复杂网络大数据分析中的链路预测：局部路径指标的精度分析

农昂

# 摘要

在我们的生活中，很多的研究领域都可以抽象成复杂网络，对象是网络中的节点，而对象之间的关系则用边来进行表示。而链路预测，是对复杂网络进行研究的一个重要手段，具有巨大的科研与应用价值。具体来讲，链路预测就是在已知的网络节点以及网络结构等信息的基础上，对网络中尚未产生连边的两个节点之间未来产生连接的可能性进行预测，实际上是一种数据挖掘的过程。近年来，该方向的研究获得了很多的成果，一些优秀的链路预测算法也相继被提了出来。在本文中，我们主要对局部路径指标的链路预测算法的精度进行分析。通过对六个真实网络进行大量的数值模拟表明，与两个众所周知且广泛使用的指标:公共邻居指标和Katz指标相比，局部路径指标具有较高的准确率和效率。事实上，局部路径指标提供了与Katz指标一样具有竞争力的预测精度，同时比Katz索引需要更少的CPU时间和内存空间，因此局部路径指标是大型网络数据挖掘中潜在实际应用的有力候选。

**关键词：复杂网络 链路预测 局部路径**

# Abstract

In our life, many research fields can be abstracted into complex networks. Objects are nodes in the network, and the relations between objects are represented by edges. Link prediction is an important means of complex network research, which has great value in scientific research and application. To be specific, link prediction is to predict the possibility of future connection between two nodes that have not yet generated an edge in the network on the basis of known network nodes and network structure information, which is actually a process of data mining. In recent years, a lot of achievements have been made in this field, and some excellent link prediction algorithms have been proposed. In this paper, we mainly analyze the accuracy of link prediction algorithm based on local path index. A large number of numerical simulations on six real networks show that the local path index has higher accuracy and efficiency than the two well-known and widely used indexes: the public neighbor index and the Katz index. In fact, the local path index provides the same competitive prediction accuracy as the Katz index, while requiring less CPU time and memory space than the Katz index. Therefore, the local path index is a strong candidate for potential practical applications in large-scale network data mining.

**Key words: complex network link prediction local path**

目录

[摘要 1](#_Toc26670)

[Abstract 1](#_Toc3332)

[第一章 绪论 2](#_Toc5599)

[1.1研究背景及意义 2](#_Toc1323)

[1.2链路预测问题研究现状 3](#_Toc2524)

[1.3本文主要研究内容 7](#_Toc29562)

[第二章 相关理论介绍 7](#_Toc16703)

[2.1 图及其类型 7](#_Toc8966)

[2.2 网络的拓扑性质 9](#_Toc7069)

[2.2.1 度、平均度、网络密度与度分布 9](#_Toc6782)

[2.2.2 网络的连通性与路径 10](#_Toc23705)

[2.2.3 直径、平均路径长度与效率 10](#_Toc12291)

[2.2.4 聚类系数 11](#_Toc9928)

[2.2.5 社团结构 12](#_Toc29920)

[2.3链路预测理论概述 12](#_Toc8975)

[2.3.1 问题描述 12](#_Toc13)

[2.3.2本文主要算法介绍 13](#_Toc24485)

[2.3.3 性能评价指标 14](#_Toc5523)

[第三章 实验结果及分析 15](#_Toc3159)

[3.1实验设置及实验环境说明 15](#_Toc23120)

[3.2实验数据集 18](#_Toc9671)

[3.3结果与分析 19](#_Toc32433)

[第四章 结论与展望 19](#_Toc28597)

[致谢 20](#_Toc24662)

[参考文献 20](#_Toc24220)

# **绪论**

## 1.1研究背景及意义

联系，是一种特征，体现了不同个体之间的相互关联，在各种系统中广泛存在。复杂网络是各种真实系统的抽象表示。其中，网络中的节点代表了真实系统中的个体，连边代表了个体之间的相互作用或者关系。随着网络信息技术的飞速发展，在我们的日常生活中复杂网络已经成为非常普遍的存在，如社交网络、人脑神经网络、基因调控网络、通信网络、生物网络、合作网络以及万维网等。换句话说，小到能量粒子，大到宇宙中的天体行星，网络都在以其强大的表达能力在影响同时也在塑造着这个世界。能否确保各种复杂的网络系统安全可靠的运行，将直接影响到人类的生活和日常生产活动。因此，复杂网络的研究现在已经成为许多学科共同关注的研究问题。

链路预测作为复杂网络研究的重要分析手段之一，其再在推动网络科学和信息科学的发展方面有着非常大的作用。在一个真实的网络中通常存在着丰富多样的隐含信息。链路预测是指在已知的网络节点和网络结构等信息的基础上，去对网络中还没有存在连接的的两个节点未来产生新连接的可能性进行预测。预测的目标一般来说可以分为两种，一种是在网络中真实存在但还没有被发现的连接；另一种为网络中将来才可能出现的连接[1][2]。简单来说，链路预测探讨的是复杂网络中不同节点之间是否存在连接的问题。

毫无疑问，链路预测具有重大的实际应用价值，因此越来越多的研究学者将目光投向对它的研究。例如，在生物研究领域，蛋白质是一个及其重要的研究热点。将蛋白质的相互作用抽象成网络，一般情况下，需要大量的实验才能判断某条边是否存在。然而，目前人们所已经知道的蛋白质间的相互作用还不到0.5%[3][4][5]。通过大量的实验来寻找尚未被发现的链接需要消耗非常高的人力、物资和时间成本。所以如果我们能够通过已经知道的蛋白质网络结构，设计出一种足够合理并且准确度足够高的链路预测算法，通过根据算法的运行结果对实验进行指导，就可以实现在提高实验成功率以及降低实验花费的成本的同时，加快揭示该网络的本质的目的。另外，在社会网络中经常会出现信息结构缺失的情况，这时候就可以通过链路预测将整个网络的拓扑结构补全，然后再进行下一步的网络分析[6][7]。其次，链路预测还能运用在演化网络以及那些能够抽象为网络形式的系统中，对未来的链路的形成进行预测。这对于在线社交网络[8]和电商网络等商业应用的价值非常巨大。比如在社交网络中，可以通过网络的拓扑结构等信息来预测可能产生的链接，从而推荐现实中可能认识的人互加好友，从而提高用户对产品的忠诚度。此种方法也同样适用于电商网络。最后，链路预测在网络中对错误链接的发现[9][10]，对网络结构的优化，乃至于网络的重组都有非凡的意义，比如在构建蛋白质网络过程中处理一些关系不明朗或者是自相矛盾的数据[9]。

综上所述，作为一项基础的研究，链路预测为人类揭开网络科学本质的面纱奠定了理论的基石，并且极大地推动了我们探索自然科学的进程。同时，它还在生活、生产的各个领域中都得到了普遍的应用，带来可观的经济效益。因此，无论是在科学研究领域，还是工程领域，其研究价值都值得肯定。

## 1.2链路预测问题研究现状

从无标度网络以及小世界网络模型的提出算起，发展到现在，对于复杂网络的研究已经持续了近 20 年。这20 年以来，通过各路学者的不懈努力，让这个原本由物理学家开创的学科日渐壮硕。现在的复杂网络包含着数学、物理及计算机等多个学科的内容，是一门多个领域交叉的复合学科。毫无疑问，随着技术和信息的蓬勃发展，复杂网络已经成为了计算机领域数据挖掘的一个重要来源。而在数据挖的掘领域中，链路预测是研究的热点方向之一，因此它在计算机领域中的研究也在得到不断的突破，方法大致分类如图1.1。

