

图模式挖掘中的子图同构算法

董安国1,2,高琳2,赵建邦2

- (1. 长安大学 理学院, 陕西 西安 710064)
- (2. 西安电子科技大学 计算机学院, 陕西 西安 710071)

摘 要:图模式挖掘问题在Web挖掘、生物信息学、社会关系等众多领域有广泛的应用,它涉及到子图的搜索以及子图的同构问题.这两个问题都具有相当高的计算复杂度,现有的子图同构问题大多采用最小编码算法,但对无标签图特别是对无标签无向图,该算法效率较底,从而子图的同构成为图模式挖掘问题的一个瓶颈.针对无标签图,以代数理论为基础,分别利用度序列和特征值构造了两种子图同构算法,用于对有向图和无向图的同构判别.最后对2个真实生物网络进行了仿真实验,结果表明,算法的效率优于现有算法.

关键词: 图模式; 频繁子图; 子图同构; 特征值

1 引言

在生物信息学、药物发现、社会网络、集成电路的布局布线、Web 数据挖掘、软件测试、网络安全等众多领域都积累了大量的关于图的数据,这些数据中包含了重要的信息,需要对图进行挖掘. 例如在基因调控网络和蛋白质相互作用网络中,存在一种具有特定生物功能的结构,用图的模型来描述即为模体,它就是一个子图,这个子图在真实网络中出现的频率远高于对应的随机网络. 在社会网络中发现具有一定功能的社团结构等问题,也涉及到频繁子图的搜索. 所以,图模式挖掘问题的研究具有重要的理论和应用价值.

图模式挖掘问题的研究涉及到两个基本问题: 子图搜索和子图频率的计算.

子图搜索就是从一个大图中搜索出所有固定大小的子图 (k 个节点), 最近几年, 关于这一问题的研究很受关注, 比较有影响的算法有: 2000 年, A.Inokuchi 等人 ^[1] 提出的 AGM 算法, 2002 年, X.Yan and J.Han^[2] 提出的 gSpan 算法, 2004 年, M.Kuramochi 等人 ^[3] 提出的 FSG 算法, 2006 年, S. Wernicke^[4] 提出的 ESU 算法等.

计算子图频率就是将所有的子图按同构关系进行分类,然后统计出各类子图的频率;所以其根本问题是子图同构.在一般意义下,判定图的同构是 NP- 完全问题 ^[5],有人试图用图的一组不变量来确定图的同构,如回路数、树数、连通片数等,这些尝试都归于失败,因为不同构的图也会出现完全相同的不变量 ^[6],多年来,人们一直在寻找一种有效的同构判定方法.但是,在图模式挖掘问题中,涉及到图均是节点数很小的子图 (见文献 [1-4],节点数不超过 7),

收稿日期: 2008-08-06

资助项目: 国家自然科学基金 (60933009); 陕西省自然科学计划项目 (SJ08-ZT15)

目前,子图同构的最常用的是最小编码算法 [7],该算法的基本思想是: 对一个图 G 遍历所有的节点排序,不改变拓扑结构,得到一系列连接矩阵,将每一个连接矩阵拼接成一个序列,按一定的序关系,求出最小序列,并用该序列作为图的标识,两个图同构就等价于标识相同. 对节点或边带标签 (有属性) 的图,由于节点或边的对应关系已被部分确定,这种算法效率相对比较高,但对无标签图特别是无向图,这种算法运算量很大,文献 [1-4](无标签图) 均采用该算法来计算子图频率,很大程度上影响了图模式挖掘的效率. 我们通过引入综合度,提出局部序号置换算法;对无向图,利用特征值理论,构造了特征值同构算法. 实验表明,本文算法的效率明显高于文献 [5] 的算法.

本文内容组织如下: 第1节介绍定义符号以及与同构有关的代数理论; 第2节描述两种同构算法; 针对算法的实验及其分析在第3节给出; 第4节是对本文的总结以及对下一步工作的展望.

2 定义及同构理论

便于对同构算法进行描述,首先给出相关的定义、符号及主要结论.

下文将具有 m 个节点的图称为 m 阶图.

定义 1 对于给定的两个图 G = (V, E), G' = (V', E'), 若存在双射 $f: V \to V'$ 使对任意 $a, b \in V, (a, b) \in E$ 当且仅当 $(f(a), f(b)) \in E',$ 并且 (a, b) 与 (f(a), f(b)) 有相同重数, 则称 G 与 G' 同构, 记为 $G \cong G'$.

