BABEŞ–BOLYAI UNIVERSITY OF CLUJ-NAPOCA
FACULTY OF MATHEMATICS AND INFORMATICS
SPECIALIZATION: COMPUTER SCIENCE

Diploma Thesis

Critical node detection problem in complex networks

Abstract

EZ AZ OLDAL NEM RÉSZE A DOLGOZATNAK!

Ezt az angol kivonatot külön lapra kell nyomtatni és alá kell írni!

A DOLGOZATTAL EGYÜTT KELL BEADNI!

Kötelező befejezés:

This work is the result of my own activity. I have neither given nor received unauthorized assistance on this work.

2020 BÉCZI ELIÉZER

ADVISOR:
ASSOC. PROF. DR. GASKÓ NOÉMI

BABEŞ–BOLYAI UNIVERSITY OF CLUJ-NAPOCA
FACULTY OF MATHEMATICS AND INFORMATICS
SPECIALIZATION: COMPUTER SCIENCE

Diploma Thesis

Critical node detection problem in complex networks

ADVISOR:
ASSOC. PROF. DR. GASKÓ NOÉMI

STUDENT:
BÉCZI ELIÉZER

2020

UNIVERSITATEA BABEŞ–BOLYAI, CLUJ-NAPOCA
FACULTATEA DE MATEMATICĂ ŞI INFORMATICĂ
SPECIALIZAREA INFORMATICĂ

Lucrare de licenţă

Identificarea nodurilor critice în rețele complexe

CONDUCĂTOR ŞTIINŢIFIC:
CONF. DR. GASKÓ NOÉMI

ABSOLVENT:
BÉCZI ELIÉZER

2020

BABEŞ–BOLYAI TUDOMÁNYEGYETEM KOLOZSVÁR
MATEMATIKA ÉS INFORMATIKA KAR
INFORMATIKA SZAK

Szakdolgozat

Kritikus csomópontok meghatározása komplex hálózatokban

TÉMAVEZETŐ:

DR. GASKÓ NOÉMI,
EGYETEMI DOCENS

SZERZŐ:

BÉCZI ELIÉZER

2020

Tartalomjegyzék

1. fejezet

Bevezető

1.1. Áttekintés

Hálózatok terén nem minden csomópont egyforma fontosságú. A kulcsfontosságú csomópontok keresésével hálózatokban széles körben foglalkoznak, különösképpen olyan csomópontok esetén, melyek a hálózat konnektivitásához köthetők. Ezeket a csomópontokat általában úgy nevezzük, hogy kritikus csomópontok.

A Kritikus Csomópontok Meghatározásának Problémája (Critical Node Detection Problem - **CNDP**) egy optimalizációs feladat, amely egy olyan csoport csomópont megkereséséből áll, melyek törlése maximálisan rontja a hálózat konnektivitását bizonyos előre meghatározott konnektivitási metrikák szerint.

A CNDP számos alkalmazási területtel rendelkezik. Például, közösségi hálók nagy befolyással bíró egyedeinek azonosítása [Kempe et al., 2005], komputációs biológiában kapcsolatok definiálására fehérje-fehérje kölcsönhatás hálózatokban [Boginski és Commander, 2009; Tomaino et al., 2012], smart grid sebezhetőségének vizsgálata [Nguyen et al., 2013], egyének meghatározása védőoltással való ellátásra vagy karanténba való zárásra egy fertőzés terjedésének gátlása érdekében [Aspnes et al., 2006; Ventresca és Aleman, 2013, 2014].

A CNDP egy $\mathcal{NP}$-teljes feladat [Arulselvan et al., 2009]. Adva van egy $G = (V, E)$ gráf, ahol $|V| = n$ a csomópontok száma, és $|E| = m$ pedig az élek száma. A feladat k kritikus csomópont meghatározása, amelyek törlése a bemeneti gráfból minimalizálja a hálózat páronkénti konnektivitását. Az alapján, hogy mit értünk egy hálózat konnektivitása alatt, a CNDP-nek van egycélú illetve többcélú megfogalmazása is.

1.2. Hozzájárulásaink

Ebben a dolgozatban többek között egy bi-objektív megfogalmazásával fogunk foglalkozni a CNDP-nek. Standard evolúciós algoritmusokat fogunk összehasonlítani egymással különböző szintetikus bemenetekre, illetve való világból inspirált bemenetekre, ugyanakkor célunk egy új hibrid algoritmus fejlesztése, melynek eredményei összehasonlíthatók a standard algoritmusok eredményeivel. Az algoritmusokat Python-ban fogjuk bemutatni, és a NetworkX könyvtárat [Hagberg et al., 2008] fogjuk használni különféle gráfműveletek elvégzésére.

1.3. Bemeneti tesztgráfok

Benchmark tesztelés végett a Ventresca [2012] által javasolt gráfhalmazt fogjuk használni, amelyben négy alapvető típus jelenik meg, mindegyik a maga jellegzetességeivel. Az 1.1. táblázat bemutatja az illető gráfhalmazt, feltüntetve mindegyik bemenet esetén a következő tulajdonságokat: a példány nevét, a csomópontok $|V|$ és az élek $|E|$ számát, a törlendő (kritikus) csomópontok számát (k). A következőkben ezeket a modelleket szeretnénk röviden ismertetni.

1.3.1. Barabási–Albert modell

A Barabási–Albert modell olyan komplex hálózatok struktúráját írja le, amelyek skálafüggetlenek, vagyis a fokszámeloszlás nem változik az idő múlásával. Két alapgondolatot foglal magában: *folyamatos növekedés* és *preferenciális kapcsolódás*[1]. Mindkét fogalom széles körben ismert a valós hálózatok terén. A folyamatos növekedés alatt azt értjük, hogy a hálózat csúcsainak a száma egyre növekszik az idő múlásával, mivel újabb és újabb csúcsokat adunk hozzá a gráfhoz. A preferenciális kapcsolódás pedig azt jelenti, hogy minél nagyobb a fokszáma egy csomópontnak, annál nagyobb valószínűséggel fog kapcsolódni egy új csomóponthoz. Az 1.1. ábra (a) alábrája bemutat egy 1000 csomópontból álló Barabási–Albert típusú gráfot.

1.3.2. Erdős–Rényi modell

Az Erdős–Rényi modell véletlen gráfok előállítására szolgáló modell. Két különböző konstrukciót is jelöl: a $G(n, M)$ modellben n csúcsú és M élű gráfok közül választunk azonos valószínűséggel, míg a $G(n, p)$ modellben az n csúcsú gráf minden élét, egymástól függetlenül, p valószínűséggel húzzuk be. Az 1.1. ábra (b) alábrája bemutat egy 466 csomópontból és 700 élből álló Erdős–Rényi típusú gráfot.

