实验一

- 实验要求
- 全局耦合网络
- 最近邻耦合网络
- 星形网络
- 随机网络
- 总结

• 实验二

- 实验要求
- WS小世界模型
- NW小世界模型
- 无标度网络模型
- 总结

• 实验三

- 实验要求
- 实验过程

实验四

- 实验要求
- 实验过程
- 实验五
 - 实验要求
 - 实验过程

实验一

实验要求

- 1. 实现全局耦合网络,展示网络图,并计算平均路径长度和聚类系数。
- 2. 实现最近邻耦合网络,展示网络图,并计算平均路径长度和聚类系数。
- 3. 实现星形网络,展示网络图,并计算平均路径长度和聚类系数。
- 4. 实现随机网络,展示网络图,并计算平均路径长度和聚类系数。

全局耦合网络

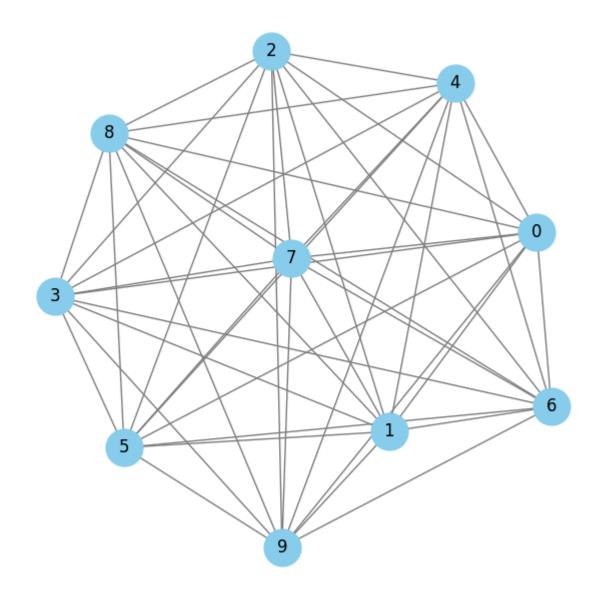
在一个全局耦合网络中,每个节点与网络中的所有其他节点都直接相连。我们使用 networkx 创建了一个包含10个节点的全局耦合网络。代码如下:

```
print("全局耦合网络")
   G = nx.complete_graph(10) # 创建一个包含10个节点的全局耦合网络
   print(f"平均路径长度: {nx.average_shortest_path_length(G)}")
   print(f"聚类系数: {nx.average_clustering(G)}")
   plot_network(G, title="全局耦合网络")
```

得到全局耦合网络的平均路径长度为1.0, 聚类系数为1.0。绘制全局耦合网络图的函数如下:

```
def plot_network(G, title):
    pos = nx.spring_layout(G)
    plt.figure(figsize=(6, 6))
    nx.draw(G, pos, with_labels=True, node_color='skyblue', node_size=700,
edge_color='gray')
    manager = plt.get_current_fig_manager()
    manager.window.wm_title(title)
    plt.show()
```

绘制出的图像如下:



最近邻耦合网络

G - 最近邻耦合网络

在一个最近邻耦合网络中,每个节点仅与k个最近邻节点相连,通常以环形连接。最近邻耦合网络的创建可以基于一个环形网络。首先创建一个包含20个节点的最近邻耦合网络,然后将每个节点与其相邻的4个节点相连,便完成了最近邻耦合网络的创建。在创建时,需要注意k必须是偶数,否则主动产生报错来提高程序鲁棒性。代码如下:

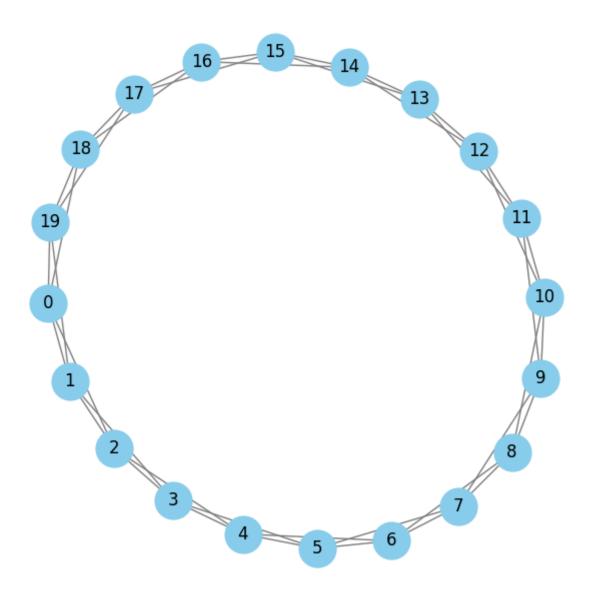
```
def create_nearest_neighbor_coupled_network(n, k):
"""
    创建一个最近邻耦合网络,其中每个节点连接到其k个最近的邻居。

参数:
n - 节点数
k - 每个节点连接的最近邻居数(必须是偶数)
```

```
if k % 2 != 0:
    raise ValueError("k must be even")
    G = nx.cycle_graph(n) # 创建一个包含n个节点的环状网络
# 为每个节点添加k/2个最近邻居的边
for i in range(1, k//2 + 1):
    edges_to_add = [(j, (j + i) % n) for j in range(n)]
    G.add_edges_from(edges_to_add)
    return G

print("最近邻耦合网络") # 创建一个包含20个节点的最近邻耦合网络, k=4
G = create_nearest_neighbor_coupled_network(20, 4)
print(f"平均路径长度: {nx.average_shortest_path_length(G)}")
print(f"聚类系数: {nx.average_clustering(G)}")
plot_network(G, title="最近邻耦合网络")
```

得到最近邻耦合网络的平均路径长度为1.895, 聚类系数为0.5。绘制最近邻耦合网络的图片如下:

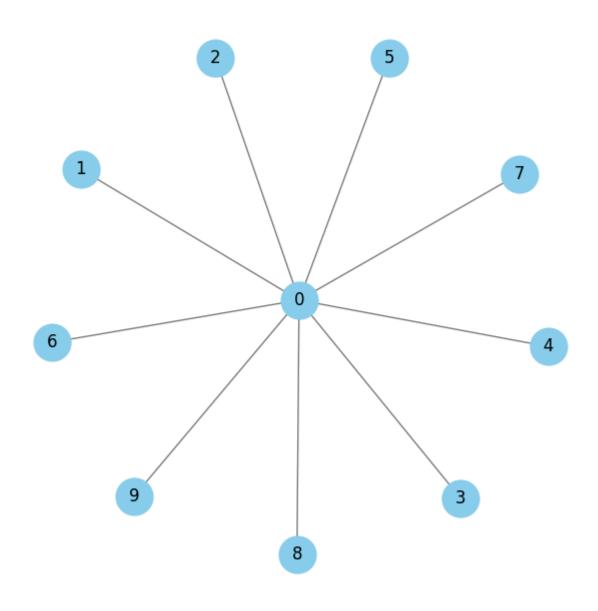


星形网络

在星形网络中,一个中心节点与所有其他节点直接相连,而其他节点之间没有连接。我们使用networkx创建了一个包含10个节点的星形网络。代码如下:

```
print("星形网络")
G = nx.star_graph(9) # 创建一个包含10个节点的星形网络
print(f"平均路径长度: {nx.average_shortest_path_length(G)}")
print(f"聚类系数: {nx.average_clustering(G)}")
plot_network(G, title="星形网络")
```

得到星形网络的平均路径长度为1.8, 聚类系数为0.0。绘制星形网络的图片如下:

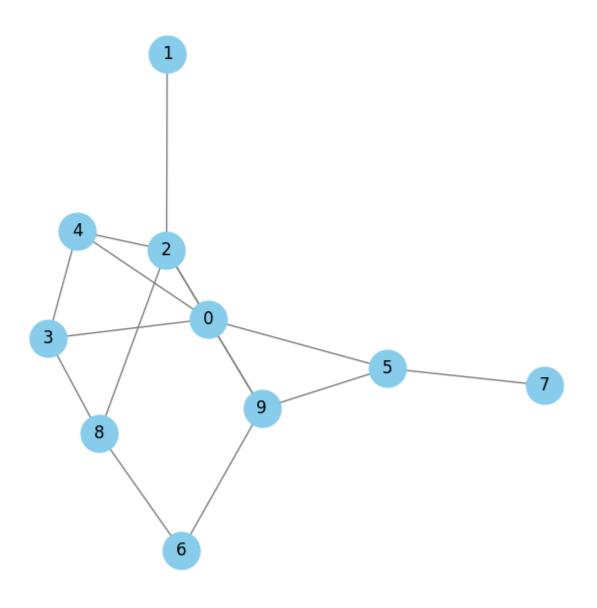


随机网络

在一个ER随机网络中,网络中的每一对节点以固定概率随机连接。我们使用networkx创建了一个包含10个节点的随机网络,其中每一对节点以0.3的概率连接。代码如下:

```
print("随机网络")
G = nx.erdos_renyi_graph(10, 0.3)
print(f"平均路径长度: {nx.average_shortest_path_length(G)}")
print(f"聚类系数: {nx.average_clustering(G)}")
plot_network(G, title="随机网络")
```

得到随机网络的平均路径长度为1.956, 聚类系数为0.227。绘制随机网络的图片如下:



总结

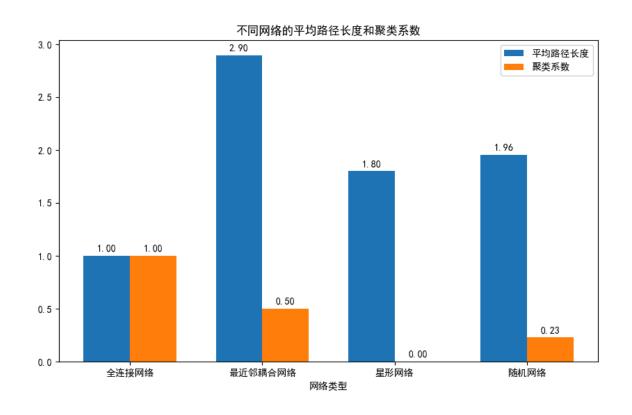
名称	平均路径长度	聚类系数
全连接网络	1.0	1.0
最近邻耦合网络	2.895	0.5
星形网络	1.8	0.0

随机网络

1.956

0.227

对上述数据进行可视化,可以得到:



实验二

实验要求

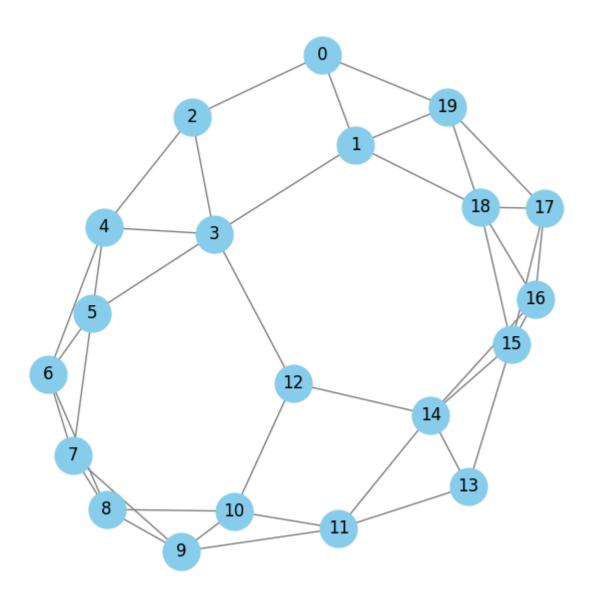
- 1. 实现并展示WS小世界模型构建,并计算平均路径长度和聚类系数。
- 2. 实现并展示NW小世界模型构建,并计算平均路径长度和聚类系数。
- 3. 实现并展示无标度网络模型构建,并计算平均路径长度和聚类系数。

