

基于Scilab的复杂网络工具箱使用说明

吴波 陈伟

September 3, 2006

Contents

1	概述	2
2	函数简介	2
3	界面介绍	5
4	具体的使用方法	7

1 概述

上个世纪60年代美国Harvard大学的教授Milgram的社会调查得到的一个有趣的结论是：地球上任意两个人之间的平均距离为6，这称之为著名的6度分离理论(six degrees of separation),其反映了人与人之间的平均距离与全球的人口数量相比微乎其微。1998年, 美国Cornell大学的博士生Watts和导师Strogatz一篇Nature上的“小世界”上的群体动力学(Collective dynamics of ‘small-world’ networks) 更进一步揭示了复杂网络的小世界特性。1999年, 美国Notra Dame大学的Barabási教授及其博士生Albert在Science杂志上的“随机网络中标度的涌现”, 揭示了复杂网络的无标度(scale-free) 特性, 并且提出标准的BA模型生成算法。基于两篇文章的发表, 复杂网络的研究进入了一个新的阶段, 并将触角伸向物理、生物、电子、社会学各领域。

本工具箱提供了利用Scilab这一科学计算软件进行复杂网络方面研究和仿真的平台。使用户专注于研究, 而不必关注实现的细节。同时, 对于专业的研究人员, 标准的函数可以脱离GUI运行, 使其自由度大为增加, 并能够根据自己的意愿导出数据, 绘制图形。值得注意的是, 因为复杂网络是一门新兴学科, 所以当前复杂网络的工具箱非常稀少, 大都是专注于绘制图形, 本工具箱提供了相对完整的模型生成函数, 并且提供了一套动力学函数(包括传染过程, 博弈过程, 交通流过程), 用户只需要给定参数, 就可以简单的生成自己需要的模型拓扑结构。

2 函数简介

函数名称使用scilab的脚本编写, 部分函数采用C接口编写以最大限度提高速度。以下将简要介绍其中一些函数, 更加详尽的介绍请参阅帮助文档。

模型函数:

- $[a \ b] = er(N, K)$

Erdős and Rényi 在60年代提出的ER图模型, 其演化规则是首先构建大量的节点, 然后以相同的概率 p 给每两个节点之间联结边, 这样会得到一个有 N 个点, 大约 $pN(N-1)$ 条边的ER模型。

- $[a \ b] = ws(N, K, P)$

Watts和Strogatz在1998年提出的小世界模型, 从规则图开始: 构造一个含有 N 个点的最近邻耦合网络, 它们构成一个环状结构, 其中每个节点与它左右相邻的各 $K/2$ 个节点相连, K 是一个偶数, 然后开始随机化重连过程, 将边的一端以概率 P 的几率和另外一个端点重连, 但

必须保证任意两个节点之间最多只能够有一条边，并且每一个节点都不能有边和自身相连。

- $[a \ b] = ba(M_0, M, T)$

Barabási和Albert为了解释Internet、WWW以及新陈代谢网络等的连接分布函数具有幂率(power-law)形式而提出的著名的模型。其具有如下两个著名特性：1 动态增长特性：网络规模是可以随时间的递增而不断演化增加的，初始网络具有 M_0 个节点，每个时间步引入一个新的节点，带入 M 条边，连到模型中原来存在的 M 个不同节点上2 优先连接特性：新的节点更倾向于那些具有度大的节点相连，即我们平时所说的“马太效应”。其与一个已经存在的节点 i 向连接的概率 $\Pi = \frac{K_i}{\sum_j K_j}$ 。

- $[a \ b] = sba(M_0, M, T, ASSORT, K_0, EXP)$

最近的学者提出一些新的基于标准BA模型的生成规则，包括非线性的优先连接，适应度，和吸引度的引入，以适应不同形式的网络模型的统计结果，新节点与一个已经存在的节点 i 的概率如下：

$$\Pi = \frac{(k_{0i} + k_i \cdot assort_i)^{exp}}{\sum_j (k_{0i} + k_j \cdot assort_j)^{exp}} \quad (1)$$

用户通过生成 $ASSORT$ 和 K_0 数组可以定制不同的模型,生成Dorogovtsev-Mendes-Samukhin (DMS) model, Krapivsky model, Bianconi-Barabasi (BB) model, 或者生成适合自己领域的模型。

