinsamer guter Bewertungen von Kunden statistisch signifikant ist oder nicht. Für die beiden Staffeln „Friends, 1. Staffel“ und „Stargate, 1. Staffel“ und alle anderen Filme im Datenset wurde jeweils die Anzahl der Kunden bestimmt, die beide gut bewertet hatten. Diese Zahl wurde um die erwartete Anzahl dieser Kunden bereinigt, und alle anderen Filme nach dem resultierenden Wert sortiert. Laut der klassischen Methode (weiße Reihen) sind die gemeinsamen Bewertungen mit Blockbustern am höchsten zu gewichten. Dies widerspricht dem Ziel des Algorithmus, möglichst ähnliche Filme zu finden. Die zweite Methode (graue Reihen) schafft es deutlich besser, die Filme zu finden, die tatsächlich zu derselben Serie gehören.

Dieser Hypothese folgend haben wir dasjenige Modell als das bessere gewertet, das für die meisten Paare von Teilen einer Serie die höchste statistische Signifikanz unter allen Filmpaaren in den Bewertungsmustern der Kunden findet. Damit könnte ein Film jeweils mit allen anderen Filmen in seiner Ähnlichkeit bewertet und sortiert werden; eine solche Sortierung ist die Grundlage für alle Empfehlungsalgorithmen auf Webseiten wie AMAZON oder auch dem Onlinemagazinen wie dem SPIEGEL und damit ökonomisch wertvoll.

Für die Staffeln einer Serie sollten in einer solchen Sortierung die anderen Staffeln ganz weit oben stehen und würden als erstes empfohlen werden. Diese Grundwahrheit ist natürlich trivial und ein Algorithmus, der uns nicht mehr offenbaren könnte, als das, was wir schon wissen, wäre nutzlos. Hier dient aber das intuitive Wissen um einen Teil der Wahrheit dazu, einen Teil der Sortierungen als Resultat des Gesamtalgorithmus²⁰ zu bewerten und damit die Wahrscheinlichkeit zu erhöhen, dass der Algorithmus auch dort sinnvolle Ergebnisse liefert, wo ein objektiver Bewertungsmaßstab fehlt. Tabelle 1 stellt die Ergebnisse für beide Vergleichsmodelle gegenüber; insgesamt führt die neue Methode zu deutlich besseren Ergebnissen als die klassische Methode. Für die beiden oben genannten Zahlen zeigte sich, dass 23 gemeinsame Bewertungen der Filme „VeggieTales: Lyle the Kindly Viking“ und „VeggieTales: Duke and the Great Pie War“ statistisch sehr signifikant ist, während die 1197 gemeinsamen Bewertungen von „Star Wars: Episode V“ und „Pretty Woman“ der Intuition gemäß deutlich weniger als erwartet war.

Beobachtung 2:

Die Güte eines Algorithmus, der Netzwerk motive statistisch bewertet, kann quantitativ bewertet werden, wenn wenigstens für einen Teil des Resultates in einem großen Netzwerk oder für ein kleines Netzwerk ähnlicher Art eine Grundwahrheit bekannt ist.

Zusammenfassung

Die zu analysierenden Datenmengen in der Biologie, der Ökonomie, der Psychologie, und in den Sozialwissenschaften hat in den letzten Jahren um ein

Vielfaches zugenommen. Mit keiner Methode der Welt ist es heute noch möglich, diese als Mensch zu sichten und alle möglichen Hypothesen über in ihnen vorliegende Korrelationen zu testen. Jeder methodische Ansatz bietet daher eine neue Perspektive, um überhaupt Hypothesen über die Daten zu generieren. Mit dem Aufkommen der Computer konnten beispielsweise erstmals Datensätze in drei Dimensionen dargestellt werden, was zu neuen Einsichten und Hypothesen verhelfen konnte. Neue Visualisierungstechniken und immer komplexere Statistiken helfen uns, diese Hypothesen zu verifizieren. Die Netzwerkanalyse ist besonders in der explorativen Phase des sogenannten Data Minings geeignet, um die Menge aller möglichen Korrelationen zwischen Akteuren auf eine kleinere Menge von Kandidaten einzugrenzen. Die daraus entstehenden Hypothesen hätten auch auf anderem Wege erlangt werden können – aber jede Methode scheint auf eine andere Menge von möglichen Korrelationen 'scharf zu stellen' und blendet andere eher aus. Die Netzwerkanalyse hat bisher vor allen Dingen bewiesen, dass sie viele Wissenschaftler zu neuen Ansätzen beflügelt, und sie scheint in ihrer Visualisierungskraft und Intuitivität für viele Disziplinen gleichermaßen zugänglich zu sein. Die folgenden Jahre werden aber der Konsolidierung der Ergebnisse dienen müssen, und dazu ist es unumgänglich, ein systematisches Rahmenwerk für ihre quantitative Evaluierung zu entwickeln. Lord Kelvin sagte dazu²¹:

„Der erste, der essentielle Schritt, um sich in der Physik irgendeinem Thema zu nähern und es zu begreifen, ist, einen Weg zu finden, es mathematisch zu beschreiben, und die praktischen Methoden zu entwickeln, um seine Eigenschaften zu vermessen. Ich behaupte oft, dass nur, wenn man dasjenige messen kann, über das man spricht, man wirklich etwas darüber weiß.“²²

¹ Dieser Essay beruht in weiten Teilen auf dem Übersichtsartikel „*Good vs. Optimal: Why Network Analytic Methods Need Systematic Evaluation*“ in: Central European Journal of Computer Science 1(1), S. 137-153, 2011 (© Versita, Warsaw), der ins Deutsche übersetzt, gekürzt und angepasst wurde, mit freundlicher Genehmigung von Versita, Warsaw.

