

Survival_expansion

Najpierw redukcja zbędnych połączeń, a potem zasymulowanie komórek dla grafu (119 wierzchołków). I kod do funkcji.

```
simulate_expansion_of_fraction <- function(graph, survivor_fraction=0.3, expanding_fraction=0.1){
  nlen <- length(V(graph))
  surv_nodes <- sample(1:nlen, ceiling(nlen*survivor_fraction))
  survivors <- rep(100000, nlen)
  survivors[surv_nodes] <- surv_nodes
  ori_nodes <- sample(surv_nodes, ceiling(length(surv_nodes)*expanding_fraction))
  oris <- rep(100000, nlen)
  oris[ori_nodes] <- ori_nodes
  oris <- as.factor(oris)
  wframe <- igraph::distances(graph, v = ori_nodes, weights = (2 - get.edge.attribute(graph, "weight")))
  expanded <- apply(wframe,2, function(x){
    order(x)[1]
  })
  final <- expanded
  non_exp <- surv_nodes[!surv_nodes %in% ori_nodes]
  final[non_exp] <- max(expanded) + (1:length(non_exp))
  list(survivors = survivors, origins = oris, expanded = expanded, final = final)
}

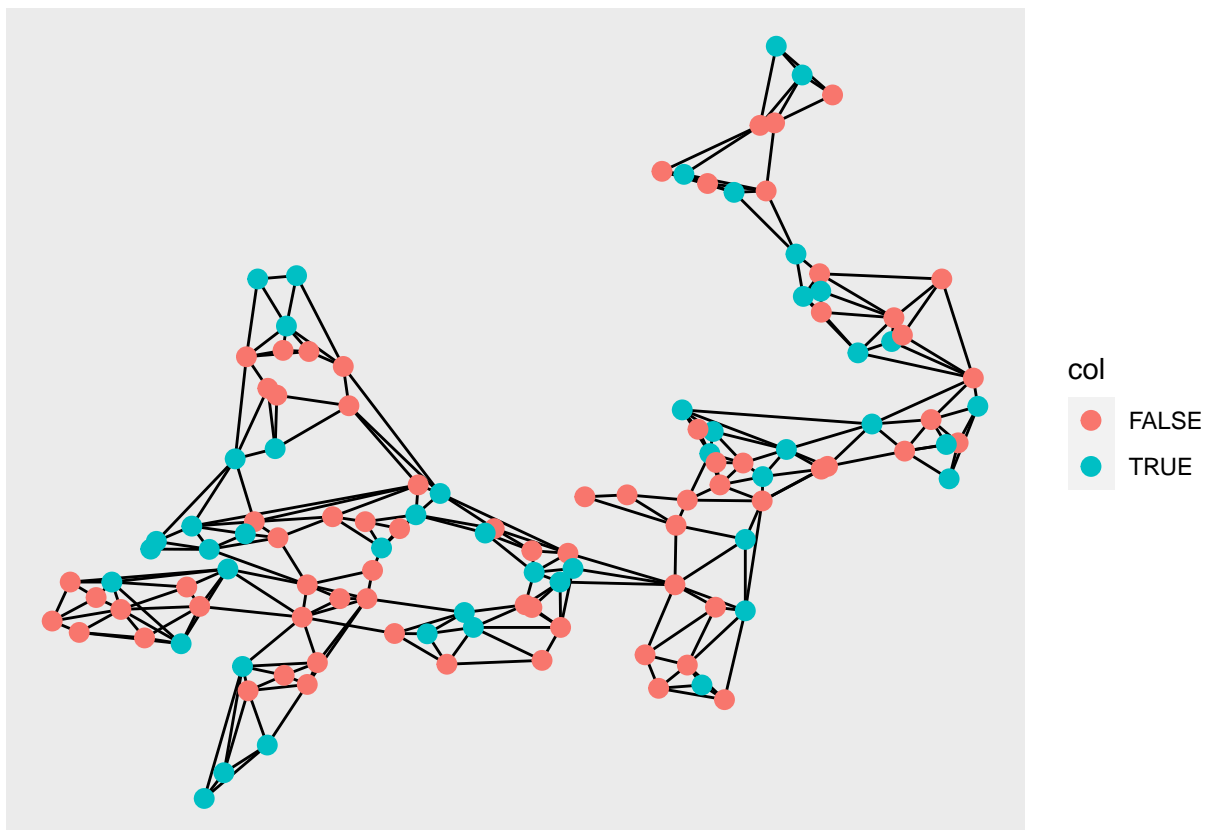
mygraph <- graphs[[24]]
redlist <- reduce_edges_splitting(mygraph)
```

```
## [1] "Fri Oct 23 21:05:18 2020"
## |
```

```
mygraph <- delete.edges(mygraph, which(redlist > 0))
expan <- simulate_expansion_of_fraction(mygraph, survivor_fraction = 0.4,expanding_fraction = 0.1)
```