由定义 1 可知, 两个 m 阶图同构的必要条件是对应的节点具有相同的度, 由于有向图有进度与出度, 为了便于分析, 定义复数 D_i 为节点 i 的综合度, 其中 D_i 的实部为节点 i 的出度 SO_i , 虚部为节点 i 的入度 SI_i ; 对无向图, 定义 D_i 为节点的度; 并定义复数的序为实部和虚部的字典序. 将 D_i $(i=1,2,\cdots,m)$ 按升序排列得到的序列称为顺序度向量, 并记为 T, 即 $T=(D_{(1)},D_{(2)},\cdots,D_{(m)})$, 其中 $D_{(i)}$ 表示 D_i $(i=1,2,\cdots,m)$ 按升序排列后的第 i 个元素.

定理 1 如果 $G_1 \cong G_2$,则 G_1 和 G_2 的顺序度向量相同.

证明 由定义 1 显然.

由定理1及定义1可以构造图同构算法,算法描述将在第3节给出.

定义 2 对具有相同节点的图,按同构关系将其分成如干个类,称这样的类为等价类.

定义 3 设图 G=(V,E) 为 m 阶图, m 阶矩阵 $A=(a_{ij})_{m\times m}$ 称为图 G 的连接矩阵, 其中

$$a_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{节点 } i \text{ 到 } j \text{ 有边} \\ 0 & \text{否则} \end{cases}$$

为了描述方便, 本文将图 G 的第 i 个节点记为 i.

定义 4 对单位矩阵作两行互换所得的矩阵称为初等置换矩阵, 对单位矩阵进行若干次两行互换所得的矩阵称为置换矩阵.

定义 5 若存在一个置换矩阵 P, 使 $A_1 = P^{-1}A_2P$, 则称 A_1 , A_2 是置换相似.

定理 2 设 T 为初等置换矩阵, 则 $T^{-1} = T$, 置换矩阵可以表示成一系列初等置换矩阵的乘积.

证明 由代数理论,结论是显然的.

定理 3 A_1 , A_2 分别表示图 G_1 , G_2 的连接矩阵, 则 $G_1 \cong G_2$ 的充分必要条件是存在置换矩阵 P 使 $A_1 = P^{-1}A_2P$.

证明 必要性: 由于 $G_1 \cong G_2$, 由定义 1, 一定存在关于 1 到 m 的一个排列数 q_1,q_2,\cdots,q_m , 当 G_2 的节点序号 1, 2, \cdots , m 经若干次两两置换后变成 q_1,q_2,\cdots,q_m 时, G_1,G_2 的连接矩阵相等, 而一个图的某两个节点序号 i 和 j 对调时, 对应的连接矩阵就同时进行了一次 i 行和 j 行的交换和 i 列和 j 列的交换, 也就是对原连接矩阵同时左乘和右乘同一个初等置换矩阵. 所以, 当 $G_1 \cong G_2$ 时, 一定存在一系列初等置换矩阵 P_1,P_2,\cdots,P_m , 使 $A_1 = P_m \cdots P_2 P_1 A_2 P_1 P_2 \cdots P_m$, 由定理 2 得 $A_1 = P_m^{-1} \cdots P_2^{-1} P_1^{-1} A_2 P_1 P_2 \cdots P_m$, 令 $P_1 P_2 \cdots P_m$ 则 $P_2 P_1 P_2 \cdots P_m$,以上每步都可以逆推,所以充分性也成立.

推论 1 $G_1 \cong G_2$ 的充分必要条件是 A_1 , A_2 置换相似.

推论 2 如果 $G_1 \cong G_2$,则 A_1 , A_2 有相同的特征值.

证明 由推论 $1, A_1, A_2$ 置换相似, 所以 A_1, A_2 相似, 从而它们有相同的特征值.

定理 4 实对称矩阵的特征值一定是实数,两个实对称矩阵相似的充分必要条件是它们有相同的特征值.

证明 由代数中的特征值理论,结论显然.