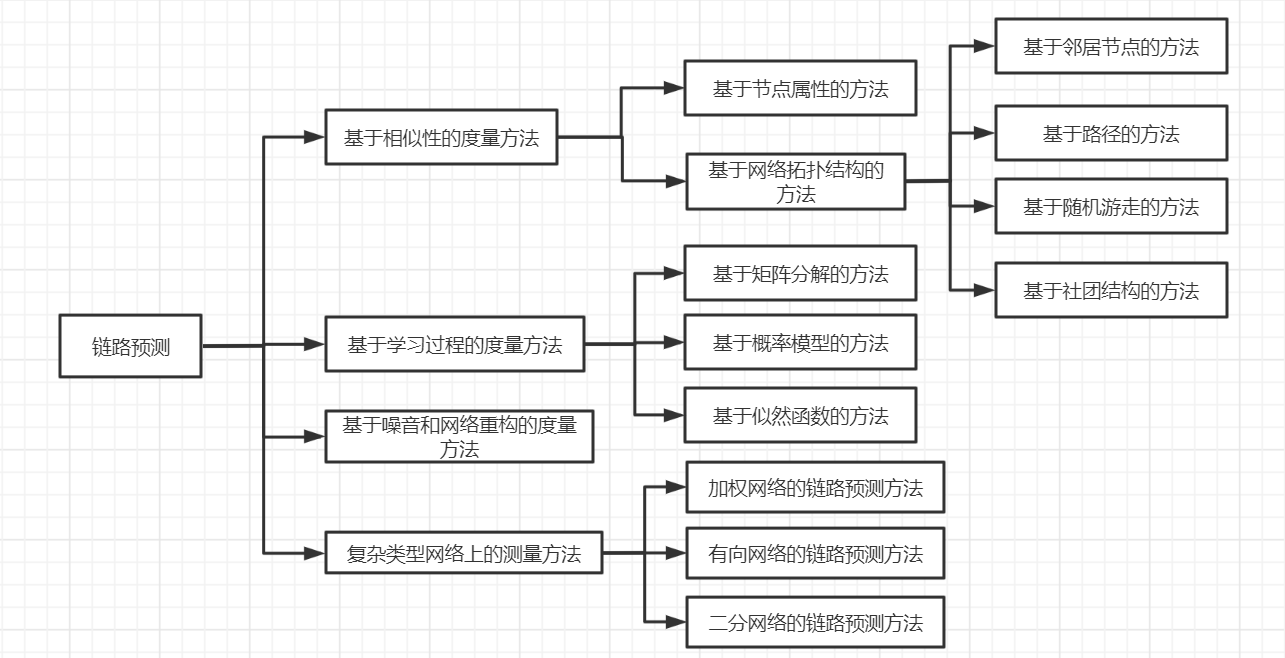


图1.1 链路预测方法分类图

最早期的链路预测研究是受到机器学习和马尔科夫链思路的启发而诞生的，主要是利用了节点的属性信息，具有较为良好的预测效果，但在大多数的情况下，由于受到保密性的约束，使我们想要获取到可靠的节点属性信息面临着巨大的困难。正是由于这样的原因，很多学者不得不去寻找一种更容易实现的方法进行链路预测，而通过不断的思考，基于网络结构的链路预测方法被提了出来。相比于网络节点信息的获取，网络结构信息更加容易得到，可靠性更好，同时这一类方法能够非常好的适用于那些具有相似结构的网络。一般来说，利用了包括节点或实体的属性以及网络的拓扑结构两种类型的信息的算法统一被称为是基于相似性的一类算法，它的基本假设是，如果两个节点具有较多的共同点，那么它们之间将更有可能形成链路。如果通过研究网络范围大小来进行划分，这些算法大致可以分为三类[11]，分别为：（1）基于网络局部结构的预测算法；（2）基于网络全局结构的预测算法；（3）基于准局部结构的预测算法。

首先，基于网络局部结构的预测算法是最直观且相对有效的，此类算法仅仅只是利用节点的邻居信息，计算复杂度较低，因此非常适合在大规模网络中应用。但是受到信息量的限制，它的预测精度往往不太理想，比如共同邻居指标[2][12]、偏好连接指标[2][13]、Adamic-Adar 指标[14]、Jaccard指标[2][15]、Salton[2][16]和资源分配[17]等相似性指标。相比之下，考虑了整个网络结构的全局结构相似性算法获得了更多的信息，因此使得预测精度有了较大的提升，但由于需要计算全局的节点，因此计算时间也大大增加了，时间复杂度较高。代表算法有基于一般等LHN-II指标[2][18]、全局路径指标 Katz[2][19]、有重启的随机游走指标[20]、平均通勤时间指标[2][21]、SimRank 指标[2][22]等。而基于准局部结构的预测算法，则是可以看作是以上两种算法的中和，它考虑了比局部指标更多的因素，但又不需要计算全局网络拓扑的信息量，成功实现了算法精度以及时间复杂度的兼顾，如局部随机游走指标[23]、局部路径相似性指标[17]、有叠加效应的局部游走指标[22]。

近期在基于相似性的算法研究方面，取得的研究成果有：贾等人针对引用网络提出一个新的指数：H指数[24]，并用该指数代替了度，采用加权的方式有效衡量了引文的重要性，同时增强了 Sorenson[2][25]、Salton[2][26]和 AA[14]三种经典的链路预测方法，并进行大量的数据实验，实验结果表明在引文网络中该方法取得了较为良好的表现。Cannistraci 等人[27]将共同邻居节点与经典相似性指标之间的联系进行了强化，设计出了Cannistraci 资源分配相似性预测算法CAR。周等人[28]基于知识是依靠网络的路径进行传播的这一前提做出假设，将复杂网络中知识的传播机制进行了定义。基于这个假设，吕等人[29]又将节点所具有的知识量等价为它的 H 指数，定义了网络中的任意一条真实连边的权重等于由起点传输的知识占终点从它的邻居节点所得到的全部知识的比重，然后再结合节点间的全部路径信息，提出了 KDLP全路径预测指标。三元闭包是网络中最小的局部结构，高等人[30]基于此结构，提出了加权的 CN、AA 以及 RA 指标，分别为 TWCN、TWAA、TWRA，对应还有 TWCN\*、TWAA\*、TWRA\*3个具有调节参数的相似性指标。这项工作是通过计算出每一个节点在网络中所占相邻的三元闭包的权重，并在计算节点相似性指标时将这个权重加入，提高了算法的预测精度，但时间复杂度却也大幅提升，上升到 O（N3）。刘等人[31]从资源交换的这一角度出发，提出了扩展资源分配指标 ERA，这个指标是通过在两个端点之间的非共同邻居和公共邻居交互的资源量来测量节点之间的相似性。孙等人[32]提出了局部亲和结构指标（简称 LAS），通过节点的度和其邻居的信息来表示这个节点对与它的共同邻居之间的亲密关系,并且通过大量的实验证明了这个算法的可行性。但这个方法也仅仅只是利用到了节点的信息，并没有将网络链路对于相似性的贡献考虑进来。武等人[33]则是直接根据网络节点的聚类系数设计了一个新的预测指标 CCLP，叫做基于聚类系数的链路预测指标，大量的实验证明，在共同邻居指标的基础上将节点的聚类系数也考虑进来的方法在预测缺失链接这一方面具有良好的有效性，但这个方法采用的依然是通用估计，没有将特定预测节点对的局部网络环境考虑进来。在这之后，武等人对这个算法进行一定的扩展，认为当公共邻居节点的聚类系数相同时，不同节点对的贡献并不一定相同，在此基础上提出了基于节点及边聚类信息的预测大型网络缺失链路的NLC算法[34]，在计算相似性指标时将节点聚类信息及边聚类信息考虑进来，这种方式更加有效的利用到了共同邻居在在链路预测中的价值，取得了较为不错的实验效果。

最大似然估计类算法是先制定出假定的规则和参数，然后再通过将其与已知的结构进行最大概率的结合来预测网络中那些缺失的链路。目前，这类算法主要存在两种，一种是基于网络层次结构信息的最大似然法（简称 HSM），是由 Clauset 等人[35]在 2008 年提出。该方法对两节点间的连接概率是通过二者最近的共同祖先的存在概率值进行判断的。先是用一组 M 个叶子节点，M−1个内部节点的族谱树来表示一个网络（如图1.2），再通过调整族谱树来获得这个网络的最大似然值及其对应的所有的内部节点的概率值，该连边的预测概率就是一组族谱树中两个节点所对应的共同祖先概率的均值。另一种是随机块模型方法（简称 SBM）由Guimerà[9]提出。如图1.3所示，在该模型中，集群的密切度是决定两节点连接的关键因素。另一种最大似然方法是闭路模型方法（简称 LM），是由吕等人[36]提出的。寻找出网络中的闭合回路，并将其看成是一种局部性，网络中的似然值通过闭合环路的多少来进行定义，某缺失边存在概率的预测值就是添加该边后网络的似然值。总的来说，基于最大化网络似然函数的这类链路预测算法的优点是可以将缺失的链接识别出来，同时还能够将网络更深层次的特征挖掘出来，但存在的问题是这类算法一般都具有较高的时间复杂度，因为它对网络顶点的个数非常敏感。还有一种是基于矩阵分解的预测算法[37][38]，这种方法主要是通过对网络数据中存在的潜在特征进行学习，然后再进行链接的预测。先是把网络中的每个节点投射到一个潜在的空间上，链路的存在概率就由节点在这个空间的位置来进行衡量。潜在空间的每一个特征都可以被认为是可能存在的属性，如果两个节点之间存在越多相似的潜在特征，那么就认为它们之间就更有可能是相似的[39]。从另一个视角出发，将复杂网络的相似性矩阵看成是两个低维特征矩阵的乘积，一个对应的是基矩阵，另一个则对应系数矩阵，将它们的元素都限制为非复数，那么我们也将可以利用非负矩阵分解的算法来进行求解。但是这类方法也同样存在特征数量比较难确定的问题。