- $[a \ b \ s \ w] = bbv(M_0, M, T, W_0, Delta)$

2004年, Alain Barrat, Marc Barthélemy and Alessandro Vespignani(BBV)提出了一个基于权重优先连接的带权网络的演化规则，并且考虑到了引入节点所带来的权值上升，使其可以较为真实的模拟真实网络的统计特性。初始网络具有 M_0 个节点，每条边初始的权值为 W_0 ，定义节点 i 强度为 $S_i = \sum_{j \in v(i)} w_{ij}$,这里 v 指的是节点 i 的邻居集合，然后每个时间步引入一个新的节点，与一个已经存在的节点 i 相连接的概率为 $\Pi = \frac{s_i}{\sum_j s_j}$ ，选中节点后该节点的强度增加 $Delta$ 大小，然后原先存在的边(不包括新加入的边)的权重会改变，权重增加大小服从为 $\Delta w_{ij} = \delta \frac{w_{ij}}{s_i}$ 。返回值为边图, 节点的强度, 边的权重(对应于边图)。

参数函数:

- $t = tran(a, b)$

$tran$ 是转换函数,将边图 $[a \ b]$ 转换为类邻接表矩阵,例如: $t[i][0]$ 后面表示节点 i 度的大小，后面的 $t[i][1]$ 、 $t[i][2]$ 等依次表示其邻居节点的名称。注意这里函数只考虑无向图。

- $c = bet(t)$

介数(betweenness)衡量了通过网络中该节点最短路径的数目。 bet 函数采用德国的Konstanzt于2001年提出的快速介数算法,这里 t 是经过 $tran$ 函数转换后的类邻接表矩阵,输出结果为每个节点的介数大小。

- $e = eff(t)$

eff 函数计算网络中任意两个节点的距离的调和平均值来衡量一个网络整体的运输效率: $E = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i,j \in N, i \neq j} \frac{1}{d_{ij}}$, d_{ij} 是顶点 i 和 j 的最短路径的大小, 两点之间若无最短路径则忽略。

- $r = assc(a, b, m, n)$

计算网络的同配系数,当 $r > 0$ 时, 网络是同配的(assortive),当 $r < 0$,网络是异配的(disassortive)。

- $[c \ d] = scidecom(a, b)$

为了快速通过边图来分析网络中的群落结构, Newman, Clauset和Moore提出基于堆结构的贪婪算法的边图算法, $scidecom$ 函数事实上是一个接口函数,通过调用Clauset的源程序(遵循GPL协议)获得结果。

- $[c \ d] = cluster(t)$

计算复杂网络中的聚类系数大小, 定义节点 i 的聚类系数为 $C_i = 2E_i / (k_i(k_i - 1))$, 这里 E_i 是 i 的邻居之间相连的边数, k_i 是节点 i 的度的大小。输入参数 t 是经过 $tran$ 函数转换后的类邻接表矩阵输出 c 是网络的平均聚类系数, d 是大小为网络节点总数一维矩阵, 记录的网络每个节点的聚类系数。

传播函数:

- $inf = sis(a, b, N, T, N_0, P)$

在传播模型中,种群的个体被抽象为 S -健康状态(或易感状态), I -感染状态, R -免疫状态。 SIS 模型表示的是个体被感染后, 又返回到易感状态。输入边图 a, b , 网络总节点数 N , 演化时间 T , 初始随机选择感染人数 N_0 , 感染节点使其邻居感染概率 P 。返回 inf 是一个长度为 T 的一维数组, 记录每个时间段, 感染的节点占有所有节点的比例。

- $inf = sirs(a, b, N, T, N_0, T_i, T_r, P)$

考虑到某些疾病具有复发的性质, 引入 $SIRS$ 过程, 顾名思义, $SIRS$ 演示的是易感→感染→免疫→易感的周期性过程。输入边图 a, b , 网络总节点数 N , 演化时间 T , 初始随机选择感染人数 N_0 , 感染持续时间 T_i , 免疫持续时间 T_r , 感染节点使其邻居感染概率 P 。返回 inf 是一

个长度为 T 的一维数组，记录每个时间段，感染的节点占有所有节点的比例。对于 $sirs$ 过程，当 T_r 取得足够大的时候， $sirs$ 过程等效于 sir 过程。

其他画图函数

- *draw_graph(g, scale)*

*draw_graph*可以简单的处理节点数较多的网络模型，根据度的大小，按照层次的关系显示图形。这里 g 是 $Scilab$ 中的图变量，但是不需要指定图形坐标， $scale$ 是显示图形的缩放参数，和*show_graph*相同。