1.3.3. Forest-fire modell

Mint a Barabási–Albert modell, a Forest-fire is a preferenciális kapcsolódás megközelítést használja, viszont a csomópontok fokszáma egy *lassan lecsengő eloszlást*[2] mutat, a hálózat átmérője csökkenvén az idő múlásával. Ennek eredményeképpen a modell egy *sűrűsödő hatványtörvényt*[3] követ, ami azt jelenti, hogy a hálózat egy hatványtörvénynek megfelelően sűrűsödik. A modell onnan kapta az elnevezését, hogy növekedésének a mintája egy erdőtűz terjedéséhez hasonlít. Az 1.1. ábra (c) alábrája bemutat egy 500 csomópontból álló Forest-fire típusú gráfot.

1.3.4. Watts–Strogatz modell

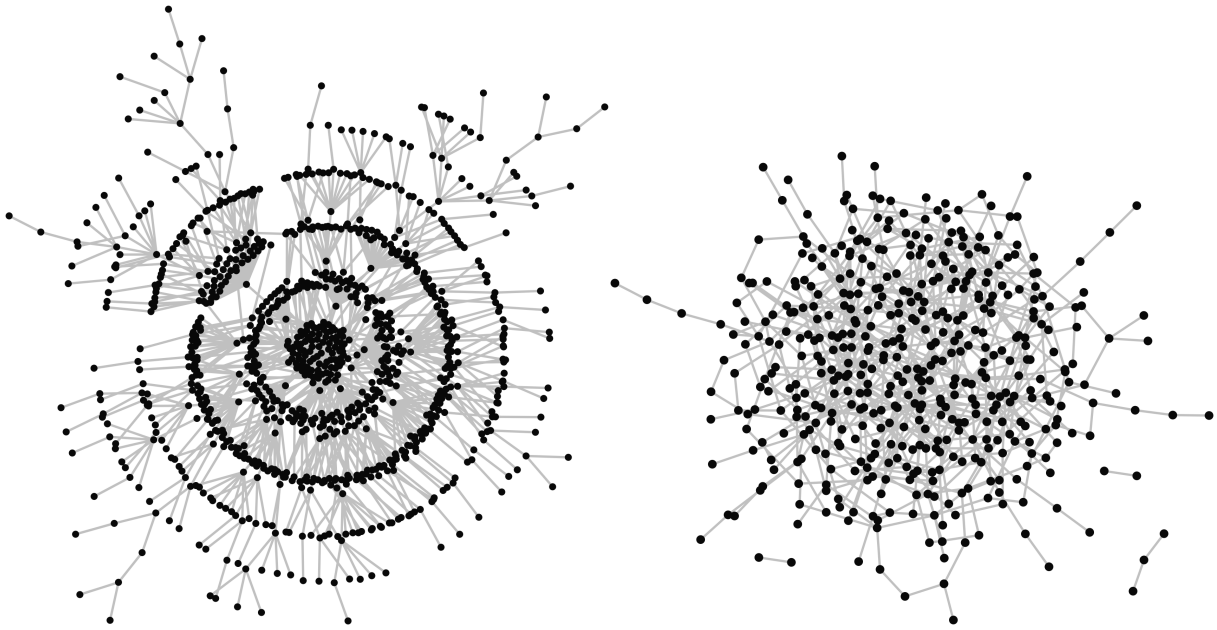
A Watts–Strogatz modell olyan véletlen gráfok előállítására szolgáló modell, amelyek *kis-világ* tulajdonságúak. Ezen hálózatok átmérője kicsi, és a legtöbb csomópont elérhető minden más csomópontból

1. Angolul: preferential attachment.
2. Angolul: heavy-tailed distribution.
3. Angolul: densification power-law.

relatív kevés ugráson vagy lépésen belül. Így a csúcsok közötti átlagos távolság rövid. Továbbá, ezen hálózatok magas klaszterezettségi együtthatóval rendelkeznek, vagyis a csomópontok hajlamosak csoportokba tömörülni. Az 1.1. ábra (d) alábrája bemutat egy 250 csomópontból álló Watts–Strogatz típusú gráfot.

1.1. táblázat. Benchmark tesztelésre használt bemeneti példányok

Gráf	$\|V\|$	$\|E\|$	k
BA500	500	499	50
BA1000	1000	999	75
BA2500	2500	2499	100
BA5000	5000	4999	150
ER250	235	350	50
ER500	466	700	80
ER1000	941	1400	140
ER2500	2344	3500	200
FF250	250	514	50
FF500	500	828	110
FF1000	1000	1817	150
FF2000	2000	3413	200
WS250	250	1246	70
WS500	500	1496	125
WS1000	1000	4996	200
WS2000	1500	4498	265



(a) Barabási–Albert típusú gráf, 1000 csomópont.

(b) Erdős–Rényi típusú gráf, 466 csomópont.

(c) Forest-fire típusú gráf, 500 csomópont.

(d) Watts–Strogatz típusú gráf, 250 csomópont.

1.1. ábra. A bemeneti példányok négy különböző modellje.

2. fejezet

Egycélú CNDP

2.1. Páronkénti konnektivitás

Egycélú CNDP esetén a kihívás abban áll, hogy találjunk egy olyan konnektivitási metrikát, amely alkalmazási területtől függően megfelelően leírja egy gráf összefüggőségét. S-el fogjuk jelölni a törlendő csomópontok halmazát, míg az $f(S)$ jóság függvény fogja jellemezni a $G[V \setminus S]$ feszített részgráf összefüggőségét. Ha H-val jelöljük a $G[V \setminus S]$ feszített részgráf összefüggő komponenseinek a halmazát, akkor a jóság függvény a következő képlettel írható le:

$$f(S) = \sum_{h \in H} \frac{|h| \cdot (|h| - 1)}{2}, \tag{2.1}$$

amelyet az irodalom [Aringhieri et al., 2016; Ventresca, 2012] úgy tart számon, hogy **páronkénti konnektivitás**. Tehát a feladat a 2.1 függvénynek a minimalizálása:

$$\min_{S \subseteq V} f(S). \tag{2.2}$$

A 2.1 fitnesz függvény implementációját a 2.1. kódrészlet szemlélteti Python-ban.

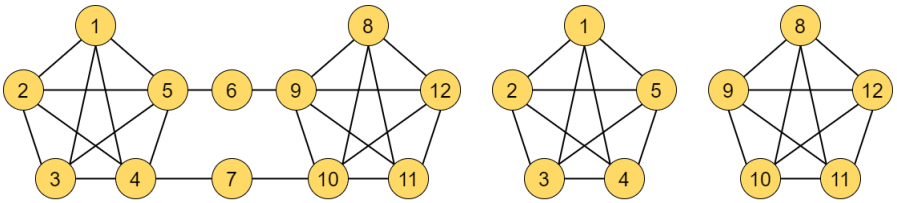
2.1. Listing. Páronkénti konnektivitás

```
def pairwise_connectivity(G):
    components = networkx.algorithms.components.connected_components(G)
    result = 0

    for component in components:
        n = len(component)
        result += (n * (n - 1)) // 2

    return result
```

Egy példa

A 2.1. ábrán látható gráfban, ha $k = 2$ kritikus csomópontot kell azonosítanunk, akkor $S = \{6, 7\}$ eredményezi az optimális megoldást. A $G[V \setminus S]$ feszített részgráf két, egyenként öt csomópontból álló összefüggő komponensre esik szét, vagyis $|H| = 2$. Így a 2.1 jóság függvény a következőképpen számolódik:

$$f(S) = \frac{5 \cdot (5-1)}{2} + \frac{5 \cdot (5-1)}{2} = 20.$$



2.1. ábra. Példa egy kis méretű gráfra (bal oldalt), amely a 6. és 7. csomópontok törlése után szétesik két összefüggő komponensre (jobb oldalt).