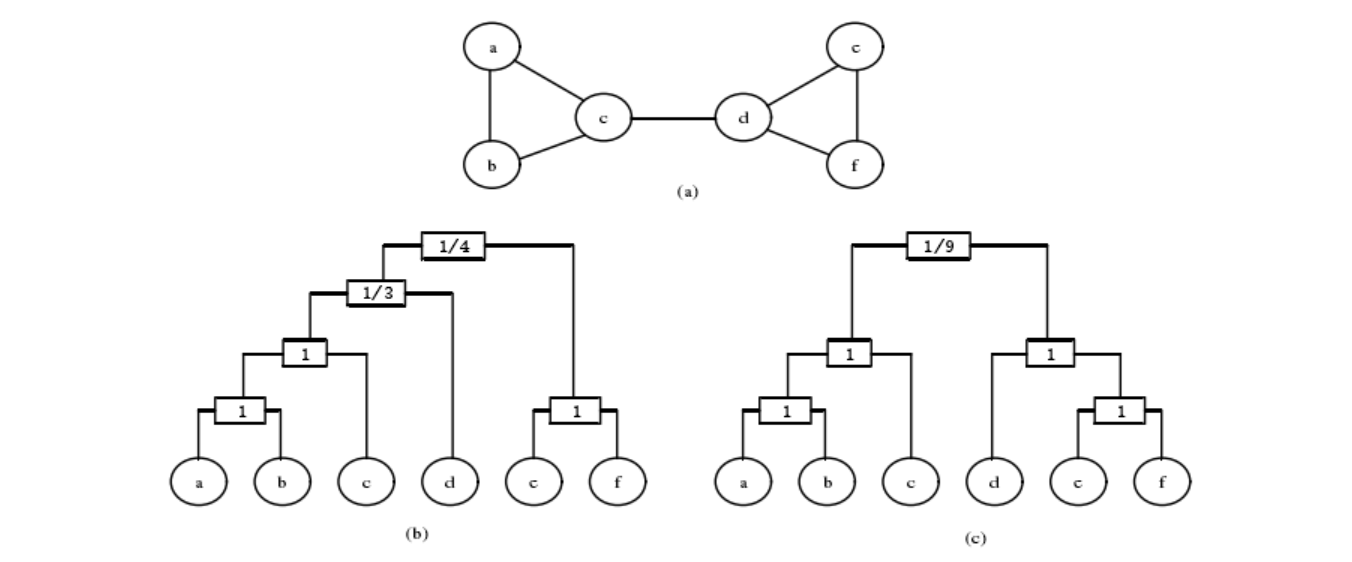


图 1.2 网络（a）与族谱树（b），（c）

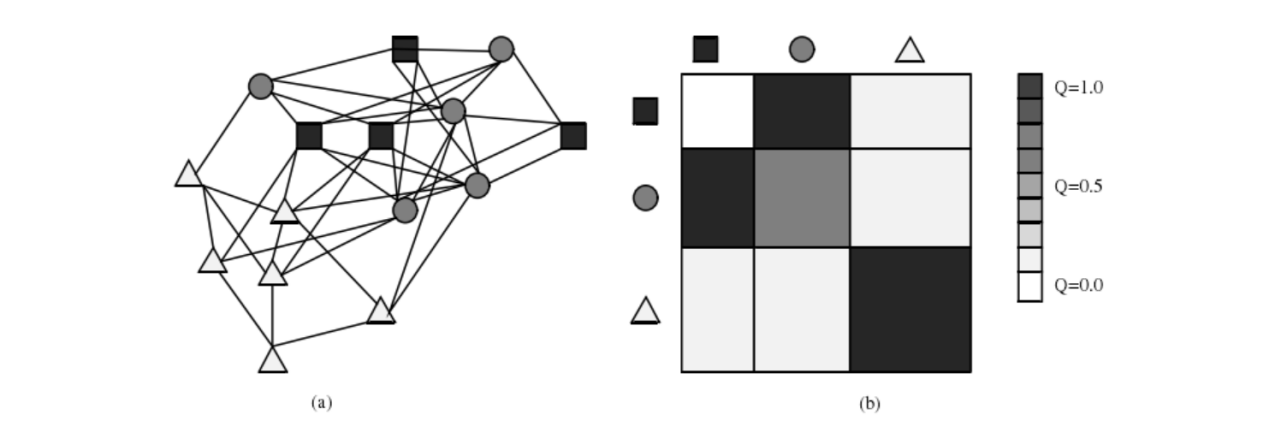


图 1.3 网络的划分（a）与随机块模型（b）

相关还有一些基于网络的噪音过滤及进行网络重构的链路预测方法。由于此类方法能对网络进行一定的噪音过滤处理，使预测指标具有较高准确率的同时还能具备较好的健壮性，因此即使在网络中含有噪音，也能取得较好的表现。如Zhang 等人[40]提出了加权的局部路径预测指标。Zeng等人[41]提出了一种混合共同邻居以及边中心性的预测模型，通过实验表明该预测模型在预测准确率上表现的较为良好，并且在进行网络重构后，网络的结构特性和原来的网络保持一致。吕等人[42]又在扰动网络邻接矩阵的方法基础上，提出了一种结构一致性预测指标（简称SCI）。类似的工作还有噪音环境下链路预测健壮性的评价方法[43]和基于噪音过滤的链路预测方法[44]等。

目前，链路预测算法方面的研究更多的是针对于中小型规模的网络，而对大规模网络的链路预测研究还是比较稀缺的。同时，学术界目前的主流研究方向依然是对离散邻接矩阵形式表示的网络来进行链路预测的研究。然而，随着科学技术的飞速发展，大规模信息的网络时代即将来临，这种网络表示方式也出现了越来越多的问题。一方面来说，离散邻接矩阵表示的网络能获取到的信息较少，只能够获取到顶点之间的相邻关系，在这种情况下，当需要构建当下复杂网络中更复杂的高阶网络结构关系的时候，比如路径、频繁的子结构等，则会因信息不足而略显薄弱，同时对于体现节点所携带的属性的外部信息方面也存在着较大的不足。另一方面，系统在面对大规模的网络时，需要具备更高的处理器性能和存储要求。基于以上原因，部分学者逐渐对网络表示的方式进行的深入研究，希望可以为链路预测的研究找到一种新的视角和方法。遗憾的是，该方向的研究进展并不是很顺利，到目前为止，大多数的网络表示算法都是和任务无关的实现，在面对针对网络分析任务的研究成果时仍惧挑战，而利用网络表示学习的技术实现链路预测问题的工作更是屈指可数。

## 1.3本文主要研究内容

链路预测的研究存在许多困难。一个是目标网络的稀疏性，这就导致了网络中的链路具有很小的先验概率，这是一个非常严重的问题，使得在建立统计模型时需要面对很大的困难。另外一个问题是真实系统的网络规模往往是巨大且复杂的，因此在对系统进行计算时就需要非常高效的算法。但是，作为在实际应用中的一个非常关键的因素，算法的计算时间以及算法所需要内存的复杂性都还没有得到系统性的研究。一般来说，一个算法的精度往往与它的计算复杂度是成正相关关系的，即越高的精度也通常意味着越高的计算复杂度。需要注意的是，如果消耗的时间或内存是不可接受的，那么任何高度精确的算法都将变得毫无意义。因此，设计一个准确又快速的算法是一个很大的挑战，尤其是对于稀疏和庞大的网络。

在本文中，主要是对局部路径（LP）指标链路预测算法进行分析研究。对模拟网络和真实网络的大量数值模拟实验表明，该相似性指标同时兼顾精度与效率，其预测精度远高于普通邻居（CN）指标，与Katz指标具有竞争力，并且高效，计算所需要的时间和空间远小于Katz指标。特别是，当网络很大时，局部路径指标与Katz指标相比将显示出很大的优势，因为计算后者要求CPU时间缩放为网络大小的立方，而计算前者要求线性CPU时间作为网络大小。最后，通过在不同的领域以及不同规模的网络数据集上进行实验，并将实验结果与CN、Kazt指标算法对比，来证明LP指标算法在链路预测的问题上具有较好的竞争力。

# 第二章 相关理论介绍

## 2.1 图及其类型

网络描述的是对象与对象之间的关系，本质上是一种集合。在进行网络的研究时，一般是将其抽象为图的结构。图的节点就是网络中的对象，图中的边则是各个对象之间的联系。可以说，图是进行复杂网络研究的一种重要工具，能帮助我们对网络的结构进行更好的理解。

通常，网络都可以抽象成图。图在数学上的定义为 G=(V,E)，其中V是由网络中一个一个的顶点组成的集合，E 则是网络中联系的边的集合。假设定义一个网络，在这个网络中存在的节点总数为Y，边的数量总共为X，而节点对组成的全集是P，那么存在有Y=|V|，X=|E|,P=N(N-1)/2。在后面的描述中，本篇文章对网络和图、节点和顶点以及链接和边三组的用词不做任何区分，每个组对应的两个词概念等价。