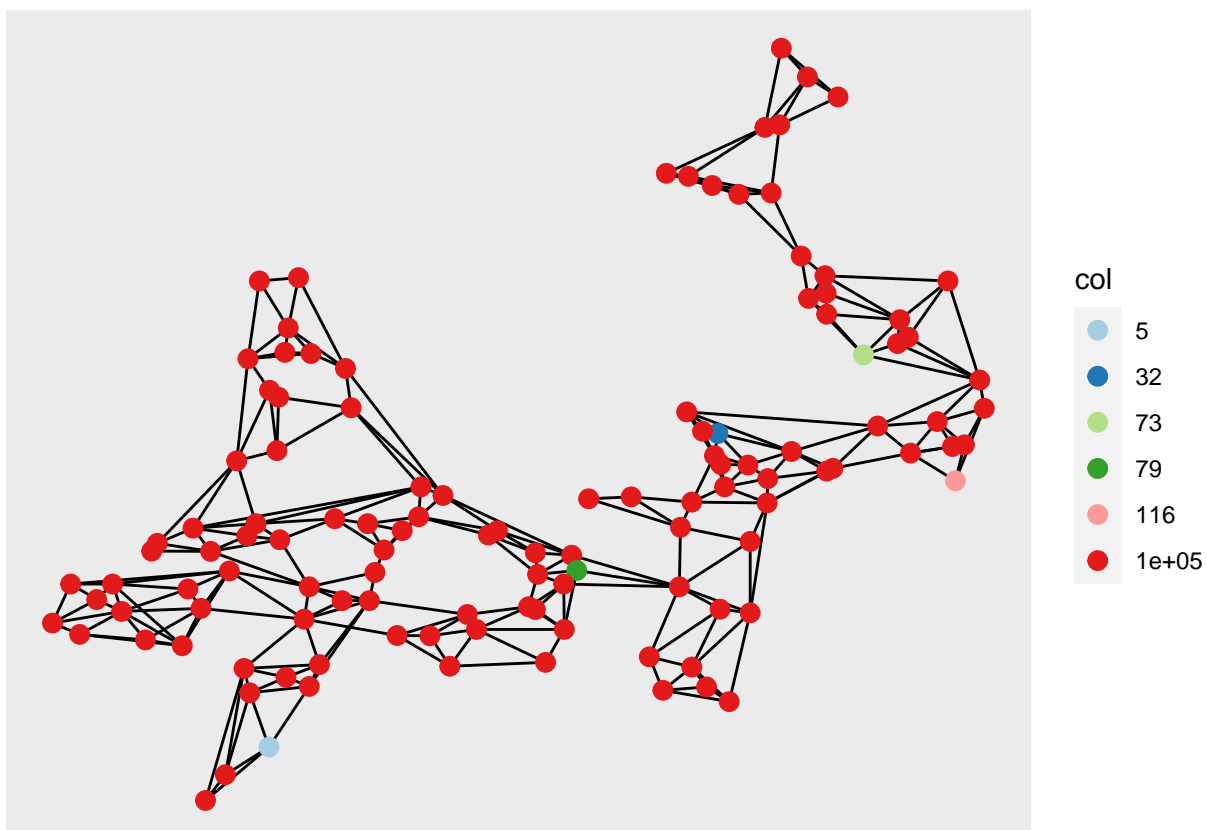
Podstawa do wykresu, pozycje komórek odpowiadaja pozycjom na zdjeciu i wykres które komórki przeżyły.

```
mplot <- ggraph(mygraph,layout = cbind(get.vertex.attribute(mygraph,"X"),get.vertex.attribute(mygraph,
  geom_edge_link()
mplot + geom_node_point(size = 3, aes(color = expan$survivors < 100000 )) + labs(color = "col")
```