Látható, hogy nem elegendő csupán fokszám alapján csomópontokat kritikusnak nyilvánítani, mivel az esetek túlnyomó többségében ez nem fog jó megoldáshoz vezetni. Például, ha a 2.1. ábrán található gráfban a két legnagyobb fokszámmal rendelkező nódust $S = \{5, 9\}$ töröljük, akkor a G gráf ugyan szétesik $|H| = 2$ komponensre, de az eredmény jósága $f(S) = \frac{1 \cdot (1-1)}{2} + \frac{9 \cdot (9-1)}{2} = 36$ számottevően rosszabb.

2.2. Mohó algoritmus

2.2.1. Általánosan

Egy mohó algoritmus egy egyszerű és intuitív algoritmus, amely gyakran használt optimalizációs feladatok megoldására. Az algoritmus helyi optimumok megvalósításával próbálja megtalálni a globális optimumot.

Habár a mohó algoritmusok jól működnek bizonyos feladatok esetében, mint pl. Dijkstra-algoritmus, amely egy csomópontból kiindulva meghatározza a legrövidebb utakat, vagy Huffman-kódolás, amely adattömörítésre szolgál, de sok esetben nem eredményeznek optimális megoldást. Ez annak köszönhető, hogy míg a mohó algoritmus függhet az előző lépések választásától, addig a jövőben meghozott döntésektől független.

Az algoritmus minden lépésben mohón választ, folyamatosan lebontva a feladatot kisebb feladattá. Más szavakkal, a mohó algoritmus soha nem gondolja újra választásait.

2.2.2. Saját mohó algoritmus

A mohó algoritmus kiindul a gráf csúcslefedéséből, [1] ez lesz a kezdeti S megoldásunk. A maradék csomópontok $V \setminus S$ a gráf maximális független csúcshalmazát [2] (*MIS*) alkotják. Mivel majdnem biztos, hogy a megoldásunkban több, mint k csomópont lesz, ezért mohón elkezdünk kivenni csomópontokat S-ből, majd ezeket hozzáadni *MIS*-hez, amíg $|S| > k$. A hozzáadott csomópont az lesz, amelyiket ha visszatesszük az eredeti gráfba, akkor a minimum értéket téríti vissza a páronkénti konnektivitásra a keletkezett gráfban.

Mivel több olyan csomópont lehet, amelyeket ha visszateszünk az eredeti gráfba, akkor ugyanazt a minimális értéket adják vissza a páronkénti konnektivitásra, ezért ezeket eltároljuk a B halmazban, és

1. Angolul: vertex cover.
2. Angolul: maximal independent set.

Algorithm 2.1 Greedy CNP

```
1: function GREEDY(G, k)
2:     S ← VERTEX COVER(G)
3:     while |S| > k do
4:         B ← arg min_{i∈S} f(S \ {i})
5:         S ← S \ {SELECT(B)}
6:     end while
7:     return S
8: end function
```

minden lépésben random módon határozzuk meg, hogy melyik kerüljön vissza *MIS*-be. Ezzel az eljárással garantáljuk, hogy a mohó algoritmusunk különböző megoldásokat fog adni többszöri futtatások esetén. A CNDP esetén a mohó algoritmust a 2.1 kódrészlet szemlélteti.

2.3. Genetikus algoritmus

2.3.1. Általánosan

A genetikus algoritmus a metaheurisztikák osztályába tartozik, és a természetes kiválasztódás inspirálta. Egy globális optimalizáló, amely gyakran használt optimalizációs és keresési problémák esetében, ahol a sok lehetséges megoldás közül a legjobbat kell megkeresni. Azt hogy egy megoldás mennyire jó, a fitnesz vagy jóság függvény mondja meg.

A genetikus algoritmus mindig egy populációnyi megoldással dolgozik. A populációba egyedek tartoznak, amelyek egyenként megoldásai a feladatnak. Az algoritmus minden iterációban egy új populációt állít elő az aktuális populációból úgy, hogy a **szelekciós operátor** által kiválasztott legrátermettebb szülőkön alkalmazza a **rekombinációs** és **mutációs operátorokat**.

Ezen algoritmusok alapötlete az, hogy minden újabb generáció az előzőnél valamelyest rátermettebb egyedeket tartalmaz, és így a keresés folyamán egyre jobb megoldások születnek.

2.3.2. Saját genetikus algoritmus

Egy Genetikus Algoritmus (GA) standard algoritmikus keretrendszerét használjuk fel. Generálunk egy kezdeti populációt megoldásokkal. Utána keresztezzük őket, hogy új megoldásokat kapjunk, amelyeket pedig mutálunk. Ezután rendezzük a régi és új megoldásokat egy fitnesz függvény alapján, és létrehozunk egy új populációt eltávolítva a rossz megoldásokat. A folyamatot addig ismételjük, amíg az iterációk száma el nem ér egy felső korlátot. Az algoritmus végén visszatérítjük a legjobb megoldást. A CNDP esetén a genetikus algoritmust a 2.2 kódrészlet szemlélteti.

Reprezentáció

Egy egyedet egy halmaznyi paraméter (változó) jellemez, amelyeket úgy nevezünk, hogy *gének*. A gének összessége alkotja a *kromoszómát*, amely a probléma egy lehetséges megoldását kódolja, amit a genetikus

Algorithm 2.2 Genetic Algorithm

```
1: function GA(G, k, N, π_min, π_max, Δπ, α, t_max)
2:     t ← 0
3:     INIT(N, P, S*, γ, π)
4:     while t < t_{t_max} do
5:         P' ← CROSSOVER(k, N, P)
6:         P' ← MUTATION(k, N, P', π)
7:         P ← SELECTION(N, P, P')
8:         S*, γ, π = UPDATE(N, P, S*, π, π_min, π_max, Δπ, α)
9:         t ← t + 1
10:    end while
11:    return P
12: end function
```

algoritmus próbál megoldani. A CNDP esetén minden gén a bemeneti gráf egy különböző csomópontja lesz, a kromoszóma pedig a gráf csomóponthalmazának egy részhalmaza. Például, ha a G bemeneti gráf a $V = \{1, 2, \ldots, 9\}$ csomópontokból áll, és $k = 5$ nódust akarunk törölni, akkor a kromoszómát egy öt elemű halmazzal fogjuk reprezentálni: $\{g_1, g_2, g_3, g_4, g_5\}$.