根据连边的有权、无权以及无向和有向，网络所对应的图还可以被分为无权有向图、无权无向图、有权无向图和有权有向图四类。四种不同类型图的示意如图2.1，它们之间的关系如图2.2。在这里，我们用权来表示节点与节点之间连接的强弱程度。计算机实际分析中，常用于表示图结构信息的方式主要有两种：邻接表和邻接矩阵，本篇文章主要重点介绍后者。对于给定的一个含有 M个节点的简单网络，它的邻接矩阵是一个M阶方阵，用数学表示为 A={bij}M\*M。在矩阵A中第i行第j列的元素bij的定义由网络类型而决定，不同的网络类型也会有所区别。

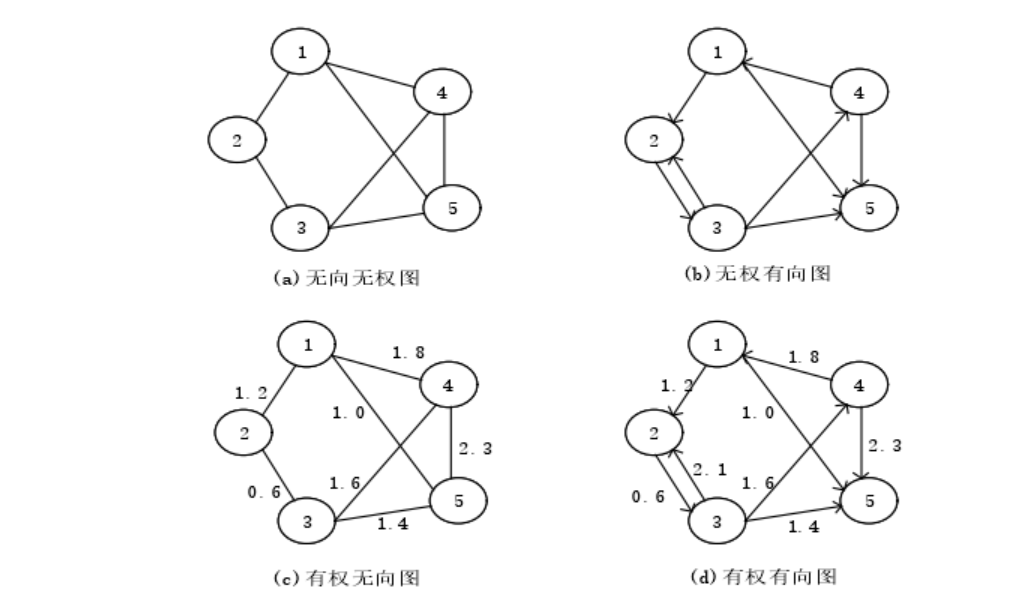


图2.1 四种类型的图的示意图

当一个图中的连边没有权重和方向的关系时，这样的图被称为无向无权图，如图 2.1（a），比如现实在线社交网络中用户间的好友关系。这一类网络的邻接矩阵A中 bij的定义为：

（2-1）

当一个图中的连边由方向但是没有权重，这样的图被称为有权无向图，如图2.1（b）。该种类型的图表示网络中的个体之间的联系只有方向的区分，没有强弱的区别。比较常见的有B站、微博中的用户关注关系。这个时候bij的定义为：

（2-2）

当一个图中的连边存在权重但是没有方向，这样的图被称为有权无向图，如图2.1（c），表示在该网络种节点之间的关系没有方向的区分，只有强弱的不同。科学家合作网络是这类网络的就是这样的网络，两个科研人员之间的连边没有方向的区分，而边的权重则是二者一起合作发表文章数量的体现。网络对应的bij定义为：

（2-3）

当一个图中的连边既存在权重又存在方向的关系时，这样的图被成为有权有向图，如图2.1（d）。在现实生活中，航空网络就是这类网络。每个机场构成图中的节点，而图中节点间的连边就代表了机场与机场之间的航向，航班的频率就是边的权重。邻接矩阵A中bij的定义如下:

（2-4）

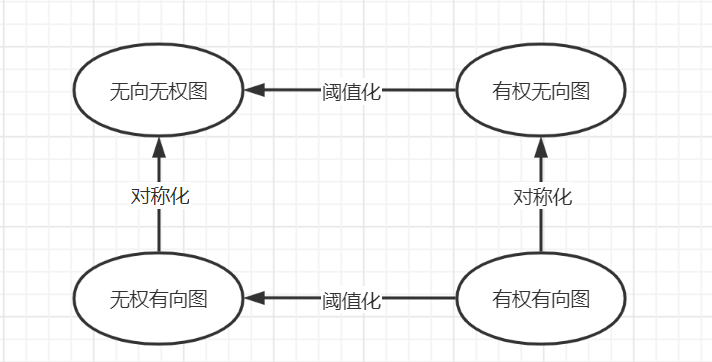


图2.2 四种类型网络图的关系

如果没有特别的说明，本文所提到的网络将都是无向无权的网络，并且不考虑网络中节点之间的重边或自环现象。

### 2.2 网络的拓扑性质

排除节点的形态、方位、尺寸、效用和彼此之间的连接方式等因素的影响，仅考虑网络中的链接情况和节点数目的这一类性质[45][46]，就是网络的拓扑性质。在本章节中，我们将对部分基本的拓扑性质进行简要介绍。

2.2.1 度、平均度、网络密度与度分布

对于网络节点来说，度是一个最重要也是最根本的属性。给定一个无权无向的网络G=(V,E)，vi的度表示的是包含了节点vi的所有边的数目，记为ki。在网络G中还有一个平均度<k>,它代表了网络中每个节点度的平均值。对于G的邻接矩阵A={aij}M\*M，<k>和ki的计算表达式分别为：

(2-5)

(2-6)

当一个网络的边存在方向性时，节点vi的度又被分为两种：入度以及出度。其中，入度表示的是开始于其他的节点，终点是该节点的边数，而出度的含义与入度相反。当一个网络存在N个节点，实际存在的链接数为M，那么这个网络的密度就是通过M与理论上该网络最大可能存在的链接数量的比值来进行衡量，记为

(2-7)

将网络中节点的度是k的节点数与总节点数相除，就可以得到度分布p(k)，如公式(2-8)。在我们的现实生活中，存在着各种各样网络的度分布，比较有代表性的有高斯分布、幂律分布以及指数分布等。这其中，具有幂律分布的网络实例是最为普遍的，比如电影合作网络、万维网、电网等。这类网络都有一个非常显著的特征：网络中节点的度普遍都比较小，度比较大的节点只占网络的很小一部分。

值得一提的是，网络中节点度的分布均匀程度可以通过度异质性指标进行衡量，度异质性指标通常记为H，它的定义公式为（2-9）。

(2-8)

(2-9)

除了度分布以外，联合度分布也是网络的统计特性之一，它的定义是从网络中随机选择的端节点中分别有 k 与 k'个邻居的一条边的概率，即

(2-10)

2.2.2 网络的连通性与路径

存在一个网络G=(V,E),如果网络中不存在孤立的节点，换句话说，网络中的每个节点都至少与其他一个节点产生路径连接，那么我们可以说这个网络G是联通的，否则，该网络不连通。其中，网络G中的一条路径p就是指一个节点序列 p={v0,v1,v2,…vl}，并且满足（vi,vi+1）∈E（0≤i<l），在这里v0和vl是路径 p 的两个端点。将v0到vl所经过的节点数相加并加一就是路径p的长度。一般的，我们使用邻接矩阵来表示网络中两个不同节点之间给定长度的路径数目。对于给定的节点对（vi,vj）,如果它们存在连边，那么bij=1，表示两个节点之间存在一条路径，长度为1。由于对于节点对（vi,vj）之间长度为 2 的任意路径 p={vi,vk,vj},有 bikbkj=1，因此节点对（vi,vj）之间长度等于 2 的不同路径总数可以表示为：

(2-11)

根据以上的推论，我们可以知道节点对（vi,vj）之间存在长度等于 l 的不同路径的数量为：

(2-12)

2.2.3 直径、平均路径长度与效率

在一个复杂网络中，把两个节点之间连接起来的路径通常不会只有一条。其中，把所有路径中经过最少的节点就能把两个节点(vi和vj)联系起来的路径，称作为最短路径，而它所对应的路径长度就被称为两个节点之间的距离，记作dij。任意两个节点之间距离最大的路径长度就是网络的直径D，即

(2-13)

当这个网络是不完全连通时，则将网络中所有节点对存在的连接找出来，并将其中存在链接最大值来表示这个网络的直径。 网络的平均路径长度<d>[47]是网络中一个非常重要的全局属性，它是将所有节点之间的最短路径取平均值所得，即

(2-14)