WS小世界模型

WS小世界模型是一种具有短平均路径长度和高聚类系数的网络模型,其特点是通过随机 重连来实现小世界特性。我们使用networkx创建一个包含20个节点的WS小世界模型, 初始连接的最近邻居数为4,每条边有0.3的概率重连。代码如下:

```
print("WS小世界模型")
G = nx.watts_strogatz_graph(20, 4, 0.1) # 创建一个包含20个节点的WS小世界模型
print(f"平均路径长度: {nx.average_shortest_path_length(G)}")
print(f"聚类系数: {nx.average_clustering(G)}")
plot_network(G, title="WS小世界模型")
```

我们创建的这个网络平均路径长度为2.616,聚类系数为0.4333。绘制网络图片如下:

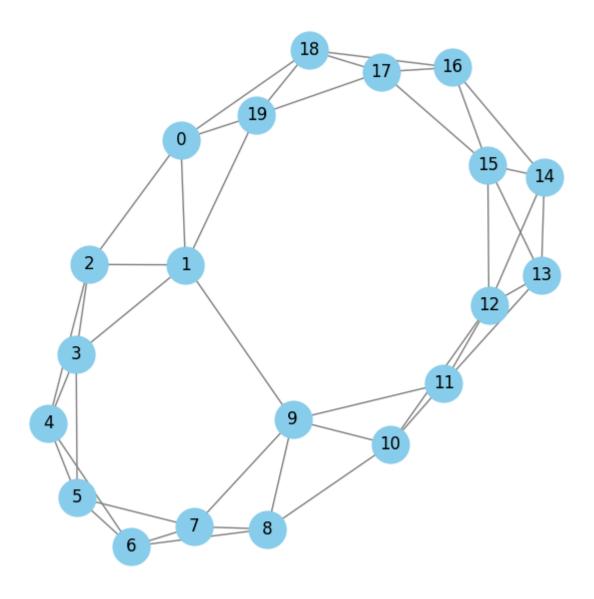


NW小世界模型

NW小世界模型是一种小世界网络模型的变体,其特点是通过添加新边而不是重新连接现有边来生成小世界特性。我们使用networkx创建一个包含20个节点的WS小世界模型,初始连接的最近邻居数为4,每两个点之间有0.1的概率添加新边。代码如下:

```
print("NW小世界模型")
G = nx.newman_watts_strogatz_graph(20, 4, 0.1) # 创建一个包含20个节点的NW小世界模型
print(f"平均路径长度: {nx.average_shortest_path_length(G)}")
print(f"聚类系数: {nx.average_clustering(G)}")
plot_network(G, title="NW小世界模型")
```

我们创建的NW小世界模型平均路径长度为2.5842,聚类系数为0.4967。绘制网络图片如下:

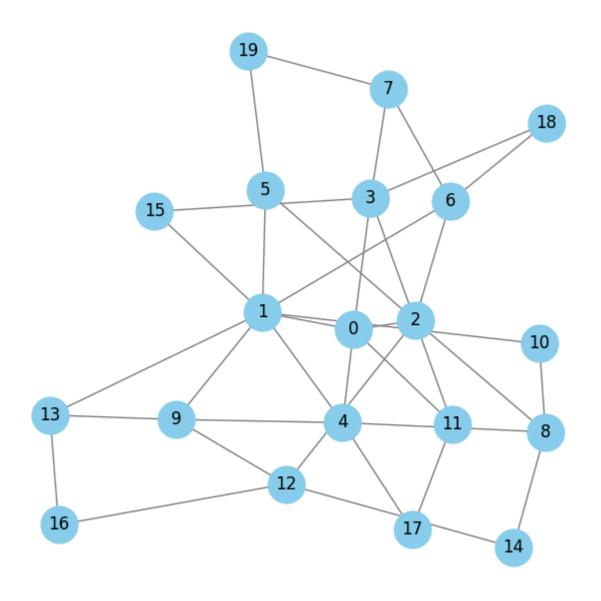


无标度网络模型

无标度网络模型的特点是具有一些节点具有非常高的连接度,而大多数节点的连接度较低,通常遵循幂律分布。我们使用networkx创建了一个包含20个节点,每个新节点添加2条边的无标度网络模型。

```
print("无标度网络模型")
G = nx.barabasi_albert_graph(20, 2) # 创建一个包含20个节点的无标度世界模型
print(f"平均路径长度: {nx.average_shortest_path_length(G)}")
print(f"聚类系数: {nx.average_clustering(G)}")
plot_network(G, title="无标度网络模型")
```

我们创建的NW小世界模型平均路径长度为2.2473,聚类系数为0.090。绘制网络图片如下:



总结

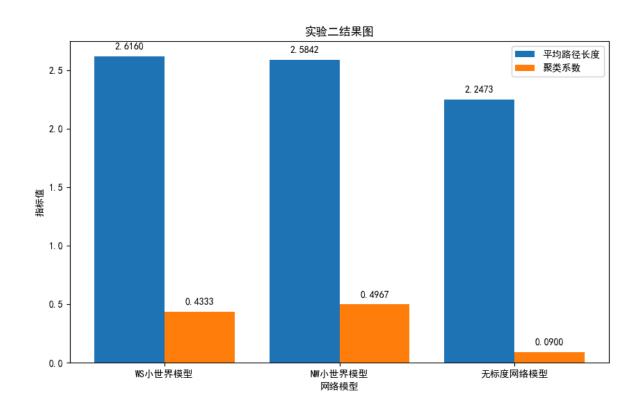
名称	平均路径长度	聚类系数
WS小世界模型	2.616	0.4333
NW小世界模型	2.5842	0.4967

无标度网络模型

2.2473

0.090

对上述数据进行可视化,可以得到:



实验三

实验要求

5.2 实现线性阈值模型构建,并给出实例演示。

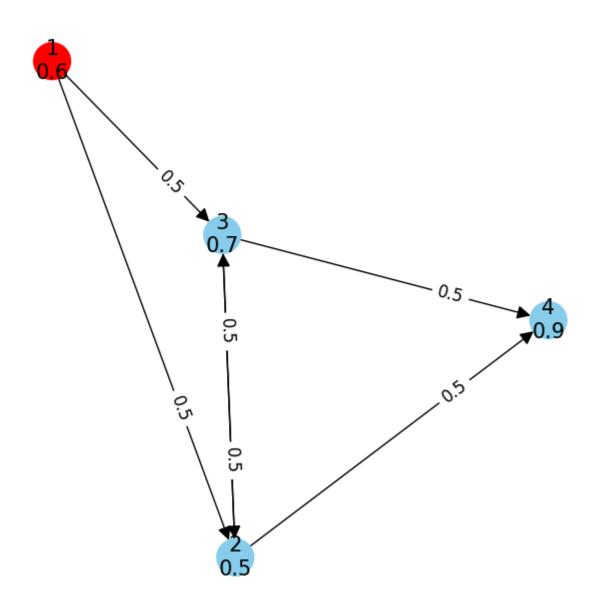
实验过程

线性阈值模型是一种描述社会影响和传播动态的模型,其中个体在受到足够多邻居的影响后会改变状态,从而触发连锁反应。

我们首先使用networkx.DiGraph函数创建一个单向图:

接下来,在该单向图中添加每一个节点的权重和边的权重:

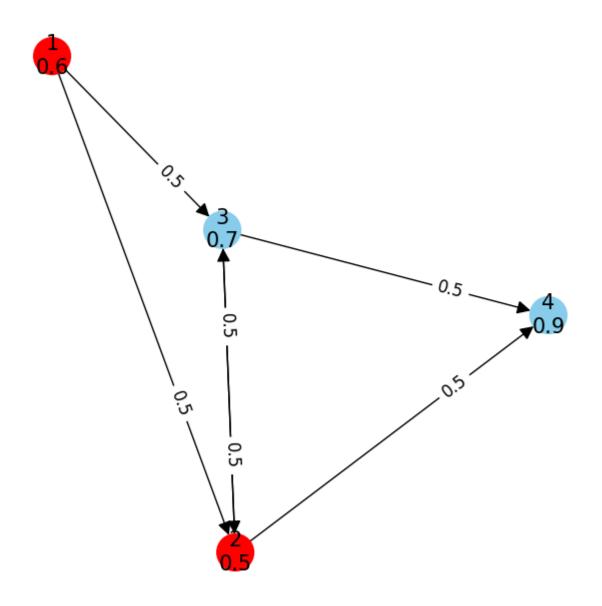
打印初始网络状态, 其中红色代表的是已经被激活的节点。



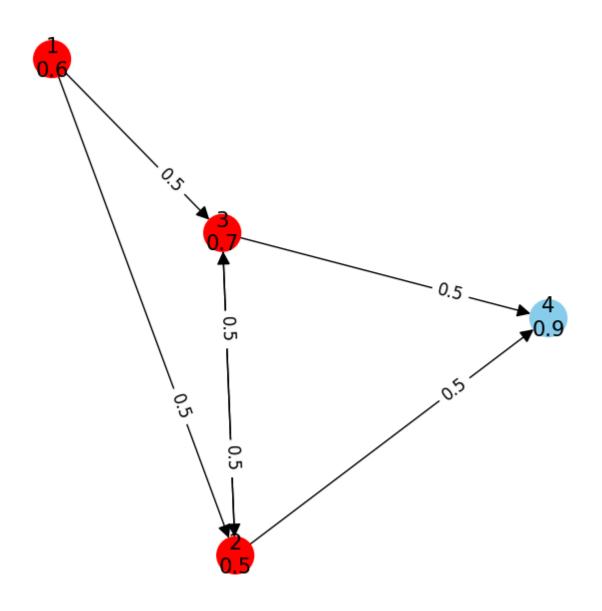
在传播的过程中,每一轮将遍历每一个未被激活的节点,查看其相邻节点内是否有已被激活的节点。当节点受到邻居的激活权重总和大于等于其激活阈值时,该节点被激活。 持续更新直至一轮中没有新被激活的节点。传播过程实现代码如下:

```
def linear_threshold_model(G, start):
   # Activated nodes
    activated = set(start)
    newly_activated = set(start)
    activation_history = [set(start)]
    node_labels = {node: data for node, data in G.nodes(data=True)}
    edge_labels = {(u, v): f"{data['weight']}}" for u, v, data in
G.edges(data=True)}
    i = 0
    while newly_activated:
        current_activated = set()
        for node in G.nodes():
            if node not in activated:
                s = 0
                for neighbor in G.nodes():
                    if node in G.neighbors(neighbor) and neighbor in activated:
                        s += G[neighbor][node]['weight']
                if s >= node_labels[node]['weight']:
                    current_activated.add(node)
        newly_activated = current_activated
        if newly_activated:
            activated.update(newly_activated)
            activation_history.append(newly_activated)
            plot_network(G, activated, f"第{i}次传播")
    return activation_history
```