Inicializáció

A kezdeti populáció egyedeit random generáljuk ki. Ez azt jelenti, hogy minden egyed kromoszómája egy k csomópontból álló részhalmaza lesz a bemeneti gráf csomóponthalmazának. Ezt szemlélteti a 2.3 kódrészlet.

Algorithm 2.3 Random Solution

```
1: function RAND SOL(G, k)
2:     S ← V
3:     while |S| > k do
4:         elem ← SELECT(S)
5:         S ← S \ {elem}
6:     end while
7:     return S
8: end function
```

Egy új fitnesz függvényt vezetünk be egy egyed jóságának felmérése végett. Ez abban tér el a 2.1 részben tárgyaltaktól, hogy nem csak a páronkénti konnektivitás mértékét vesszük figyelembe egy egyed esetén, hanem hogy az eddigi talált legjobb megoldástól mennyire tér el. Ezt a fitnesz függvényt a következő képlettel írjuk le:

$$g(S, S^*) = f(S) + \gamma \cdot |S \cap S^*|. \tag{2.3}$$

A képletben szereplő S^* jelenti az eddig talált legjobb megoldást. A γ egy változó, amely abban segít, hogy fenntartsuk a változatosságot a populáció egyedei között, megbüntetve azokat, amelyek túl közel

vannak a legjobbhoz. A γ változót minden iterációban a következő képlettel számoljuk újra:

$$\gamma = \frac{\alpha \cdot f(S^*)}{\langle |S \cap S^*| \rangle_{S \in P}}, \tag{2.4}$$

ahol a nevező a populáció egyedeinek és a legjobb egyed közötti átlagos hasonlóságot fejezi ki. Az α pedig a képletben található változók egymás feletti fontosságát befolyásolja.

A π paraméter a mutáció valószínűségét fejezi ki egy egyed esetén. Ezt kezdetben $\pi_{\min}$-re állítjuk, de minden iterációban frissítjük aszerint, hogy találtunk-e az új generációban egy olyan megoldást, amely jobb, mint a globális legjobb. Ha találtunk az eddigieknél jobb megoldást, akkor a π értékét $\pi_{\min}$-re állítjuk, különben a $\pi = \min(\pi + \Delta\pi, \pi_{\max})$ képlet szerint növeljük. Ez arra jó, hogy fenntartsuk a populáció sokféleségét abban az esetben, amikor nem tudunk javítani az eddig talált legjobb megoldáson, mindezt úgy, hogy megnöveljük a mutációk kialakulásának a valószínűségét.

Az S^*, γ és π változók frissítését a 2.4 kódrészlet mutatja be.

Algorithm 2.4 Update S^*, γ and π variables

```
1:  function UPDATE(N, P, S*, π, π_min, π_max, Δπ, α)
2:      avg ← 0
3:      for i ← 1, N do
4:          S ← P[i]
5:          avg ← avg + |S ∩ S*|
6:      end for
7:      avg ← avg / N
8:      γ ← α · f(S*) / avg
9:      S ← P[0]
10:     if f(S) < f(S*) then
11:         S* ← S
12:         π ← π_min
13:     else
14:         π ← min(π + Δπ, π_max)
15:     end if
16:     return S*, γ, π
17: end function
```

Reprodukció

A genetikus algoritmus egy kulcsfontosságú fázisa a reprodukció. Itt döntjük el, hogy a meglévő populációból miként jöjjön létre az új generáció. Ez azt jelenti, hogy meghatározzuk, hogy az S_1 és S_2 szülők kromoszómáit hogyan olvasztjuk egybe annak érdekében, hogy egy új S' egyed szülessen.

Esetünkben úgy történik egy új egyed létrehozása, hogy random módon kiválasztunk 2 különböző szülőt, és ezek kromoszómáit egybevonjuk: $S' = S_1 \cup S_2$. Mivel majdnem biztos, hogy az így kapott egyed kromoszómája több, mint k csomópontot tartalmaz, ezért szükséges törölnünk belőle nódusokat,

amíg $|S'| > k$. Az hogy melyik nódus kerül törlésre az új egyed kromoszómájából, random módon történik. A reprodukciós folyamatot a 2.5 kódrészlet szemlélteti.

Algorithm 2.5 Recombination Operator

```
1:  function CROSSOVER(k, N, P)
2:      P' ← ∅
3:      for i ← 1, N do
4:          S_1 ← SELECT(P)
5:          S_2 ← SELECT(P)
6:          S' ← S_1 ∪ S_2
7:          if |S'| = k then
8:              P' ← P' ∪ {S'}
9:          else
10:             S' ← RANDOM SAMPLE(S', k)        ▷ Take k random elements from S'
11:             P' ← P' ∪ {S'}
12:         end if
13:     end for
14:     return P'
15: end function
```

Fontos megemlítenünk, hogy mivel a szülőket random módon választjuk ki egyed esetén egyed létrehozásához, ezért a populáció egyedei között nem teszünk különbséget. Vagyis keresztezéskor nem nézzük, hogy csak a legrátermettebb szülőket válasszuk, hanem egyenlő eséllyel választunk kevésbé jó fitnesz értékkel rendelkező egyedet is szülőnek. Ez lelassítja a populáció uniformizálódásának folyamatát, de segíti a megoldástér bejárását. Ez azért jó, mert nem tudjuk előre, hogy a csomópontok mely kombinációja fogja eredményezni a bemeneti gráf maximális szétesését, ha ezeket együtt töröljük a gráfból. Ezért a kevésbé jó fitnesz értékkel rendelkező egyedeket sem kell figyelmen kívül hagyni, mert kombinálva őket jó megoldásokhoz juthatunk.

Mutáció

A következő nagy jelentőséggel bíró fázisa a genetikus algoritmusnak a mutáció. Mutáció alatt azt értjük, hogy vesszük az újonnan létrejött populációt, és a populációban található egyedek génjeit perturbáljuk valamilyen csekély valószínűséggel. A mutáció azért tartozik a nagy döntések halmazába, mert a mutáció révén fenntartjuk a populáció sokféleségét, és elkerüljük a korai konvergenciát. [3]

A populáció minden egyes új egyede esetén, a mutáció valószínűségét a π paraméter befolyásolja. Generálunk egy egyenletes eloszlású véletlen számot 1 és 100 között, és ha ez kisebb, mint π, akkor módosítjuk a megoldást. A módosítás úgy történik, hogy leszögezzük, hogy a megoldás hány génjét szeretnénk változtatni. Ezt a számot tükrözi az n_g változó, amely értékét a $[0, k]$ intervallumból veszi, és random generáljuk. A következő lépés, hogy kitörlünk n_g csomópontot a megoldásból, de mivel majdnem biztos, hogy a megoldásunk így nem-optimális, mert $|S| < k$, ezért szükséges visszaadogatnunk

3. Angolul: premature convergence.

csomópontokat S-be. Ennek érdekében véletlenszerűen kiválasztunk egy csomópontot a $V \setminus S$ halmazból, és a kiválasztott csomópontot visszatesszük a megoldásba. A 2.6 kódrészlet a mutáció műveletét hívatott bemutatni.