由上面的式子可以知道，当两个节点之间出现不可达的情况时，那么整个网络中的平均路径长度将会变成无穷大。为了避免这个问题，所以以网络效率 e[47]来表示网络节点之间信息发送的平均效率，它的定义如公式（2-15）。显而易见，网络的效率正相关于节点之间的距离，即d越大，e越小。

(2-15)

2.2.4 聚类系数

复杂网络中节点的紧密程度我们使用聚类系数来进行衡量。对于度为ki的节点vi，它的聚类系数Ci[46,47]定义为：

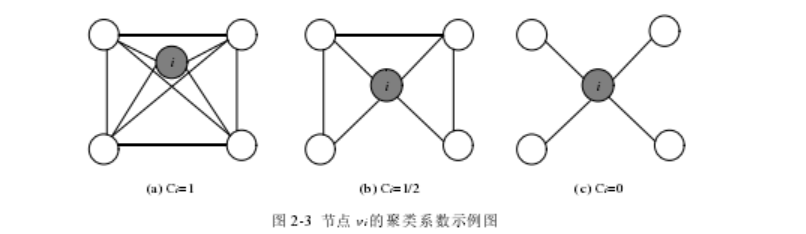
(2-16)

这其中，Ei表示的是节点vi的邻居节点之间实际存在的所有连边数，而(ki（ki-1）)/2 则是 ki个邻居节点间能够产生链接数量的理论最大值。 对于以上的定义，Watts[50]等人从另几何图形的角度给出了一个新的解读，认为节点 vi的聚类系数 Ci也可等价表示为：

（2-17）

显然当Ci∈[0,1]，Ci的值越高，表明节点 vi的邻居节点之间的链接越稠密。不同的网络结构会使节点vi具有不同的聚类系数，如图2.3所示。

(a)Ci=1



(c)Ci=0

(b)Ci=1/2

图2.3 节点vi的聚类系数示例图

先将网络中所有节点的聚类系数相加起来，然后取它的平均值，我们就可以得到这个网络的平均聚类系数[46][47]，它体现了整个网络的聚集程度，用<C>表示，则

(2-18)

2.2.5 社团结构

在网络中常常会出现由一些节点聚集起来而形成的结构，这就是社团结构，如图 2.4 所示。这种结构是属于复杂网络中感官成眠的拓扑结构，是一种常见并且是非常重要的结构特征之一，在分析和理解现实系统的工作上为研究者么们提供了独特的视角。许多真实的场景比如社交网络等都会存在社团结构，但社团结构这个概念在理论上至今还没有规范的定义，只是拥有了一个共识，那就是该结构明显的网络，相对于跨社团的连边，社团内部的连边会更加紧密。

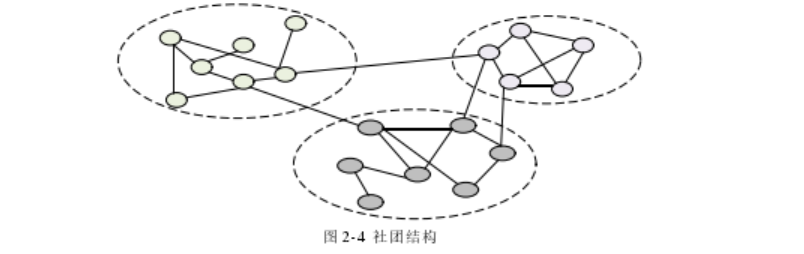


图2.4 社团结构

## 2.3链路预测理论概述

### 2.3.1 问题描述

在复杂网络中，存在一个有趣且非常重要的问题，那就是链路预测。简单描述如下，定义一个无权无向图G(V,E),其中E表示边的集合，V表示节点的集合。在该网络中共有N个节点，共有M条边。设网络中边的全集为U，边的数目为N\*（N-1）/2.我们再使用一个集合B来表示网络中不存在的边，B=U-E。我们知道集合B中是包含了网络中尚未存在的边和丢失的边，链路预测的目的就是寻找出这些边。一般来说，丢失的边和尚未出现的边是不同的意义上的边，但链路预测是没有办法做到这种类别的判断的。通过特定的链路预测算法，为每一对没有产生连边的节点（x，y）都设定一个分数值。这个分数值则代表了一种连边可能性，分数值越高，两节点之间产生连接的可能性越高。相反，该数值越小代表它们存在连接的可能性越小。

进行链路预测时，我们通常将整个网络的原始集合E分成两个部分：测试集test和训练集train。通过训练集train中的信息来计算出相似性分值。显而易见，train和test的并集就是E，而train和test的交集是空集。在这里，可以将属于集合U而不属于集合E的边叫做不存在的边，属于集合U而不属于训练集train的边叫做未知的边。如图2.5所示，是一个比较简单的网络实例。预测算法将根据训练集train来计算不存在连接的两个节点间的相似性，并根据这个相似性进行降序排序，得到预测边的集合。再通过测试集test来评估这个算法的预测精度。

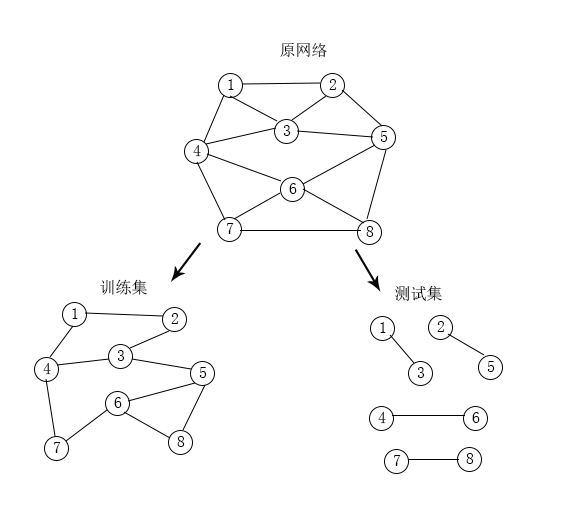


图2.5 训练集和测试集的划分示意图

### 2.3.2本文主要算法介绍

在本文中，我们比较了三种相似性指标的预测精度和计算复杂度:CN指标、局部路径(LP)指标以及Katz指标。它们的定义和相互关系介绍如下:

1. 公共邻居（CN）指标：

一般意义上，两个节点x和y如果有很多共同的邻居，将来更容易形成链路。对于一个节点x，让Γ（x）表示x的邻居集合。CN指标的定义如下：

(2-19)

可以知道Sxy=A2xy，其中A是邻接矩阵，其中如果节点x和节点y是相连的，那么Axy =1，否则Axy=0。A2xy表示了连接节点x和节点y，并且路径的长度为2的不同路径数目。纽曼[48]在协作网络的研究中使用了这个量，显示了共同邻居的数量和两位科学家未来合作的概率之间的相关性。一些更复杂的指标，比如Salton指标、Sørensen指标、 Jaccard指标以及Adamic-Adar指标，也可以归类为基于CN指标的指标。然而大量的实证分析表明,CN指数比那些复杂的变体表现得更好。因此，在本文种选择CN作为所有基于CN的度量的代表。虽然CN耗时少，在众多局部指标中表现相对较好，但是由于信息不足，它的精度赶不上基于全局信息的测度。

1. Katz指数

这种度量是基于所有路径的集合，它直接对路径的集合求和，并按路径长度指数衰减,较短的路径具有较高的权重。数学表达式如下：

(2-20)

其中pathsxy<l>是长度为l的所有连接x和y的路径的集合，βl是控制不同的路径权重的一个自由参数。很容易看出，βl非常小的路径产生了接近于CN的度量，而当路径很长时，βl会变得越来越小，路径产生的贡献也会变小。S矩阵也可以写成（I-βA）-1-I。注意β必须低于矩阵A的特征值最大值的倒数，因为这样才能保证方程的收敛性。

1. 局部路径（LP）指标

在CN（共同邻居）指标的基础上考虑三阶邻居的贡献。它的定义为：

(2-21)

其中，S表示相似矩阵，是一个自由参数。显然，当=0时，这个指标将退化为CN指标。A3xy表示令节点x和节点y相连且长度为3的不同路径的数量。虽然它比CN需要更多的信息，但它仍然是一种比全局复杂度相对较低的局部度量。

选择这三个指标进行比较，是因为它们都可以归类为路径依赖的相似性，都可以统一形式为。其中对于CN，l=2；而对于LP,l=2,3;对于Katz，l=1,2,3，...，∞。因为本文只对间接连接的节点对感兴趣，所以Katz指数可以被视为考虑l=2，3，...，∞。

### 2.3.3 性能评价指标

本文中使用AUC指标来衡量链路预测算法准确性。AUC可以理解为从测试集中随机选取一条边，记这条边的分数值（这个链接可能出现的概率）为a，然后再随机选取一条不存在的边，记这条边的分数值为b，那么AUC就是a>b的概率。具体的计算规则是这样的：每一次都随机的从测试集以及不存在的边中各选择一体哦啊边，然后将这两条边的分数值进行比较。如果从测试集中选择的边的分数之比较大，那么加1分，如果两个分数值相同，加0.5分。就这样独立的进行n次比较，如果有n′次测试集中的边的分数值大于不存在的边的分数，有n′′次两个分数的值相等，那么AUC就定义为：