以上的结论表明, $G_1 \cong G_2 \Leftrightarrow A_1$, A_2 置换相似; A_1 , A_2 置换相似 \Rightarrow A_1 和 A_2 相似; 如果 G_1 , G_2 为无向图, A_1 和 A_2 相似 \Rightarrow 有相同的特征值; 如果 G_1 , G_2 为有向图, G_1 和 G_2 相似 \Rightarrow 有相同的特征值. 所以, 利用特征值不能有效地判断有向图的同构; 对于无向图, G_1 和 G_2 有相同的特征值时, 尽管它们是相似的, 但不一定置换相似, 也就是说 G_1 和 G_2 有相同的特征值还不能作为 G_1 和 G_2 同构的充分必要条件, 本文将通过实验证明, 对连通图当节点数不超过 7 时, 结论是成立的, 即连通图 $G_1 \cong G_2$ 的充分必要条件是 G_1 和 G_2 有相同的特征值. 为了设计实验证明方案, 先给出以下结论.

 $G^{(k)}$ 表示 k 阶无向连通图等价类的集合,由于每一个等价类中的图拓扑结构都一样,是同一个图,故设第 i 个等价类的图为 $G_i^{(k)}$ $(i=1,2,\cdots,N(k))$,其中 N(k) 表示 k 阶无向连通图等价类的个数,即 $G^{(k)}=\{G_i^{(k)}|\ (i=1,2,\cdots,N(k))\}$,设 $T^{(k+1)}$ 为 $G^{(k)}$ 中的每一个图增加一个节点所得到的 k+1 阶连通图的全体, $EG^{(k+1)}$ 表示 $T^{(k+1)}$ 中图的等价类全体.

定理 5 对 $G_i^{(k)}$ $(i=1,2,\cdots,N(k))$ 中的每一个图增加一个节点所得到的所有 k+1 阶连通图中等价类的个数等于 k+1 阶连通图的等价类个数, 即 $EG^{(k+1)}=G^{(k+1)}$.

证明 如果存在一个连通图 $G \in G^{(k+1)}$,则一定存在一个节点 v,使 $G' = \{G \setminus v\} \in G^{(k)}$,所以 $G \in T^{(k+1)}$,从而 $G \in EG^{(k+1)}$,即 $G^{(k+1)} \subset EG^{(k+1)}$;显然 $EG^{(k+1)} \subset G^{(k+1)}$,所以 $EG^{(k+1)} = G^{(k+1)}$.

定理 5 表明, 要得到 k+1 阶无向连通图的所有等价类, 不需要对所有 k+1 阶无向连通图进行同构分类, 只需要对 $T^{(k+1)}$ 中的图进行同构分类. 定理 5 为计算机证明解决了两个问题: 首先, 可以用递推的方法得到 $T^{(k+1)}$ 的所有连接矩阵 (见 Function Q=EXTEND(LQ1, k) 中的步骤 4), 而所有 k+1 阶无向图的连接矩阵 (k+1 阶对角线为 0 的对称 0-1 矩阵) 有 $2^{k(k+1)/2}$ 个, 还需要进行矩阵可约 (对应的图不连通) 性判别, 从中去掉可约的矩阵; 其次, 减少了同构分类的对象集.

以定理 5 为理论依据, 可以利用计算机证明出图同构的一个充分必要条件, 并用这一条

件来判别图的同构.

3 图的同构算法

3.1 基于综合度局部序号置换算法

由上节的定义可见,两个 k 阶同构图,其连接矩阵未必相同,但可以改变一个图的节点序号 (不改变拓扑结构) 使它们的连接矩阵相等,然而节点的排序共有 k! 种,所以直接利用定义来判断图的同构运算量很大,本节将通过引入综合度,根据综合度是否相等将 k 个节点分成 j 组,第 i 组为 t_i ($i=1,2,\cdots,j$) 个节点,对每组内的节点进行置换,这样就将节点排序数从 k! 降到 $\prod_{i=1}^{j} t_i!$. 例如,某 6 阶子图,其顺序度向量为 (1+2i,2+3i,2+3i,2+i,4+3i,4+3i),则节点的排序数共有 $1! \times 2! \times 1! \times 2! = 4$ 种.

算法思想描述如下:

设 G_1 和 G_2 的连接矩阵为 A_1 和 A_2 , 计算 G_1 和 G_2 综合度向量和顺序综合度向量,如果顺序综合度向量不同,则 G_1 和 G_2 不同构;如果顺序综合度向量相同, G_1 的各节点按综合度从小到大重新标号,如果有若干个节点综合度相同,则这些节点之间排序可任取一种,按新的节点标号更新连接矩阵 A_1 , G_2 的各节点按综合度从小到大重新标号,如果若干个节点综合度相同,则对综合度相同的节点列出所有可能的排序,设共有 m 种 (每个节点综合度都不同则 m=1),按各种可能的节点标号更新矩阵 A_2 产生 m 个连接矩阵 A_{21} , A_{22} , \cdots , A_{2m} , 如果存在 i ($1 \le i \le m$) 使 $A_1 = A_{2i}$ 则 G_1 和 G_2 同构,否则不同构.