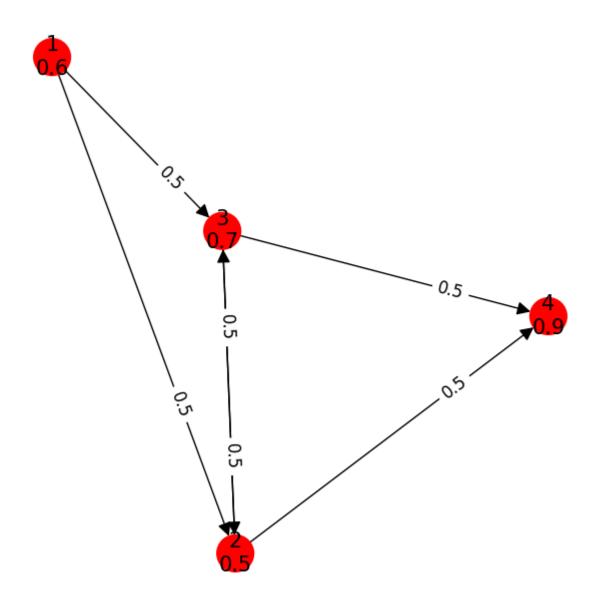
在该实验中,我们的传播总共进行了3轮。第一次传播中,a2节点被激活:



第二次传播中, a3节点被激活:



第三次传播中,a4节点被激活:



实验四

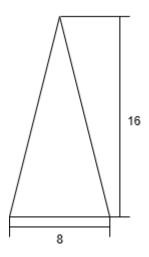
实验要求

6.1 实现Boids模型,并给出实例演示。

实验过程

Boids模型是一种用于模拟群体行为的计算模型,由克雷格·雷诺兹(Craig Reynolds)在1986年提出。该模型通过简单的规则模拟出鸟群、鱼群等群体的复杂行为。Boids模型中的每个个体决策都遵循三个基本规则:避免碰撞、方向统一和群体聚合。

我们将使用三角形来表示物体的位置和方向。三角形的形状定义如下:



可以计算得到三角形的三个顶点坐标如下:

$$x1 = x + 2\cos\theta \quad y1 = y + 2\sin\theta$$

$$x2 = x + 0.5\sin\theta \quad y2 = y - 0.5\cos\theta$$

$$x3 = x - 0.5\sin\theta \quad y3 = y + \cos\theta$$

首先我们创建Boid类来代表一个个体。

```
class Boid:
   def __init__(self):
        self.size = 4
        self.x = random.randint(0, WIDTH)
        self.y = random.randint(0, HEIGHT)
        self.angle = random.uniform(0, math.pi * 2)
        self.speed = 3
        self.point_list = [(self.x+self.size*2*math.cos(self.angle),
self.y+self.size*2*math.sin(self.angle)),
(self.x+self.size*0.5*math.sin(self.angle), self.y-
self.size*0.5*math.cos(self.angle)), (self.x-self.size*0.5*math.sin(self.angle),
self.y+self.size*0.5*math.cos(self.angle)) ]
    # 更新位置
    def update(self, flock):
        self.rule3(flock)
        self.rule1(flock)
       self.rule2(flock)
        self.move()
```

类鸟检测某个范围内(与分离规则的范围不同)的所有类鸟的位置,计算出质心,然后产生一个指向质心的速度。我们设置群聚的检测范围为40。群聚行为的实现如下:

```
def rule1(self, flock):
    alpha = 0.9
    gathering = 40
```