(2-22)

显然，如果n足够大，并且所有的分数都是随机产生的，那么n'趋向于0，n''趋向于n，则AUC=0.5。因此AUC值大于0.5的程度衡量了算法的预测性能，超出越多，也意味着算法的精确度也越好。

# 第三章 实验结果及分析

## 3.1实验设置及实验环境说明

在网络上查找到的复杂网络数据一般具有节点数量多，节点之间连接复杂的特点，为了更好的理解CN、LP、Kazt指标之间的关系，对它们的精确的关系有个简单的了解，我利用python的networkx进行了网络构建，并通过另一个工具包matplotlib将构建的网络进行了可视化。

networkx是python中的一个工具包，在复杂网络的分析上有着非常优秀的支持。利用networkx可以将网络以标准化或者非标准化的数据格式进行存储，并且可以生成多种经典网络和随机网络。此外，它还具备建立网络模型、对网络结构进行分析、进行网络绘制以及设计新的网络算法等功能。随着研究的进展，我们发现在真实的世界中存在的网络，既不是完全规则的网络，也不是完全随机的网络，而是同时具备了无标度和小世界特性的复杂网络，拥有着与随机网络和规则网络完全不同的统计特性。因此我利用代码构建出无标度网络模型[49]和小世界网络模型[50]，小世界网络中的随机重置链接概率固定设置为0.1，并在两个模型中生成两个节点数量固定为500的网络，通过改变两个网络中每个节点邻居的个数来对CN、LP以及Katz指标进行对比研究。以下是构建网络的部分代码：

import networkx as nx

import matplotlib.pyplot as plt

import random

G=nx.random\_graphs.barabasi\_albert\_graph(N,K)

with open() as f:

    for e in G.edges():

        f.write(str(e[0]) + " " + str(e[1]) + "\n")

nx.draw(G)

plt.draw()

plt.show()

将构建出来的网络保存为文本形式，然后再通过三种指标的算法进行计算，得出各自的AUC值，图3.1，是两个网络模型各个阶段的部分网络拓扑图，其中n是节点个数，k是网络中每个节点的邻居个数：

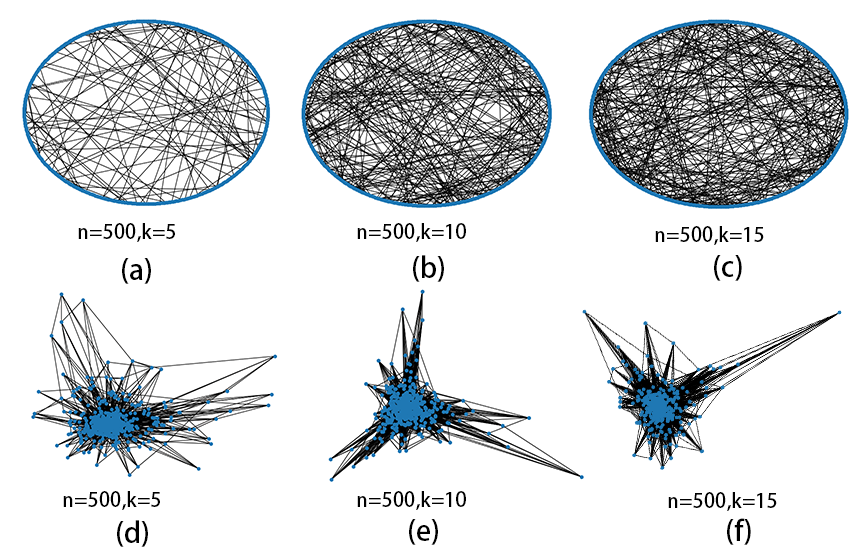


图3.1 网络不同阶段拓

其中(a)、(b)、(c)是小世界网络，(d)、（e）、（f）是无标度网络。将每个网络中节点的邻居个数从5个依次增加到40个，并将网络的数据保存下来，通过三种指标的算法算出各自的AUC。

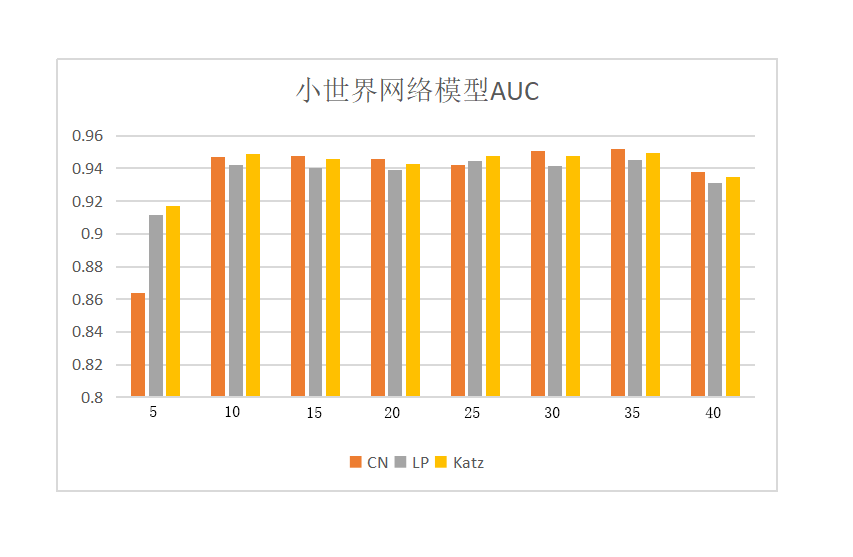


表3.1小世界网络模型AUC

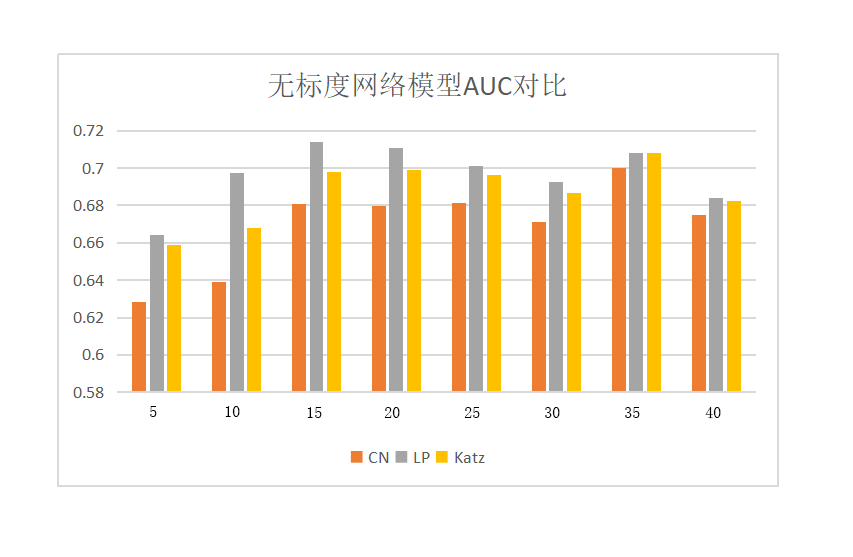
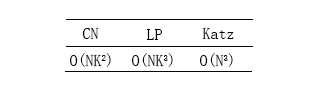


表3.2无标度网络模型AUC

在小世界网络中，节点的度比较均匀，网络中的平均路径也比较短，网络结构也较为简单。可以看出，三种预测指标都取得了较好的预测效果，几乎都能达到0.9以上，如表3.1所示。而在无标度网络里，虽然三种指标的预测精度都有所下降，但可以明显的看到LP指标的表现则最为突出，如图表3.2所示。无标度的网络中节点的度呈幂律分布，也就是说网络中有一小部分节点拥有着很多的连接，而大部分节点却很少。也就意味着有一小部分的节点是很多节点的共同邻居，而实际这些节点并不存在连接关系。CN指标用于只考虑了二阶的共同邻居，所获得的信息有限，因此在这种模型的网络中预测效果不是很好，而LP指标通过引入了下一阶邻居的作用，极大的提高了算法的预测精度。

接下来，我们讨论三个相似性指数的计算时间复杂性。在分析某种算法的复杂度时，一般我们使用大O表示法来描述算法复杂的上升趋势。假设在一个网络中，有N个节点，节点平均度是<k>。遍历网络中所有节点所需要的时间复杂度为O(N),而计算一个节点的邻居的时间复杂度为O(k)。CN指标只需要考虑到二阶邻居，因此时间复杂度为O(NK2)；LP指标是在CN指标的基础上将三阶邻居对链路预测的作用也考虑了进来，因此总的时间复杂度为O(NK3)；而Katz指标考虑的则是网络中所有的路径，一般来说，网络中的节点个数要远远大于网络中节点的度，因此此时总的时间复杂度就会变成了O(N3)。综上，我们可以知道在算法预测准确性上，LP指标相比于CN指标有较为明显的优势，与Kazt指标也同样显现出很强的竞争力，并且在时间复杂度上比Katz指标要低得多。