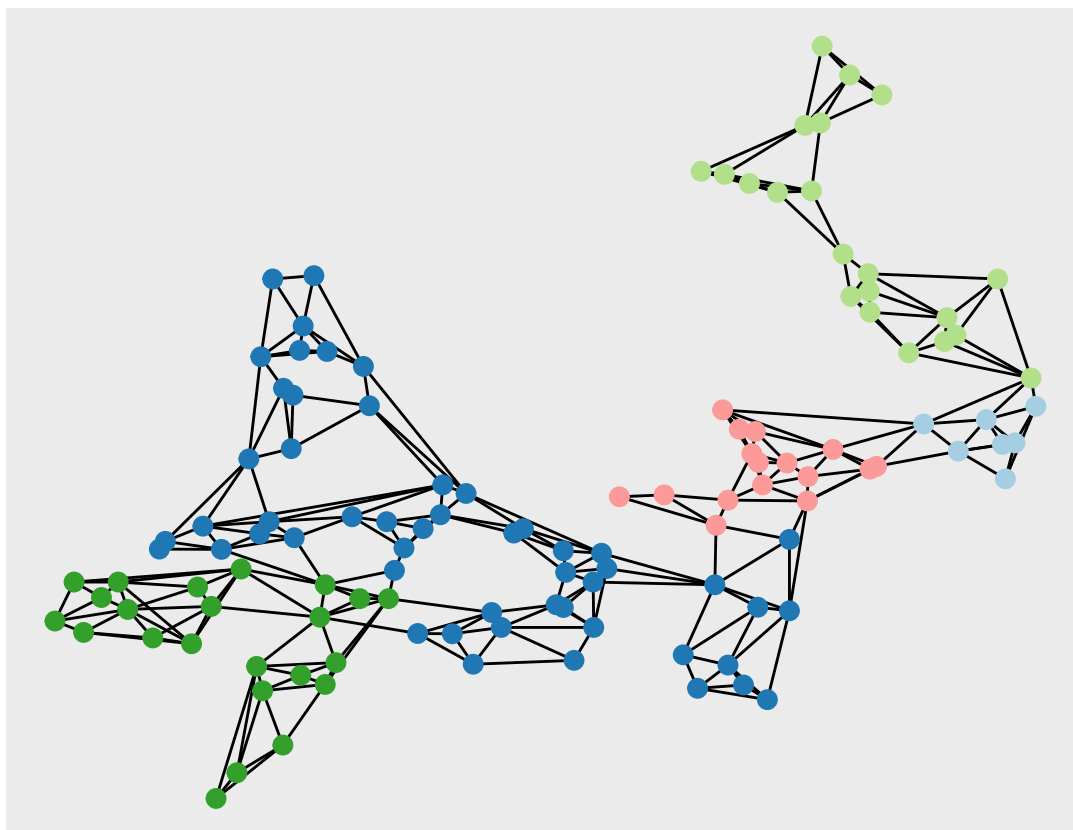
Następnie komórki które się dzieli:

```
mplot + geom_node_point(size = 3, aes(color = as.factor(expan$origins))) + labs(color = "col") + scale_color_manual(values = c("FALSE" = "#E41A1C", "TRUE" = "#377EB8"))
```



I to jak wypełniają graf:

```
mpplot + geom_node_point(size = 3, aes(color = as.factor(expan$expanded))) + labs(color = "col") + scale_color_manual(values = col)
```



I ostateczny wykres z zaznaczonym gdzie sa komórki nie dzielace sie. Komórki nie dzielace sie sa “nakładane od góry” na komórki dzielace sie po ekspansji. Dla kazdej z początkowych komórek ktore przeżyły wyznaczony jest odpowiedni numer(tutaj pominiete dla komórek nie dzielachych sie z powodu ograniczen kolorów) i można wylosowac dla kazdej

```
fin_cols <- expan$final
fin_cols[!fin_cols %in% unique(expan$expanded)] <- 100000
mplot + geom_node_point(size = 3, aes(color = as.factor(fin_cols))) + labs(color = "col") + scale_color_manual(values = c("1", "2", "3", "4", "5"))
```