算法步骤如下:

Input G₁, G₂ 的连接矩阵 A₁, A₂

Output G₁, G₂ 是否同构

步骤 1 计算 A₁, A₂ 的顺序度向量 d₁,d₂

步骤 2 if d₁== d₂

步骤 3 按顺序度大小重新排列节点序号, 并更新 A₁,A₂

步骤 4 记录所有可能的 1 到 k 的排列 P, 使 $d_2 == d_2(P)$ /* $d_2(P)$ 表示按 P 的次序置换 d_2 的元素 */

步骤 5 for all P do

步骤 6 if A₁==A₂(P) /* A₂(P) 表示将 A₂ 按 P 确定的次序进行行列置换 */

步骤 7 G₁ 和 G₂ 同构, break

步骤 8 endfor

两个 k 节点的图 G_1 , G_2 , 本算法的复杂度主要依赖于子图中度相同的节点的数量, 由于顺序度向量是 k 维的, 对有向图, 各分量 (节点的综合度) 有 k^2 个可能的取值, 而无向图, 顺序度向量各分量的可能的取值是 k 个; 所以无向图顺序度向量中分量取值相同的几率超过有向图; 对无向图来说, 产生的使顺序度向量相同的节点排列数 m 超过有向图, 从而该算法对无向图的运算效率低于有向图, 针对算法的实验也说明了这一点. 为此, 下文将针对无向图设计了特征值同构算法.

3.2 无向图特征值同构算法

定理 6 设 G_1, G_2 为节点数不大于 7 的无向连通图, $G_1 \cong G_2$ 的充分必要条件是 A_1 和 A_2 有相同的特征值.

本定理的证明由计算机通过计算来完成, 其基本思想是: 给定子图阶数 k, 根据定理 5 的 结论和递推关系产生一系列矩阵 (这些矩阵对应的子图包含的类别和全部 k 阶子图包含的类别一样), 分别利用 2.1 的算法和特征值进行分类, 如果分出的类别一样, 则表明对 k 阶子图, 两个矩阵特征值一样可以作为对应子图同构的等价条件, 将 k 加 1 重复上述过程; 如果分出的类别不一样, 表明特征值不能作为子图同构的等价条件. 经计算, 当 k=8 时分的类不一样, 这样就证明了定理 6.

设 Q 表示由 k-1 阶各等价类图增加一个节点得到的所有 k 阶连通图, LQ1 表示 Q 中全部等价类 (每一类中的图只用一个图来代表), 由定理 5, LQ1 等于全部 k 阶连通图产生的等价类; T=1 表示定理 6 成立.

计算机证明程序流程如下:

步骤 1 Input k=2; T=1 表示 2 阶图定理 6 成立

步骤 2 Input A=[0,1;1,0]; Q={A}, LQ1={A} 输入 2 阶连通图的类 (只有一类)

步骤 3 While T=1

步骤 4 Q=EXTEND(LQ1, k) 产生 k+1 阶图

步骤 5 对 Q 中的图利用 2.1 的算法进行分类, LQ1 表示所得的类别

步骤 6 对 Q 中的图按特征值是否相等进行分类, LQ2 表示所得的类别

步骤 7 If |LQ1| = |LQ2| (分类结果一致, 说明特征值相同可以作为同构的充分必要条件)

步骤 8 T=1; k=k+1

步骤 9 Else (表明一定存在两个不同构的图, 其连接矩阵的特征值相同, 见推论 2)

步骤 10 T=0

步骤 11 Endif

步骤 12 Endwhile

步骤 13 Output T, k

在 LQ1 上扩展一个节点产生 k+1 阶图的程序流程如下:

Function Q=EXTEND(LQ1, k)

步骤 1 For all A∈LQ1

步骤 2 For i=1 to 2^k-1 (i 从 1 开始取, 确保了产生的 k+1 阶图是连通的)