² Für eine Übersicht über Zentralitätsmaße siehe Kapitel 2-4 in: Brandes, U./ Erlebach, T. (Hg.) (2005): *Network Analysis – A methodological foundation*, Springer Verlag, Heidelberg.

³ Clauset, A./ Moore, C./ Newman, M. E. J. (2008): *Hierarchical structure and the prediction of missing links in networks*, in: Nature 408, S. 98-101.

- ⁴ Fortunato, S. (2010): *Community detection in graphs*, in: Physics Report 486, S. 75-174.
- ⁵ Liben-Nowell, D./ Kleinberg, J. (2007): *The link-prediction problem for social networks*, in: Journal of the American Society for Information Science and Technology 58, S. 1019-1031.
- ⁶ Jeong, H./ Mason, S. P./ Barabási, A.-L./ Oltvai, Z. N. (2000): *Lethality and centrality in protein networks*, in: Nature 411, S. 41-42.
- ⁷ Freeman, L. (2006): *The development of social network analysis*, Empirical Press, Vancouver.
- ⁸ Bollobás, B. (2001): *Random Graphs*, in: Cambridge Studies in Advanced Mathematics 73, 2. Aufl., Cambridge University Press, London.
- ⁹ De Sola, P. I./ Kochen, M. (1978/79): *Contacts and Influence*, in: Social Networks 1, S. 5-51.
- ¹⁰ Watts, D. J./ Strogatz, S. H. (1998): *Collective Dynamics of 'Small-World' Networks*, in: Nature 393, S. 440-442; Barabási, A.-L./ Albert, R. (1999): *Emergence of scaling in random networks*, in: Science 286, S. 509-512.
- ¹¹ Google Scholar verweist auf mehr als 128.000 akademische Publikationen mit dem Schlagwort „network analysis“ (Stand Januar 2011).
- ¹² Keller, E. F. (2005): *Revisiting 'Scale-Free' Networks*, in: Bioessays 27, S. 1060-1068; Butts, C. T. (2010): *Revisiting the Foundation of Network Analysis*, in: Science 325, S. 414-416; Borgatti, S. P./ Mehra, A./ Brass, D. J./ Labianca, G. (2009): *Network Analysis in the Social Sciences*, in: Science 323, S. 892-895.
- ¹³ „Alte Dame klaut Kabel – Georgien offline“, Spiegel Online, Netzwelt-Ressort, 6.4.2011.
- ¹⁴ Für einen Überblick siehe Riché, P. Kapitel 2-4 in: Brandes, U./ Erlebach, T. (Hg.) (2005): *Network Analysis – A Methodological Foundation*, Springer Verlag, Heidelberg.
- ¹⁵ Jeong, H./ Mason, S. P./ Barabási, A.-L./ Oltvai, Z. N. (2001): *Lethality and Centrality in Protein Networks*, in: Nature 411, S. 41-42.
- ¹⁶ Ein Protein gilt als lebensnotwendig oder letal, wenn sein Ausfall den Organismus lebensunfähig macht.
- ¹⁷ Milo, R./ Itzkovitz, S./ Kashtan, N./ Levitt, R./ Shen-Orr, S./ Ayzenshtat, I./ Sheffer, M./ Alon, U. (2004): *Superfamilies of Evolved and Designed Networks*, in: Science 303, S. 1538-1542; Alon, U. (2006): *An Introduction to Systems Biology – Design Principles of Biological Circuits*, Chapman & Hall/CRC, USA.
- ¹⁸ Artzy-Randrup, Y./ Fleishman, S. J./ Ben-Tal, N./ Stone, L. (2004): *Comment on 'Network motifs: Simple Building Blocks of Complex Networks' and 'Superfamilies of Evolved and Designed Networks'*, in: Science 305, S. 1107c.
- ¹⁹ Zweig, K./ Kaufmann, M. (2011): *A systematic approach to the one-mode projection of bipartite graphs*, in: Social Network Analysis and Mining 1 (3), S. 187-218.
- ²⁰ Ein Algorithmus ist eine automatische Berechnungsvorschrift mit einer definierten Eingabe und Ausgabe, die nach endlicher Zeit eine Lösung garantiert.
- ²¹ Auch wenn wir ihm in seiner Radikalität, allem nicht-mathematisch Beschreibbaren den Status einer Wissenschaft abzustreiten, nicht folgen wollen, sollte seine Aussage doch zumindest für die Netzwerkanalyse gelten, die, wie in diesem Essay aufgezeigt, prinzipiell in ihrer Leistung numerisch bewertet werden kann.
- ²² Kelvin, W. T. (1889): *Electrical Units of Measurements*, in: Kelvin, W. T. Popular Lectures and Addresses

I, MacMillan, London, S. 43. Der Originaltext lautet: „In physical science the first essential step in the direction of learning any subject is to find principles of numerical reckoning and practicable methods for measuring some quality connected with it. I often say that when you can measure what you are speaking about, and express it in numbers, you know something about it“.

Adresse der Autorin:

Dr. Katharina Zweig
 Interdisciplinary Center of Scientific Computing (IWR)
 Speyererstraße 6
 D-69115 Heidelberg
 E-Mail: katharina.zweig@iwr.uni-heidelberg.de