Algorithm 2.6 Mutation Operator

```
1:  function MUTATION(k, N, P, π)
2:      P' ← ∅
3:      for i ← 1, N do
4:          r ← RAND INT(1, 100)
5:          if r ≤ π then
6:              S' ← P[i]
7:              n_g ← RAND INT(0, k)                ▷ Number of genes to mutate
8:              for j ← 1, n_g do
9:                  elem ← SELECT(S')
10:                 S' ← S' \ {elem}
11:             end for
12:             MIS ← V \ S'
13:             while |S'| < k do
14:                 elem ← SELECT(MIS)
15:                 S' ← S' ∪ {elem}
16:             end while
17:             P' ← P' ∪ {S'}
18:         else
19:             S ← P [i]
20:             P' ← P' ∪ {S}
21:         end if
22:     end for
23:     return P'
24: end function
```

Szelekció

Az utolsó fázisa a genetikus algoritmusunknak a szelekció. Itt döntjük el, hogy mely egyedek fogják alkotni a következő nemzedéket. Jelen esetben ez úgy megy végbe, hogy összefésüljük a régi P és az újonnan létrejött P' populációkat, és rendezzük az egyedeket a 2.3 fitnesz függvény alapján. Növekvő sorrendbe rendezzük őket, mivel nem szabad elfelejtenünk, hogy célunk végső soron a páronkénti konnektivitás minimalizálása. Ezután kiválasztjuk az első N egyedet, és ezeket visszük tovább a következő iterációba. Genetikus algoritmusunk szelekciós szakaszát a 2.7 kódrészlet ismerteti.

2.4. Memetikus algoritmus

Ahhoz, hogy ne teljesen véletlen megoldásokból induljunk ki a 2.2 kódrészlettel szemléltetett genetikus algoritmus esetén, ezért a kezdeti populáció egy részét a 2.1 algoritmus segítségével fogjuk kigenerálni.

Algorithm 2.7 Selection Operator

```
1: function SELECTION(N, P, P')
2:     P ← P ∪ P'
3:     SORT(P)                          ▷ Sort individuals by fitness function in ASC order
4:     return P[:N]                     ▷ Take best N solutions
5: end function
```

Ugyan a populáció inicializálása így több időt fog igénybe venni, de a megoldások egy része a bemeneti gráf struktúráját figyelembe véve lesznek meghatározva. Ezt szemlélteti a 2.8 algortimus, amely a kezdeti populáció 10%-át okosan generálja ki, a maradék 90%-át pedig véletlenül, felhasználva a 2.3 algoritmust.

Algorithm 2.8 Smart Initialization

```
1: function SMART INIT(G, k, N)
2:     P ← ∅
3:     for i ← 1, N · 10/100 do
4:         P ← P ∪ {GREEDY(G, k)}
5:     end for
6:     while |P| < N do
7:         P ← P ∪ {RAND SOL(k)}
8:     end while
9:     return P
10: end function
```

3. fejezet

Kétcélú CNDP

3.1. Többcélú optimalizálás

A gyakorlatban számos olyan optimalizálási probléma létezik, ahol nem tudunk egyetlen egyértelmű célfüggvényt meghatározni, például:

- egy épület megtervezésekor minimalizálni szeretnénk az energia fogyasztást és az építési költséget, de ugyanakkor maximalizálni a termikus kényelmet [Nguyen et al., 2014];
- több projekt elvállalásakor minimalizálni szeretnénk az összköltséget és a szükséges projektvezetők számát, és maximalizálni a projektek összfontosságát és a befejezett projektek számát [Alothaimeen és Arditi, 2019];
- egy kőolajfinomító esetén maximalizálni szeretnénk a benzin hozamot, de ugyanakkor minimalizálni a különböző kémiai reakciók során termelődő koksz mennyiségét, amely lerakódik a katalizátorra, és csökkenti ennek reaktivitását [Kasat és Gupta, 2003].

Tehát ezekben az esetekben nem csak egy f célfüggvényünk van, hanem több darab (pl. energia fogyasztás célfüggvénye, termikus kényelem célfüggvénye, stb.), amelyek halmazát F-el fogjuk jelölni. Külön-külön az egyes célfüggvények a következő indexelt formában írhatók fel:

$$f_i \colon \mathbb{P} \to \mathbb{R}, i \in \{1, 2, \ldots, |F|\} \,. \tag{3.1}$$

3.2. A CNDP-től a BOCNDP-ig

Az egycélú CNDP-től úgy jutunk el a kétcélú CNDP-ig, hogy ebben az esetben két függvényt fogunk optimalizálni. Míg a CNDP esetén a 2.1 képlettel leírt függvény minimalizálása volt a feladat, addig a BOCNDP esetén két célfüggvényünk van, amelyeket optimalizálni szeretnénk k csomópont kitörlése után a G gráfból:

1. Maximalizálni szeretnénk az összefüggő komponensek számát.
2. Minimalizálni szeretnénk az összefüggő komponensek számosságának a varianciáját.

Ennek érdekében a következő két célfüggvényt vezetjük be:

$$\max \quad |H|, \tag{3.2}$$

$$\min \quad var(H), \tag{3.3}$$

ahol H-val jelöljük a $G[V \setminus S]$ feszített részgráf összefüggő komponenseinek a halmazát, és $var(H)$ jelöli az összefüggő komponensek számosságának nem szabályos mintavételének a varianciáját. A H halmaz varianciáját a következő képlet segítségével számoljuk ki:

$$\frac{1}{|H|} \sum_{h \in H} \left(|h| - \frac{n^*}{|H|} \right)^2, \tag{3.4}$$

ahol $n^* = \sum_{h \in H} |h|$ a $G[V \setminus S]$ feszített részgráf csomópontjainak a száma.

A 3.2 és a 3.4 képletekkel leírt problémát úgy ismerjük az irodalomban [Ventresca et al., 2018], mint **BOCNDP**. A CNDP is ugyanerre a problémára nyújt megoldást azáltal, hogy ezt a két függvényt egyesíti a 2.1 függvényben, melynek minimalizálása (lásd a 2.2 egyenletet) maximalizálni fogja a komponensek számát, amelyekre szétesik az eredeti gráf, de ugyanakkor minimalizálja is a komponensek közötti varianciát.