步骤 3 t=inttobin(i) t 表示 i 的 2 进制数对应的 0-1 序列, 不够 k 位时前面补 0

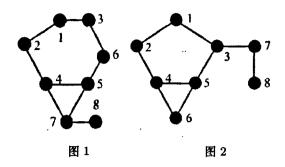
步骤 4 A←E(A) /* E(A) 表示在 A 的最后分别追加一行 t 和一列 t', 对角元为 0 的矩阵 */

步骤 5 Q=Q∪{A}

步骤 6 Endfor

步骤 7 Endfor

程序执行结果如下:



当节点数 k=8, 程序结束, 得到两个 8 节点的不同构图有相同的特征值, 如图 1, 2 所示, 它们不同构, 但其连接矩阵的所有特征值均相同, 特征值为 [-2.0000, -1.6624, -1.0000, -0.7574, 0.4249, 1.0000, 1.4959, 2.4989]. 但当 k < 8 时, 定理 6 是成立的, 对应等价类个数如表 1 所示.

 表 1 等价类数量表

 节点数 (m)
 3 4 5 6 7.

 等价类数 (M)
 2 6 21 112 853

根据定理 6, 对低于 8 阶的无向子图进行同构分类时, 可以利用连接矩阵的特征值进行判断, 特征值同构算法流程如下:

步骤 1 Input A1, A2 表示图 G1, G2 的连接矩阵

步骤 2 计算 A1, A2 的特征值 R1=(r11, r12, ···, r1k) 和 R2=(r21, r22, ···, r2k)

步骤 3 If R1=R2

步骤 4 G1, G2 同构

步骤 5 Else

步骤 6 G1, G2 不同构

注 R1, R2 中各特征值按升序排列

4 仿真试验及结果分析

利用 Matlab7.1 对本文的算法进行了仿真试验研究, 实验使用的电脑是 Intel Celeron(R) 2.26GHz 内存为 256M. 实验数据来源于 [8], 它们是基因调控网络 E. coli(有向) 和蛋白质相互作用网络 Protein(无向).

本文利用文献 [4] 给出的子图搜索算法,得到两个网络 7 阶连通子图数量分别为 319521581 和 297549099,对每一个网络随机抽取 100 万个子图进行同构分类,运行结果如表 2 和表 3 所示.

表 2 同构分类时间比较

	边数	节点数	分类时间 (秒)		
			特征值算法	局部置换算法	文献 [5] 算法
E.coli	519	423	/	1617	2285
Protein	716	270	535	3268	4162

表 3 前三个 7 阶频繁子图							
序	E.c	oli	Protein				
号	频繁子图	频率	频繁子图	频 率			
1	X	0. 4473	W	0. 0784			
2	美	0. 1728	M	0.0718			
3	羰	0. 0856	W	0.0513			

实验结果分析: 1) 同构分类的时间代价较高, 主要是因为在分类过程中, 每一个子图都要与已有的类进行比较, 如果它与已有的某个类同构, 则将该类的计数加 1, 否则, 将该子图归到一个新的类. 所以, 对每一个子图的分类需要进行多次的同构比较, 运算量非常大, 从而同构分类问题成为频繁子图挖掘中的一个瓶颈问题. 2) 在对无向图的同构分类中, 本文提出的特征值算法效率明显高于局部置换算法和文献 [5] 的算法. 3) 顺序度算法的效率高于文献 [5] 的最小编码算法, 顺序度算法和最小编码算法对无向图效率低.

5 总结与展望

针对图模式挖掘的应用背景,本文提出了两种子图同构算法:基于综合度的同构算法和特征值同构算法,前一种算法可以适用于有向图和无向图,运算量相对较大,在最不利情况下(综合度个分量都相同),运算量与用定义判断一样,但在对大量子图进行同构分类的问题中,这一特殊情况不影响整体运算效率.后一种算法适用节点数小于 8 的无向图. 尽管特征值算法的使用面较小,但其效率高(如表 2 所示),由于图模式挖掘中涉及到的子图节点数较小(小于 8^[9]),所以该算法可以广泛地应用于无向网络的图模式挖掘中.如实验结果分析所述,对子图按同构关系进行分类时,每个子图均要进行很多次的同构比较,减少比较次数,也是提高图模式挖掘效率的有效途径. 基于图模式挖掘的重要应用,我们将就子图搜索、子图同构等方面展开研究.