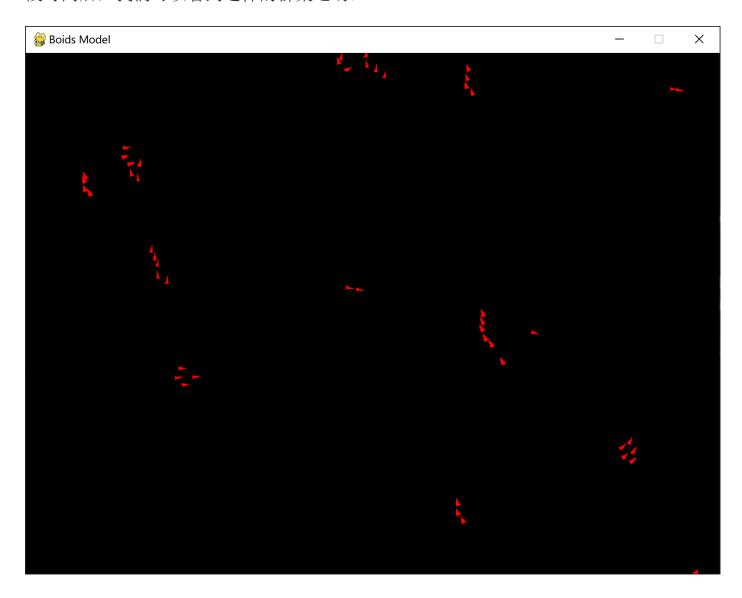
类鸟检测某个范围内的所有类鸟的速度,计算出平均速度,然后产生一个与平均速度方向一致的速度。我们设置方向统一的检测范围为40。方向统一的实现如下:

```
def rule3(self, flock):
    alpha = 0.9
    average= 40
    move_angle = 0
    1 = 0
    for boid in flock:
        if boid != self:
            dist = math.sqrt((self.x - boid.x)**2 + (self.y - boid.y)**2)
            if dist < average:</pre>
                move_angle += boid.angle
                1 += 1
    if 1 == 0:
        pass
    else:
        move_angle /=1
        self.angle = alpha * self.angle + (1-alpha)*move_angle
```

类鸟检测某个范围内的所有类鸟的位置,计算出质心,然后产生一个远离质心的速度。 我们设置避免碰撞的检测范围为10,而相对地,避免碰撞对结果的影响更大。避免碰撞 的实现如下:

```
move_x)+0.5*math.pi))
```

可以注意到的是,我们的三个规则实现并不是简单地计算方向,而是考虑到了类鸟原有的方向惯性,将规则计算得到的方向以加权平均的方式对类鸟的方向做修正。在运行一段时间后,我们可以看到这样的群集运动:



实验五

实验要求

实现一种传染病模型,并给出实例演示。

实验过程

在SIRS模型中,人群被分为三类:易感者(S),感染者(I),以及康复者(R)。同时,康复者也可以重新变为易感者。模型的演化由一组微分方程描述:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} + \gamma R$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \alpha I$$

$$\frac{dR}{dt} = \alpha I - \gamma R$$

我们定义模型参数和初始状态如下:

```
# 定义模型参数
N = 1000 # 总人口数量
alpha = 0.1 # 康复率
beta = 0.3 # 传播率
gamma = 0.05 # 再感染率

# 初始状态: 假设只有一个感染者, 其他人都是易感者
I0 = 1
S0 = N - I0
R0 = 0
```

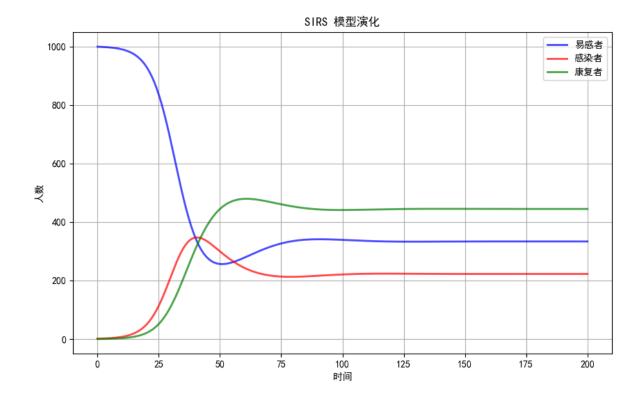
创建函数求解某一时刻的S, I, R的微分:

```
def sirs_model(y, t, beta, alpha, gamma, N):
    S, I, R = y
    dSdt = -beta * S * I / N + gamma * R
    dIdt = beta * S * I / N - alpha * I
    dRdt = alpha * I - gamma * R
    return [dSdt, dIdt, dRdt]
```

借助python自带的常微分方程求解方法:

```
solution = odeint(sirs_model, [S0, I0, R0], t, args=(beta, alpha, gamma, N))
S, I, R = solution.T
```

得到传播过程个类型的人群数量变化如下:



最终,S类型人数为333人,I类型人数为222人,R类型人群为444人。