

直接去匿名化算法 (DDA)

plaintext

复制代码

Algorithm 1: Direct De-anonymization (DDA) Algorithm

Input: Node sets V_A and V_B ; link sets E_A and E_B .

Output: The optimal matching function $\pi_0 \in V_A \times V_B$.

```
1: Compute the distance matrices  $DA$  and  $DB$ .
2:  $l \leftarrow$  the maximal value in matrices  $DA$  and  $DB$ , as the collective level
   in the CDA algorithm.
3:  $\pi = \text{CDA}(DA, DB, l)$ .
4: Compute the  $f_1$  score under  $\pi$  with Eqns. (2) and (3).
5: for each  $(u_A, u_B) \in \pi$  do
6:   Compute the  $f_2$  score under  $\pi \setminus (u_A, u_B)$ .
7:   if  $f_2 > f_1$  then
8:      $\pi \leftarrow \pi \setminus (u_A, u_B)$ ;  $f_1 \leftarrow f_2$ ;
9: return  $\pi_0 \leftarrow \pi$ .
```

解释

1. 输入:

1. V_A 和 V_B : 两个网络的节点集合。
2. E_A 和 E_B : 两个网络的链接集合。

2. 输出:

1. 最优匹配函数 π_0 。

3. 步骤:

1. **计算距离矩阵 DA 和 DB** : 这些矩阵用于表示节点之间的距离（通常是最短路径距离）。
2. **确定集合层次 l** : l 是距离矩阵中的最大值，表示集体去匿名化算法中的集合层次。
3. **使用 CDA 算法计算初始匹配 π** : CDA 算法用于初步匹配节点。
4. **计算初始匹配的 f_1 得分**: f_1 得分结合了链接精度和链接召回率。
5. **优化匹配**: 遍历每个匹配对 (u_A, u_B) ，计算在移除该对后的新的 f_2 得分。如果 f_2 得分大于初始 f_1 得分，则移除该对。
6. **返回最终匹配结果 π_0** : 经过优化后的最优匹配结果。

基于渗透的去匿名化算法 (PDA)

plaintext

复制代码

Algorithm 2: Percolation De-anonymization (PDA) Algorithm

Input: Node sets V_A and V_B ; link sets E_A and E_B .

Output: The optimal matching function $\pi_0 \in V_A \times V_B$.

```
1: Initialize: The degree threshold  $d_T$  for seed discovery; The percolation threshold  $r$ .
2: Compute the distance matrices  $D'A$  and  $D'B$  for nodes whose degrees are higher than  $d_T$ .
3:  $\pi = \text{CDA}(D'A, D'B, 1)$ .
4: Compute the  $f_1$  score under  $\pi$  for the sub-networks composed of high-degree nodes.
5: for each  $(u_A, u_B) \in \pi$  do
6:   Compute the  $f_2$  score under  $\pi \setminus (u_A, u_B)$ .
7:   if  $f_2 > f_1$  then
8:      $\pi \leftarrow \pi \setminus (u_A, u_B)$ ;  $f_1 \leftarrow f_2$ .
9:  $\pi = \text{PGM}(E_A, E_B, \pi, r)$ ;
10: return  $\pi_0 \leftarrow \pi$ .
```

解释

1. 输入:

1. V_A 和 V_B : 两个网络的节点集合。
2. E_A 和 E_B : 两个网络的链接集合。

2. 输出:

1. 最优匹配函数 π_0 。

3. 步骤:

1. **初始化**: 设置度阈值 d_T 用于种子节点发现; 设置渗透阈值 r 。
2. **计算高于度阈值的节点的距离矩阵 $D'A$ 和 $D'B$** : 这些矩阵用于表示高于度阈值的节点之间的距离。
3. **使用 CDA 算法计算高阶节点的初始匹配 π** : CDA 算法用于初步匹配高阶节点。
4. **计算子网络的 f_1 得分**: f_1 得分结合了链接精度和链接召回率, 仅针对高阶节点的子网络。
5. **优化匹配**: 遍历每个匹配对 (u_A, u_B) , 计算在移除该对后的新的 f_2 得分。如果 f_2 得分大于初始 f_1 得分, 则移除该对。
6. **使用 PGM 算法进行全局匹配**: PGM (渗透图匹配) 算法用于全局优化匹配结果。
7. **返回最终匹配结果 π_0** : 经过优化后的最优匹配结果。