参考文献

- [1] Inokuchi A, Washin T and Motoda H. An apriori-based algorithm for mining frequent substructures from graph data[C]//Proceedings of the 2000 Europe Conference on Principle of Data Mining and Knowledge Discovery(PKDD'00), Lyon, France, September 2000, 13-23.
- [2] Yan X and Han J. gSpan:Graph-based Substructure Patterns Mining[C]//Proceedings of IEEE the 2002 International Conference on Data Mining(ICDM'02), Maebashi, Japan, December 2002, 721-724.
- [3] Michihiro Kuramochi and George Karypis. An Efficient Algorithm for Discovering Frequent Subgraphs[J]. IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering, 2004, 16(9): 1038-1051.
- [4] Wernicke S. Efficient detection of network motifs[J]. IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, 2006,3(4): 347-359.
- [5] Toran J. On the hardness of graph isomorphism[J]. SIAM Journal on Computing, 2004, 33(5): 1093-1108.

- [6] 李锋, 陆韬, 任意图同构判定及其应用 [J]. 复旦学报, 2006,45 (4): 480-484.
- [7] McKay B D. Practical graph isomorphism[J]. Congr Numer. 1981, 30: 45-87.
- [8] www.weizmann.ac.il/mcb/UriAlon/groupNetworksData.html/ and http://dip.doe-mbi.uda.edu.
- [9] Mason O and Verwoerd M. Graph theory and networks in biology. http://www.hamilton.ie/systemsbiology/files/2006/graph_theory_and_networks_in_biology.pdf

Algorithms for Subgraph Isomorphism in Graph Pattern Mining

DONG An-Guo^{1,2}, GAO Lin ², ZHAO Jian-bang²

- (1. School of Science, ChangAn University, Xi'an 710064, China)
- (2. School of Computer Science and Technology, Xidian University, Xi'an 710071, China)

Abstract: Graph pattern mining has a wide range of applications in different domains, such as web mining, bioinformatics, and social relationship, which involved subgraph searching and isomorphism. Both problems all have high complexity. The existing approaches to subgraph isomorphism are almost based on minimum coding. The efficiency of the approaches is lower in unlabeled graphs, especially in undirected unlabeled graphs. Therefore, subgraph isomorphism is the bottle-neck in graph pattern mining. In this paper, for unlabeled graph, we present two novel algorithms for subgraph isomorphism of directed and undirected graph. The algorithms are based on algebra theory by making use of degree sequence of a vertex and eigenvalue of adjacency matrix. We experimentally evaluate the performance of our algorithms using two real networks. The simulation results show that our algorithm is effective compared with the existing algorithm.

Keywords: graph pattern; frequent subgraph; subgraph isomorphism; eigenvalue

图模式挖掘中的子图同构算法



作者: 董安国, 高琳, 赵建邦, DONG An-Guo, GAO Lin, ZHAO Jian-bang

作者单位: 董安国, DONG An-Guo(长安大学理学院, 陕西西安710064; 西安电子科技大学计算机学院, 陕西

西安710071), 高琳, 赵建邦, GAO Lin, ZHAO Jian-bang (西安电子科技大学计算机学院, 陕西

西安,710071)

刊名: 数学的实践与认识 ISTIC PKU

英文刊名: Mathematics in Practice and Theory

年,卷(期): 2011,41(13)

被引用次数: 1次

参考文献(10条)

1. Inokuchi A; Washin T; Motoda H An apriori-based algorithm for mining frequent substructures from graph

data 2000

2. Yan X; Han J Span: Graph-based Substructure Patterns Mining 2002

3. Michihiro Kuramochi; George Karypis An Efficient Algorithm for Discovering Frequent Subgraphs

2004 (09)

4. Wernicke S Efficient detection of network motifs[外文期刊] 2006(04)

5. Torah J On the hardness of graph isomorphism[外文期刊] 2004(05)

6. 李锋; 陆韬 任意图同构判定及其应用[期刊论文] - 复旦学报(自然科学版) 2006(04)

7. McKay B D Practical graph isomorphism 1981

8. 查看详情

9. 查看详情

10. Mason O; Verwoerd M Graph theory and networks in biology

引证文献(1条)

1. 张春英. 张雪 不确定属性图的子图同构及其判定算法[期刊论文]-计算机科学 2013(6)

引用本文格式: <u>董安国</u>. <u>高琳</u>. <u>赵建邦</u>. <u>DONG An-Guo</u>. <u>GAO Lin</u>. <u>ZHAO Jian-bang</u> <u>图模式挖掘中的子图同构算法</u>[期刊论文]-数学的实践与认识 2011(13)