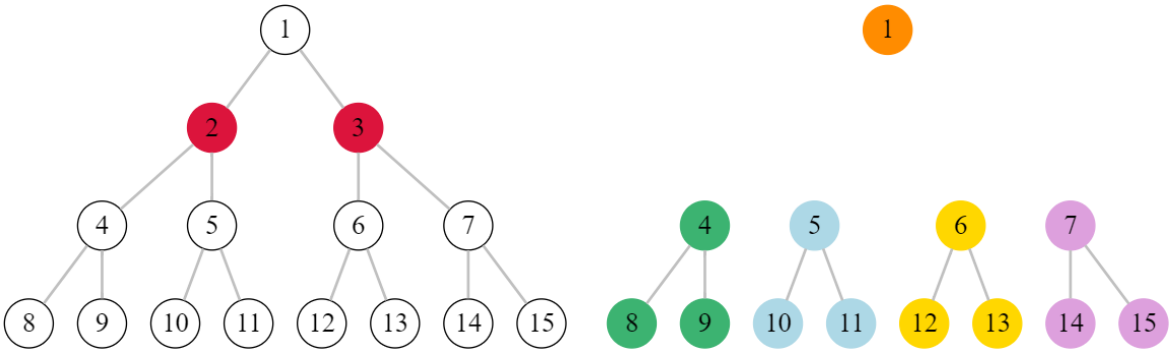
A H halmaz számosságának meghatározását a 3.1. kódrészlet mutatja be Python-ban, míg a 3.4 képlet implementációját a 3.2. kódrészlet.

3.1. Listing. A feszített részgráf összefüggő komponenseinek a száma

```
def connected_components(exclude=None):
    if exclude is None:
        exclude = {}

    S = set(exclude)
    subgraph = networkx.subgraph_view(G, filter_node=lambda n: n not in S)
    return networkx.number_connected_components(subgraph)
```

3.2. Listing. Az összefüggő komponensek számosságának a varianciája

```
def cardinality_variance(exclude=None):
    if exclude is None:
        exclude = {}

    S = set(exclude)
    subgraph = networkx.subgraph_view(G, filter_node=lambda n: n not in S)
    components = list(networkx.connected_components(subgraph))

    num_of_components = len(components)
    num_of_nodes = subgraph.number_of_nodes()
    variance = 0

    for component in components:
        cardinality = len(component)
        variance += (cardinality - num_of_nodes / num_of_components) ** 2

    variance /= num_of_components
    return variance
```



3.1. ábra. Példa egy kis méretű gráfra (bal oldalt), amely a 2. és 3. csomópontok (piros színnel emeltük ki ezeket) törlése után szétesik öt összefüggő komponensre (jobb oldalt), amelyeket különböző színekkel jelöltünk meg a könnyebb láthatóság kedvéért.

Egy példa

A 3.1 ábrán látható gráfban, ha $k = 2$ kritikus csomópontot kell azonosítanunk, akkor $S = \{2, 3\}$ eredményezi az optimális megoldást. A $G[V \setminus S]$ feszített részgráf szétesik egy egy csomópontból álló, és négy három csomópontból álló komponensre, vagyis $|H| = 5$. Így a 3.4 képlettel leírt komponensek közötti variancia a következőképpen számolható ki:

$$var(H) = \frac{1}{5} \cdot \left[\left(1 - \frac{13}{5}\right)^2 + 4 \cdot \left(3 - \frac{13}{5}\right)^2 \right] = \frac{16}{25} = 0.64.$$

3.3. Kísérleti előkészítés

Ebben a részben bemutatjuk a BOCNDP probléma megoldására javasolt genetikus algoritmusokat és ezek paraméterezéseit. Az algoritmusokat nem mi implementáljuk, hanem a *Platypus keretrendszer* [Hadka, 2017] által biztosított osztályokat fogjuk használni.

NSGAII – Az NSGAII (Non-dominated Sorting Genetic Algorithm II) [Deb et al., 2002] az egyik legnépszerűbb többcélú optimalizáló algoritmus, amely az NSGA továbbfejlesztett változata. Az NSGAII a megszokott rekombinációs és mutációs genetikai operátorokon kívül, amelyek új egyedek létrehozásáért felelősek, két másik különleges mechanizmust használ a következő generáció populációjának létrehozásához: *nem-dominált rendezés*[1] révén a populációt alpopulációkra osztja valamilyen dominancia által meghatározott sorrend alapján (pl. Pareto, Nash vagy Berge dominancia), és kiszámítja az alpopulációk egyedei közötti *tömörülési távolságot*[2], felállítva egy sorrendet az alpopulációk egyedei között, hogy az elszigetelt megoldásokat részesítse előnyben.

EpsMOEA – Az EpsMOEA (Epsilon Multi-Objective Evolutionary Algorithm) [Deb et al., 2003] egy

1. Angolul: non-dominated sorting.
2. Angolul: crowding distance.

egyensúlyi állapotú evolúciós algoritmus, amely ϵ-dominancia archiválást használ a populáció sokszínűségének fenntartása végett.

SPEA2 – A SPEA2 (Strength Pareto Evolutionary Algorithm 2) [Zitzler et al., 2001] feladata, hogy megtaláljon és fenntartson egy frontnyi nem-dominált megoldást, ideális esetben egy halmaznyi Pareto-optimális megoldást. Ennek elérése érdekében egy evolúciós eljárást használ - felhasználva a genetikai rekombinációs és mutációs operátorokat - a megoldástér felderítése végett, és egy szelekciós eljárást, amely fitnesz függvénye egy egyed dominánsságának és a becsült Pareto-front zsúfoltságának a kombinációja. A nem-dominált megoldások halmazáról egy archívum van karbantartva, amely különbözik az evolúciós eljárásban használt megoldások populációjától, biztosítva ezáltal egy elitista kiválasztást.

IBEA – Az IBEA (Indicator Based Evolutionary Algorithm) [Zitzler és Künzli, 2004] alapötlete, hogy egy *bináris hipertérfogat indikátort* használ a szelekciós eljárás szakaszában, amikor elválik, hogy mely egyedek fognak tovább élni, a következő generáció alapjául szolgálva.

PAES – A PAES (Pareto Archived Evolution Strategy) [Knowles és Corne, 1999] egy többcélú optimalizáló, amely két fő céllal lett kifejlesztve. Az elsődleges cél, hogy szigorúan lokális keresésre korlátozódik: a jelenlegi megoldást csak kis mértékben változtatja (mutáció), ezáltal eljutva a jelenlegi megoldástól egy szomszédos megoldásig. Ez a folyamat jelentős mértékben megkülönbözteti más többcélú optimalizáló genetikus algoritmustól (pl. NSGAII, SPEA2, IBEA), amelyek egy populációnyi megoldással dolgoznak, és ezen egyedek segítségével történik meg a keresztezés és kiválasztás. A második cél, hogy az algoritmus egy valódi Pareto optimalizáló kell, hogy legyen, minden nem-dominált megoldást egyformán kezelve. Mindkét cél elérése azonban elég problémás, mert az esetek többségében, amikor egy pár megoldást összehasonlítunk, akkor egyik sem fogja dominálni a másikat. A PAES ezt úgy oldja meg, hogy karbantart egy archívumot a nem-dominált megoldások halmazáról, amely révén felbecsüli az új megoldás jóságát.