这两个算法分别针对小规模和大规模网络，优化了去匿名化过程中的匹配精度和效率。

直接去匿名化算法 (DDA)

python

复制代码

```
import numpy as np

def compute_distance_matrix(network):
    # 使用 Floyd-Warshall 算法计算距离矩阵
    size = len(network)
    dist = np.full((size, size), np.inf)
    np.fill_diagonal(dist, 0)

    for i in range(size):
        for j in range(size):
            if network[i][j] != 0:
                dist[i][j] = network[i][j]

    for k in range(size):
        for i in range(size):
            for j in range(size):
                if dist[i][j] > dist[i][k] + dist[k][j]:
                    dist[i][j] = dist[i][k] + dist[k][j]

    return dist

def CDA(DA, DB, l):
    # 集体去匿名化算法的占位实现
    # 需要提供具体的实现细节
    # 这里简单返回一个随机匹配
    size = len(DA)
    return {i: i for i in range(size)}

def f_score( $\pi$ , EA, EB):
    # 计算 f1 得分
    E_match = sum(1 for (uA, vA), (uB, vB) in zip(EA, EB) if  $\pi$ .get(uA) == uB and  $\pi$ .get(vA) == vB)
    E_align = len(EA)
    E_true = len(EB)

    link_precision = E_match / E_align
    link_recall = E_match / E_true
```

```

    return 2 * (link_precision * link_recall) / (link_precision +
link_recall)
def DDA(VA, VB, EA, EB):
    DA = compute_distance_matrix(EA)
    DB = compute_distance_matrix(EB)
    l = max(np.max(DA), np.max(DB))

     $\pi$  = CDA(DA, DB, l)
    f1 = f_score( $\pi$ , EA, EB)

    for (uA, uB) in list( $\pi$ .items()):
         $\pi\_temp$  =  $\pi$ .copy()
        del  $\pi\_temp$ [uA]
        f2 = f_score( $\pi\_temp$ , EA, EB)

        if f2 > f1:
             $\pi$  =  $\pi\_temp$ 
            f1 = f2

    return  $\pi$ 
# 示例网络数据
VA = [0, 1, 2]
VB = [0, 1, 2]
EA = [[0, 1, 0], [1, 0, 1], [0, 1, 0]]
EB = [[0, 1, 0], [1, 0, 1], [0, 1, 0]]
# 执行 DDA 算法
 $\pi_0$  = DDA(VA, VB, EA, EB)print("Optimal Matching ( $\pi_0$ ):",  $\pi_0$ )

```

基于渗透的去匿名化算法 (PDA)

python

复制代码

```

def PGM(EA, EB,  $\pi$ , r):
    # 渗透图匹配算法的占位实现
    # 需要提供具体的实现细节
    # 这里简单返回初始匹配
    return  $\pi$ 
def PDA(VA, VB, EA, EB, dT, r):
    DA = compute_distance_matrix(EA)
    DB = compute_distance_matrix(EB)

    # 过滤出度高于阈值的节点
    high_degree_nodes_A = [i for i in range(len(VA)) if sum(EA[i]) > dT]

```

```

high_degree_nodes_B = [i for i in range(len(VB)) if sum(EB[i]) > dT]

D_A_high = DA[np.ix_(high_degree_nodes_A, high_degree_nodes_A)]
D_B_high = DB[np.ix_(high_degree_nodes_B, high_degree_nodes_B)]

l = max(np.max(D_A_high), np.max(D_B_high))
 $\pi$  = CDA(D_A_high, D_B_high, l)

f1 = f_score( $\pi$ , EA, EB)

for (uA, uB) in list( $\pi$ .items()):
     $\pi$ _temp =  $\pi$ .copy()
    del  $\pi$ _temp[uA]
    f2 = f_score( $\pi$ _temp, EA, EB)

    if f2 > f1:
         $\pi$  =  $\pi$ _temp
        f1 = f2

 $\pi$  = PGM(EA, EB,  $\pi$ , r)
return  $\pi$ 
# 示例网络数据
VA = [0, 1, 2, 3, 4]
VB = [0, 1, 2, 3, 4]
EA = [[0, 1, 0, 0, 0], [1, 0, 1, 0, 0], [0, 1, 0, 1, 0], [0, 0, 1, 0, 1],
[0, 0, 0, 1, 0]]
EB = [[0, 1, 0, 0, 0], [1, 0, 1, 0, 0], [0, 1, 0, 1, 0], [0, 0, 1, 0, 1],
[0, 0, 0, 1, 0]]
# 执行 PDA 算法
 $\pi$ 0 = PDA(VA, VB, EA, EB, dT=1, r=0.5)print("Optimal Matching ( $\pi$ 0):",
 $\pi$ 0)

```

解释

- **compute_distance_matrix:** 使用 Floyd-Warshall 算法计算距离矩阵。
- **CDA:** 占位函数，用于集体去匿名化算法，需要具体实现。
- **f_score:** 计算结构 F-score，包括链接精度和链接召回率。
- **DDA:** 直接去匿名化算法的实现，优化匹配结果。
- **PGM:** 占位函数，用于渗透图匹配算法，需要具体实现。
- **PDA:** 基于渗透的去匿名化算法的实现，适用于大规模网络，包含度阈值和渗透阈值的设置与优化。

上述代码中，一些函数（如 CDA 和 PGM）仅提供占位实现，具体细节需要根据论文中的算法进行填充。