表3.3 各算法时间复杂度

## 3.2实验数据集

在上一个小节中，我们通过自己构建两种网络模型，对三种指标的精度进行了分析，也得到了一些初步的结论。但现实中存在的复杂网络一般非常庞大，具有节点数量多，连边复杂等特点。为了能使我们得到的结论更加具有支撑性，在对周涛等人[58]所完成工作进行参考的基础上，我们选取了来自不同领域的六个代表性网络进行更深一步的实验，六个真实的网络数据集基本都可以从http://snap.stanford.edu/data/、 http://www-personal.umich.edu/~mejn/netdata/两个网站中下载得到:

1. Yeast[51]:描述蛋白质与蛋白质之间相互作用的网络，蛋白质被抽象成节点，相互作用被抽象成边。含有2363个蛋白质和19021条边。
2. Karate[52]:美国大学空手道俱乐部成员关系网络，网络中的节点和边分别表示这个组织的成员以及他们之间存在的友谊关系。
3. Grid：三级电网网络。美国西部53个州的电力网，节点代表的是变电站、变压器以及发电机，网络中的连接代表的是它们之间的存在高压输电线路。这个网络包含了4941个节点，运行良好。
4. Metabolic[53]：描述的是线虫的新陈代谢网络，代谢物是网络中的节点。如果某一种代谢物可以在通过生物化学等反应生成另外一种代谢物，那么二者间存在连边。
5. INT:互联网的路由器级拓扑，由Rocketfuel Project收集。INT有4975个节点，连接良好，而且它是一个极度稀疏的网络，平均度只有2.49。
6. Football[54]:美式足球比赛的网络，每支球队对应于网络中的节点，两支球队之间比过赛则产生连边。表3.2总结了这些网络的巨型组件的基本拓扑特征。

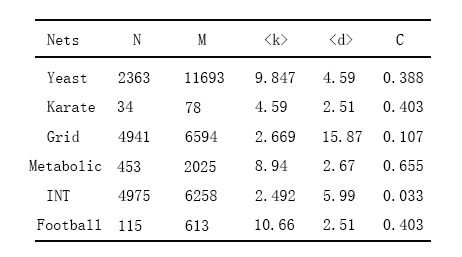


表3.2 六个网络基本拓扑特征

## 3.3结果与分析

我们将链路预测算法应用于六个真实网络，其精度如表3.3所示。显然，LP指标的表现总是优于CN指标，尤其是对于INT网络，AUC从0.663大幅提高到0.966。除了电力网格网络（Grid），LP指数给出的预测和Katz指数一样具有竞争力。

表3.3 三种相似性指标在六个网络中的AUC值

电力网格网络（Grid）是一个强局部化的网络，大多数链路的地理长度较短，因此，网格的拓扑距离<d>=15.87比其他五个示例网络大得多。虽然电力网格网络在地理上是局部化的，但是聚类系数相对较小，并且缺少短循环，因为从工程角度来看，这种循环是冗余的并且效率很低。实际上，在电力网格网络（Grid）中，当链接被移除时，通常很难找到非常短的路径，例如连接两个端点的长度为2或3的路径。因此，如果链路被移除，仅考虑非常短的路径，CN和LP指数不能细化两个直接连接的节点之间的相关性。因此预测精度相比于Katz指标来说较为不理想。

结合前面小节中分析到的三种指标的时间复杂度，显然，CN指标的计算时间成本是最低的。但需要注意的是，计算LP指标的计算复杂度对节点的平均度非常敏感，而计算Katz指标的计算复杂度对网络大小非常敏感。因此，与采用Kazt指标的算法相比，采用LP的算法在大规模稀疏网络中具有很大的优势。由于对计算复杂性的真正挑战总是与大规模的真实网络有关，这些网络大多非常稀疏，所以LP指标比Kazt指标更加实用。

# 第四章 结论与展望

在本文中，我们通过将LP指标与常见的CN指标，Kazt指标进行比较分析，发现LP指标比CN指标提供的预测略准确，尤其是在高噪声情况下。我们进一步使用六个有代表性的真实网络来测试三个相似性指数，证明了LP指标可以提供与Katz指标相当的预测精度。并且与Katz指标相比，LP指标需要更少的CPU时间和内存空间，因此更实用。忽略节点度相关性，计算LP指标和Katz指标的时间复杂度分别为O(NK3)和O(N3)。因此，对于巨大的并且稀疏（即非常小的平均度k）的网络，LP指标的优势是惊人的。

高度准确的预测在实践中非常重要。比如许多生物网络，如蛋白质-蛋白质的相互作用网络、代谢网络以及食物网，在实验室或野外发现链接的成本很高。如果预测足够准确，而不是盲目地检查所有可能的相互作用，以预先预测已知的相互作用，并专注于最有可能存在的联系，可以大幅降低实验成本。对于其他一些，如网络社会中的友谊网络，很有可能向相关用户推荐尚未存在的链接，作为有希望的友谊的推荐。这些推荐可以帮助用户找到新朋友，从而提高他们对网站的忠诚度。除了实际意义之外，值得强调的是，链路预测的研究还可以提供一些关于结构组织的理论见解。例如，在本文中，关于电力网格网络的意外结果给出了一些不明显的特定结构特性的证据。

本文仅仅只考虑静态网络中的链路预测问题。但是很多真实的网络都是一直在进化的，不同时间创建的链接原则上应该赋予不同的权重。许多时序链路预测的方法也相继出现，第一类是基张量分解和矩阵的方法，Dunlavy [55]等人提出了两种分别基于张量和基于矩阵的二部图的时序链路预测方法。他们通过将Kazt方法进行扩展，获取到二部图，并利用截断的SVD来设计一个可伸缩的方法来计算“截断了的”Kazt得分。他们还对数据的张量分解进行分析，证明了时间链接数据的自然三维结构的有用性。第二类是基于时间序列模型的方法，Chen[56]等人同时考虑了网络动态演化和链接之间的时间相关性，提出了一种时间序列模型和静态图表示下的混合算法，并通过实验证明，相比于六种常用的静态图链路预测算法，该算法具有更好的性能。第三类是基于机器学习的方法，在文章[57]中提出了一种没有监督的预测方法。他们把时间事件定义为从前一帧到后一帧的两个节点间的特定活动。这个方法把主要事件相关的奖励与和次要事件相关的奖励进行了关联。真实的网络都是动态演变的，如果想要更好的掌握网络的演化机制，未来关于动态网络中的链路预测将是一个非常值得重视的方向。

# 致谢

时光匆匆而过，转眼之间大学四年已经临近结束了。回望当初初步入大学之时，是我第一次离开从小生长到大的小县城。一个人提着行李箱，跨越一千二百六十多公里的距离，独自面对这个完全陌生的环境，心中充满着紧张与期待。四年的时间说长不长，说短也不短，但毫无疑问，这四年是我人生中一个非常重要的部分，在这期间发生的点点滴滴都对我产生了很大的影响，它让我成长，让我活得智慧，变得更加的坚强。

首先感谢我的指导老师-张睿挺老师，在最开始进行论文课题内容研究时，面对其中难懂的理论公式时，我一时不知从何下手，是张老师给予我帮助才使我的工作逐渐取得进展，并且在后面撰写论文的过程中，张老师也给我提出了很多宝贵的建议，还帮我查找最新的相关资料，与我一同研究、分析。正因如此，我的研究课题才如此顺利的完成。在这里真诚的对张老师说一声：谢谢！

此外，我还想感谢我亲爱的母校以及我的室友们，感谢学校给我提供了这么好的平台，让我在这四年里拥有了幸福而又充实的时光。也非常感谢室友们在这四年里对我的照顾和帮助。让我在离家千里之外的城市里能感受到另一个“家”的温暖。

最后，我还要感谢我亲爱的家人们，谢谢你们一直以来都无条件的支持我，包容我。感谢父母，含辛茹苦的抚养和不辞辛苦的培养，你们的照顾和爱是我不断前进的动力。

再一次向各位表示衷心的感谢，也非常感谢各位专家和教授能在百忙之中抽空来审阅我的论文，非常感谢!