EpsNSGAII – Az EpsNSGAII (Epsilon NSGAII) [Kollat és Reed, 2005] az NSGAII egy kibővített változata, amely ϵ-dominancia archiválást használ. Továbbá, véletlenszerű újraindítás jellemzi, biztosítva ezáltal egy változatosabb megoldáshalmazt.

3.4. Dominancia operátorok

A multikritériumú genetikus algoritmusok esetén felmerül a kérdés, hogy miként döntjük el, hogy egy megoldás jobb-e vagy rosszabb, mint egy másik. Viszont az is megtörténhet, hogy két megoldás összehasonlíthatatlan. Ennek a kérdésnek a megválaszolása érdekében szükséges bevezetnünk a *dominancia operátor* fogalmát. A dominancia operátor fontos szerepet lát el a multikritériumú genetikus algoritmusok keretein belül, mivel a *dominancia reláció* segítségével lesz eldöntve, hogy két megoldás közül melyik dominálja melyiket, vagy hogy egyik sem dominálja a másikat. Az NSGAII multikritériumú genetikus algoritmus esetén több típusú dominanciát fogunk kipróbálni kísérleti célokból. Ezeket a dominancia típusokat szeretnénk a következőkben ismertetni.

3.4.1. Pareto-dominancia

3.1. Értelmezés. Azt mondjuk, hogy egy x megoldás *Pareto-dominál* egy y megoldást ($x \prec y$), ha teljesül a következő két feltétel:

$$\forall i \in \{1, 2, \ldots, |F|\} : f_i(x) \leq f_i(y),$$
$$\exists j \in \{1, 2, \ldots, |F|\} : f_j(x) < f_j(y).$$

Tehát az x megoldás minden szempontból legalább olyan jó, mint az y, és legalább egy szempontból még jobb is nála.

3.2. Értelmezés. A Pareto-dominancia segítségével bevezethetjük az optimum fogalmát. Egy $\hat{x}$ *Pareto-optimum*, ha nincs még egy olyan megoldásjelölt, ami dominálná őt:

$$\nexists x \in \mathbb{P} \colon x \prec \hat{x}.$$

3.3. Értelmezés. Gyakran megtörténik, hogy nem csak egy, hanem több Pareto-optimális megoldásunk van. Ebben az esetben a Pareto-optimális megoldások halmazát nevezzük *Pareto-frontnak*.

3.4. Példa. A 3.2. ábra egy példát mutat a Pareto-optimumokra. A probléma két célfüggvény optimalizálásából tevődik össze: az f_1 célfüggvény maximalizálásából és az f_2 célfüggvény minimalizálásából. Tehát egy pont minél távolabb van az origótól az X-tengelyen, de ugyanakkor minél közelebb hozzá az Y-tengelyen, annál jobb.

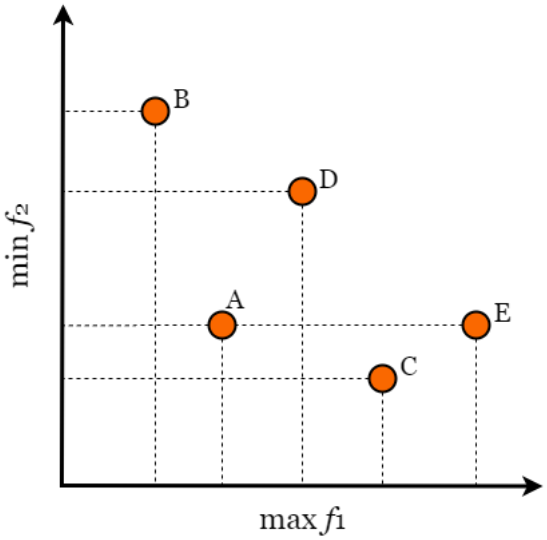
Néhány következtetés, ami leolvasható a diagramról:

- $A \prec B$, mivel mindkét szempont szerint jobb nála;
- $E \prec A$, mivel f_2 szempontjából azonosak, de f_1 szerint jobb;
- $A \not\prec D$, mert bár f_2 szerint jobb, de f_1 szempontjából rosszabb;
- $D \not\prec A$, mert bár f_1 szerint jobb, de f_2 szempontjából rosszabb;
- C, E pontokat senki se dominálja (ők se egymást), ezért ők alkotják a Pareto-frontot.

Jól látható, hogy a feladatnak nincs egyértelmű megoldása. A C és E pontok nem azonosak, mégsem tudjuk az egyiket előnyben részesíteni a másikhoz képest. A feladat megoldása tehát ez a két pont.

3.5. *Megjegyzés.* Fontos megemlítenünk, hogy ez nem hátrány, hanem éppenhogy előny. A Pareto-dominancia lehetővé teszi, hogy ne csak egy megoldást kapjunk vissza, hanem akár mindet. A többcélú feladatok megoldásánál éppen azt szeretnénk, hogy minél több nem-dominált eredményt kapjunk. Mivel legtöbbször a front mérete nagyon nagy, és az összes megoldást nem várhatjuk el, akkor az egymástól minél távolibbakat szeretnénk megkapni.

Az, hogy utána melyik megoldás lesz kiválasztva, az már a felhasználó egyéni döntése.



3.2. ábra. Példa egy kétcélú optimalizálási feladatra, ahol az f_1 célfüggvényt maximalizálni, míg az f_2 célfüggvényt minimalizálni kell.

3.4.2. Nash-dominancia

A Nash-dominancia fogalmát Lung és Dumitrescu [2008] vezették be, és a Nash-egyensúly fogalmán alapszik. Megértéséhez szükséges néhány, a *játékelméletből* [Von Neumann és Morgenstern, 2007] ismert fogalom bevezetése.

Nem-kooperatív játékok

Legyen $n > 1$ természetes szám a játékosok száma, és $I = \{1, \ldots, n\}$ a játékosok halmaza. Minden $i \in I$ esetén, S_i az i-edik játékos stratégiáinak a halmaza, míg $s_i \in S_i$ a játékos tetszőleges stratégiája. Legyen $S = S_1 \times S_2 \times \ldots \times S_n$ a stratégiaprofilok halmaza, $s \in S$ pedig egy általános stratégiaprofil. Minden $i \in I$ esetén, $u_i \colon S \to \mathbb{R}$ az i-edik játékos kifizetőfüggvénye. Legyen $U = \{u_1, \ldots, u_n\}$ a kifizetőfüggvények halmaza. Jelölje $\left(s_i, s^*_{-i}\right)$ az $\left(s^*_1, \ldots, s^*_{i-1}, s_i, s^*_{i+1}, \ldots, s^*_n\right)$ stratégiaprofilt, amelyet úgy kapunk, hogy az s^* stratégiaprofil i-edik játékosának a stratégiáját kicseréljük s_i-re, $s_i \in S_i$.

Nash-egyensúly

Az előbb bevezetett jelölések segítségével bevezethetjük a nem-kooperatív játékelmélet központi fogalmát, a *Nash-egyensúlyt* [Nash, 1951].