- *draw_degree(g, flag)*

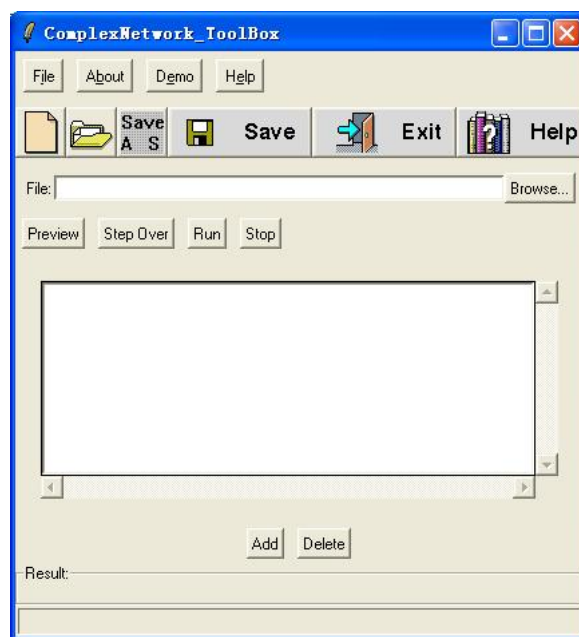
*draw_degree*用于快速显示该网络拓扑结构的度分布，这里 g 是 $Scilab$ 中的图变量， $flag = 0, 1, 2$ 分别代表普通,单对数,双对数坐标系。

- *draw_betweenness(t, bet, flag)*

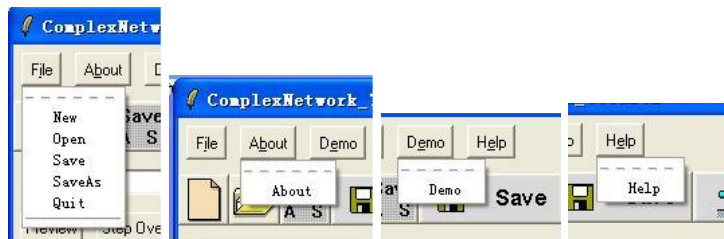
*draw_betweenness*用于快速显示网络拓扑结构的介数和其度的之间的关系，这里 t 是经过*tran*函数转换后的类邻接表矩阵， bet 是网络的介数矩阵， $flag = 0, 1, 2$ 分别代表普通,单对数,双对数坐标系。

3 界面介绍

本工具箱的图形用户界面采用软件TCL/TK编写。用户执行该工具箱后，会得到如下图所示的主界面：



在主界面上，有如下四个菜单(Menu)：File, About, Demo, Help。它们又有各自的子菜单(submenu)，如下面各图所示：



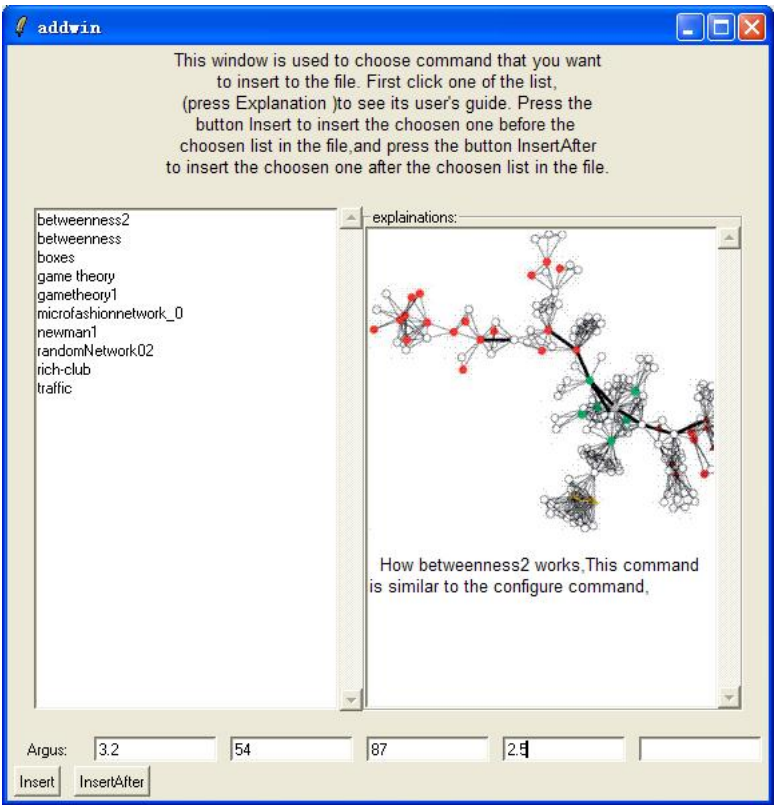
在菜单按钮的下面是六个工具栏(toolbar),包括新建(new), 打开(open), 保存(save), 另存为(save as), 退出(exit), 帮助(help)等。

在工具栏下是一个输入框，它显示的是打开的文件的名字（绝对路径名），用户也可以手动输入文件的绝对路径名，然后按回车键打开输入的文件。在显示的文件名的右边有一个Browse按钮，可以点击此按钮来选择系统中的文件。