# 参考文献

1. Lü L Y, Zhou T. Link prediction in complex networks: A survey [J]. Physica A Statistical Mechanics & Its Applications, 2010, 390(6):1150-1170.
2. 张斌, 马费成.科学知识网络中的链路预测研究述评[J]. 中国图书馆学报, 2015, 41(3): 99-113
3. Lei C, Ruan J. A novel link prediction algorithm for reconstructing protein–protein interaction networks by topological similarity [J]. Bioinformatics, 2012, 29(3): 355-364.
4. Boucher B, Jenna S. Genetic interaction networks: better understand to better predict [J]. Frontiers in genetics, 2013, 4: 290.
5. Röttger R, Rückert U, Taubert J, et al. How little do we actually know? On the size of gene regulatory networks [J]. IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics, 2012, 9(5): 1293-1300
6. Pan L, Zhou T, Lü L Y, et al. Predicting missing links and identifying spurious links via likelihood analysis [J]. Scientific reports, 2016, 6: 22955
7. Al-Halah Z, Tapaswi M, Stiefelhagen R. Recovering the missing link: Predicting class-attribute associations for unsupervised zero-shot learning[C].Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. 2016: 5975-5984.
8. Kleinberg J. Analysis of large-scale social and information networks [J].Philosophical transactions.Series A, Mathematical,physical,and engineering sciences.2013, 371(1987):20120378.
9. Liao H, Zeng A. Reconstructing propagation networks with temporal similarity [J]. Scientific reports, 2015, 5: 11404.
10. Das D. Positive and Negative Link Prediction Algorithm Based on Sentiment Analysis in Large Social Networks [J]. Wireless Personal Communications, 2018(2):1-16.
11. Chen B, Chen L, Li B. A fast algorithm for predicting links to nodes of interest [J]. Information Sciences, 2016, 2016(329):552-567.
12. Newman, M.E. Clustering and preferential attachment in growing networks [J].Physical Review E. 2001, 64(2):025102.
13. Xie Y B, Zhou T, Wang B H. Scale-free networks without growth [J]. Physica A: Statistical Mechanics and its Applications. 2008, 387(7):1683-1688.
14. Adamic L A, Adar E. Friends and neighbors on the web [J]. Social Networks. 2003, 25(3):211-230.
15. Jaccard P. Étude comparative de la distribution florale dans une portion des Alpes et des Jura [J]. Bulletin De La Societe Vaudoise Des Sciences Naturelles. 1901, 37:547-579.
16. Salton G,McGill M J.Introduction to modern information retrieval [J]. McGraw-Hill. 1986, 41(4):305-306.
17. Zhou T, Lü L Y, Zhang Y.C. Predicting missing links via local information [J]. The European Physical Journal B. 2009, 71(4):623-630.
18. Everett M G, Borgatti S P. Regular equivalence: General theory [J]. Journal of mathematical sociology. 1994, 19(1):29-52.
19. Katz L. A new status index derived from sociometric analysis [J]. Psychometrika. 1953, 18(1):39-43.
20. Brin S, Page L. Reprint of: The anatomy of a large-scale hypertextual web search engine [J].
21. Klein D J, Randić M. Resistance distance [J]. Journal of mathematical chemistry. 1993, 12(1):81-95.
22. Jeh G, Widom J. SimRank: a measure of structural-context similarity[C].Proceedings of the 8th ACM SIGKDD international conference on Knowledge discovery and data mining. ACM, 2002: 538-543.
23. Liu W, Lü L Y. Link prediction based on local random walk [J].Europhysics Letters. 2010, 89(5):58007.
24. Jia Y, Qu L.Improve the Performance of link prediction methods in citation network by using H-Index[C].2016 International Conference on Cyber-Enabled Distributed Computing and Knowledge Discovery (CyberC). IEEE, 2016: 220-223.
25. Sørensen T. A method of establishing groups of equal amplitude in plant sociology based on similarity of species and its application to analyses of the vegetation on Danish commons [J]. Biol. Skr. 1948, 5:1-34.
26. Salton G, McGill M J. Introduction to modern information retrieval [J]. McGraw-Hill. 1986, 41(4):305-306.
27. Vittorio C C, Gregorio A L,Timothy R.From link-prediction in brain connectomes and protein interactomes to the local-community-paradigm in complex networks [J]. Sci Rep, 2013, 3(4):1613.
28. Zhou W, Jia Y. Predicting links based on knowledge dissemination in complex network [J]. Physica A: Statistical Mechanics and its Applications. 2017, 471:561-568.
29. Lü L Y, Zhou T, Zhang Q M, et al. The H-index of a network node and its relation to degree and coreness [J]. Nature communications. 2016, 7:10168.
30. 高杨, 张燕平, 钱付兰,等.基于三元闭包的节点相似性链路预测算法[J].计算机科学与探索, 2017, 11(5):822-832.
31. Liu S X, Ji X S, Liu C X, et al. Extended resource allocation index for link prediction of complex network[J].Physica A Statistical Mechanics & Its Ap-plications,2017, 2017(479):174–183.
32. Sun Q, Hu R, Yang Z, et al. An improved link prediction algorithm based on degrees and similarities of nodes[C]. 16th International Conference on Computer and Information Science. IEEE, 2017: 13-18.
33. Wu Z H, Lin Y F, Wang J, et al. Link prediction with node clustering coefficient[J]. Physica A Statistical Mechanics & Its Applications, 2016, 2016(452):1-8．
34. Wu Z H, Lin Y F, Wan H Y, et al. Predicting top-L missing links with node and link clustering infor-mation in large-scale networks[J]. Journal of Statistical Mechanics Theory & Experiment, 2016, 2016(8):083202.
35. Clauset A, Moore C, Newman M E J. Hierarchical structure and the prediction of missing links in networks [J]. Nature, 2008, 453(7191):98-101.
36. 吕琳媛,周涛. 网络链路预测：概念与前沿[J].中国计算机学会通讯, 2016, 12(4) : 12 – 21.
37. Cai D, He X F, Han J W, et al. Graph Regularized Nonnegative Matrix Factorization for Data Representation [J]. IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell, 2011, 33(8):1548-1560.
38. Jiao P F, Cai F, Feng Y D, et al.Link predication based on matrix factorization by fusion of multi class organizations of the network [J]. Scientific Reports, 2017, 7(1):8937.
39. Zhao Y, Li S, Zhao C, et al.Link prediction via a neighborhood-based nonnegative matrix factorization model[C].The Proceedings of the Third International Conference on Communications, Signal Processing, and Systems. Springer, Cham, 2015: 603-611.
40. Zhang C.J, Zeng A. Prediction of missing links and reconstruction of complex networks [J]. International Journal of Modern Physics C. 2016, 27(10):1650120.
41. Zeng A, Cimini G. Removing spurious interactions in complex networks [J]. Physical Review E. 2012, 85(3):036101.
42. Lü L Y, Pan L M, Zhou T, et al. Toward link predictability of complex networks [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,2015, 112(8):2325-2330.
43. Zhang P, Wang X, Wang F, et al. Measuring the robustness of link prediction algorithms under noisy environment [J]. Scientific Reports. 2016, 6:18881.
44. Ouyang B, Jiang L, Teng Z. A Noise-Filtering Method for Link Prediction in Complex Networks [J]. PloS one. 2016, 11(1):e0146925.
45. 姚亚兵. 基于复杂网络拓扑结构的链路预测方法研究[D]. 兰州大学, 2017.
46. Barabási A L. Network science [M]. Cambridge university press, 2016.
47. Battiston F, Nicosia V, Latora V. Structural measures for multiplex networks [J]. Physical Review E, 2014, 89(3): 032804.
48. M. E. J. Newman, Phys. Rev. E 64, (2001),025102(R).
49. Barabási A L, Albert R. Emergence of scaling in random networks [J]. Science,1999,286(5439): 509-512.
50. Watts D J, Strogatz S H.Collective dynamics of “small-world” networks [J].Nature.1998, 393(6684):440-442.
51. Von M C, Krause R, Snel B, et al. Comparative assessment of large-scale data sets of protein-protein interactions[J]. Nature, 2002, 417(6887):399.
52. Porter M A, Onnela J P, Mucha P J. Communities in networks [J]. Notices of the AMS, 2009, 56(9): 1082-1097.
53. Duch J, Arenas A.Community detection in complex networks using extremal optimization [J]. Physical review E. 2005, 72(2):027104.
54. Girvan M, Newman M E. Community structure in social and biological networks [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2002, 99(12):7821.
55. Dunlavy D M, Kolda T G, Acar E. Temporal link prediction using matrix and tensor factorizations[J]. ACM Transactions on Knowledge Discovery from Data (TKDD), 2011, 5(2): 1-27.
56. Chen H, Li X, Huang Z. Link prediction approach to collaborative filtering[C]Proceedings of the 5th ACM/IEEE-CS Joint Conference on Digital Libraries (JCDL'05). IEEE, 2005: 141-142.
57. Soares P R S,PrudêNcio R B C.Proximity measures for link prediction based on temporal events[J]. Expert Systems with Applications, 2013, 40(16): 6652-6660.
58. Lü L, Jin CH, Zhou T. Similarity index based on local paths for link prediction of complex networks. Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys. 2009 Oct;80(4 Pt 2):046122