在输入框的下面是四个命令按钮：Preview, Step Over, Run, Stop。点击它们可以执行相应的功能。

命令按钮的下方，是一个带水平和垂直滚动条的列表框，它按行显示打开的文件中的内容。

在列表框的下方，有两个命令按钮：Add和Delete。当用户用鼠标选中列表框中的某一条内容后，点击Delete按钮便可以删除该条内容。当用户点击Add按钮时，会弹出另一个窗口。如下图所示：



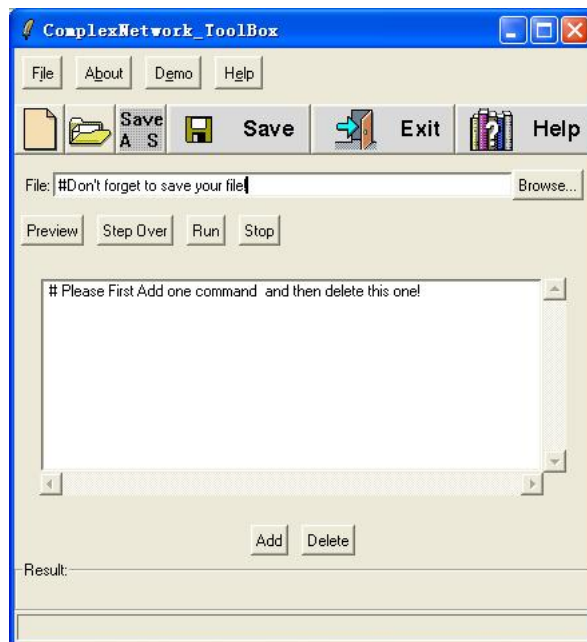
该窗口主要包含五部分内容，顶部的说明部分描述了该窗口的用途和使用方法；中间左边是一个列表框，其中包含了各种可用命令，以供用户选择。右边是一个文本框，其中显示了对应左边的各个命令的解释说明。只需用鼠标左键点击左边列表框中的某个条目，右边文本框便会自动显示与该条目对于得解释。再往下是四个输入框，供用户输入各个命令所需的参数，也可以输入少于四个参数，程序会自动识别输入的参数个数。最后，是两个命令按钮：**Insert**和**InsertAfter**。点击**Insert**可以将选中的命令插入到主窗口中的用户最后点击的某条内容的前面，而点击**InsertAfer**则可以将选中的命令插入到主窗口中用户最后点击的内容的后面。方便了用户在文件的最后插入内容。

在主窗口的最后一个文本标签域，用来显示最后程序执行的一个数据结果。

4 具体的使用方法

首先，打开Scilab文件complexnetwork.sce，按Ctrl+l(或点击菜单Execute下的Load into Scilab)来执行该文件，就会弹出上述主界面。然后，用户可以选择新建一个文件，或者打开一个已经存在的文件。

若用户选择新建文件，则在文件名输入框打印一句提示：“#Don't forget to save your file!”提醒用户保存新建的文件。同时，在文件内容列表框，会有一行预定义的内容：“Please First Add one command and then delete this one!”提示用户先增加一条命令，然后就可以将该预定义内容删除。然后用户就可以进行对内容进行增加和等修改操作了。如下图所示：



用户也可以按Open按钮来打开一个已经存在的文件，然后在此基础上进行修改。点击Add按钮可以弹出供选择的添加命令的窗口，然后选择其中的某条命令，输入设想的参数，就可以点击Insert或InsertAfter来插入了。如果用户想改变插入的位置，需要在主窗口中选中插入位置上的条目，然后重新点击Add按钮来添加命令。选择主窗口中的某个条目，然后点击Delete按钮就可以删除按条目。

当用户想执行文件中的内容，察看其执行结果时，可以点击Preview，Step Over或Run按钮，它们分别执行...

另外，若用户对文件内容进行了修改却没有保存就退出了，程序会提示用户是否保存，点击Yes会首先保存修改后的文件，主窗口不会关闭，然后就可以再将主窗口关闭了。也可以在退出之前点击SaveAs另存为另外一个文件名。如用户选择No不保存文件，则窗口会直接关闭而退出程序。

在如下几种情况下，程序会提醒用户是否保存文件：新建了一个文件，没有保存便退出了；对打开的文件修改了以后没有保存就退出了；对打开的文件修改了，没有保存便要新建文件，或打开新的文件等。

在用户对打开的文件修改后，状态栏会显示“Modified”，以提醒用户。

(???)几个问题：

- 在用户修改文件后，点击上述执行按钮并不会提示用户保存文件，这样，用户不需要每次修改后保存文件就可以查看文件内容执行后的结果。（若需改，只需在Run proc中添加代码即可）（已增加）。