3.6. Értelmezés. Azt mondjuk, hogy az $s^* \in S$ stratégiaprofil Nash-egyensúlyt alkot, ha egyik játékosnak sem érdemes egyoldalúan eltérnie a stratégiaprofilban szereplő saját stratégiájától. Tehát minden $i \in I$ játékos és $s_i \in S_i$ stratégia esetén, a következő egyenlőtlenség teljesül:

$$u_i\left(s^*\right) \geq u_i\left(s_i, s^*_{-i}\right).$$

Nash-dominancia

Legyen x és y két stratégiaprofil S-ből. Bevezetünk egy $k\colon S \times S \to \mathbb{N}$ operátort, amely az (x, y) pároshoz hozzárendeli a következő halmaz számosságát:

$$\{i \in I \mid u_i(y_i, x_i) \geq u_i(x), y_i \neq x_i\}.$$

A halmaz azon i játékosokat tartalmazza, akik adott x stratégiaprofil esetén, hasznot húznának abból, ha megváltoztatnák stratégiájukat x_i-ről y_i-re.

3.7. Értelmezés. Azt mondjuk, hogy egy x stratégiaprofil *Nash-dominál* egy y stratégiaprofilt ($x \prec y$), ha teljesül az alábbi feltétel:

$$k(x, y) < k(y, x). \tag{3.5}$$

Tehát egy x stratégiaprofil akkor Nash-dominál egy y stratégiaprofilt, ha kevesebb játékos tudja megnövelni nyereségét úgy, hogy megváltoztatja stratégiáját x_i-ről y_i-re, mint fordítva. Azt is mondhatjuk, hogy az x stratégiaprofil stabilabb (közelebb van az egyensúlyhoz), mint az y stratégiaprofil.

A Nash-dominancia segítségével bevezethetjük az optimum fogalmát.

3.8. Értelmezés. Egy $s^* \in S$ stratégiaprofil *Nash-optimum*, ha nincs még egy olyan stratégiaprofil, ami dominálná őt:

$$\nexists s \in S, s \neq s^*\colon s \prec s^*.$$

3.9. Értelmezés. Gyakran megtörténik, hogy nem csak egy, hanem több Nash-optimális megoldásunk van. Ebben az esetben a Nash-optimális megoldások halmazát nevezzük *Nash-frontnak*.

3.10. Tétel. *Lung és Dumitrescu [2008] bebizonyították, hogy egy $s^* \in S$ stratégiaprofil akkor és csakis akkor Nash-egyensúly, ha*

$$\forall s \in S\colon k(s^*, s) = 0$$

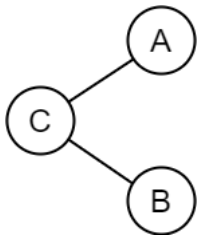
teljesül.

3.11. Tétel. *Lung és Dumitrescu [2008] egy fontos következtetésre jutottak, miszerint minden Nash-egyensúlyt alkotó stratégiaprofil egyben Nash-optimum is, és minden Nash-optimum egyben Nash-egyensúlyt alkotó stratégiaprofil is.*

3.12. *Megjegyzés.* A 3.10. és a 3.11. tételek azért rendkívül fontos eredmények, mivel lehetővé teszik számunkra, hogy evolúciós kereső operátorok (keresztezés, mutáció, kiválasztás) segítségével megkeressük a Nash-egyensúlyt alkotó megoldásokat.

A következőkben egy példán keresztül szeretnénk szemléltetni a Nash-dominancia és a Nash-egyensúly közötti kapcsolatot.

3.13. Példa. A 3.3. ábrán látható gráfban $k = 1$ kritikus csomópontot szeretnénk beazonosítani. A 2.1 képlettel leírt célfüggvény minimalizálása. leírt függvényt fogjuk használni, mint célfüggvény vagy kifizetőfüggvény. Ez fogja megmondani, hogy egy megoldás vagy stratégiaprofil mennyire jó. Célunk a függvény minimalizálása 2.2, mivel minél kisebb értéket ad vissza, annál jobb az illető megoldás.



3.3. ábra. Példa egy három csomópontból álló útgráfra.

		Második játékos		
		A	*B*	*C*
Első játékos	*A*	1; 1	1; 1	1; 0
	B	1; 1	1; 1	1; 0
	C	0; 1	0; 1	0; 0

3.1. táblázat. A bal oldalon található gráf leképezése egy kétszemélyes stratégiai játékra.

A feladatot felfoghatjuk ugyanakkor, mint egy kétszemélyes stratégiai játék. A 3.1. táblázat szemlélteti a feladat lemodellezett változatát, mint kétszemélyes stratégia játék: $I = \{1, 2\}$ a játékosok halmaza, $S_1 = S_2 = \{A, B, C\}$ a stratégiahalmazok, a kifizetéseket a mátrix tartalmazza.

A Nash-egyensúly megtalálása érdekében mindegyik stratégiaprofilt sorra meg kell vizsgáljuk. Ne felejtsük, hogy célunk a kifizetőfüggvények minimalizálása.

(A, A) – A C stratégiát választva az A helyett, az első játékos előnyhöz jut, hiszen $u_1(C, A) = 0 < 1 = u_1(A, A)$. Ezért ez a stratégiaprofil nem alkot Nash-egyensúlyt. Továbbá a második játékos is megnövelheti nyereségét, ha A helyett C-t választ, mivel $u_2(A, C) = 0 < 1 = u_2(A, A)$.

(A, B) – Ugyanaz a helyzet, mint az (A, A) stratégiaprofil esetén, ezért nem alkot Nash-egyensúlyt.

(A, C) – A C stratégiát választva az A helyett, az első játékos előnyhöz jut, hiszen $u_1(C, A) = 0 < 1 = u_1(A, A)$. Ezért ez a stratégiaprofil nem alkot Nash-egyensúlyt.

(B, A) – Ugyanaz a helyzet, mint az (A, A) stratégiaprofil esetén, ezért nem alkot Nash-egyensúlyt.

(B, B) – Ugyanaz a helyzet, mint az (A, A) stratégiaprofil esetén, ezért nem alkot Nash-egyensúlyt.

(B, C) – Ugyanaz a helyzet, mint az (A, C) stratégiaprofil esetén, ezért nem alkot Nash-egyensúlyt.

(C, A) – A C stratégiát választva az A helyett, a második játékos előnyhöz jut, hiszen $u_2(C, C) = 0 < 1 = u_2(C, A)$. Ezért ez a stratégiaprofil nem alkot Nash-egyensúlyt.

(C, B) – Ugyanaz a helyzet, mint a (C, A) stratégiaprofil esetén, ezért nem alkot Nash-egyensúlyt.

(C, C) – Egyik játékos sem tudja megnövelni nyereségét úgy, hogy a jelenlegi stratégiája helyett egy másikat választ. Ezért ez a stratégiaprofil Nash-egyensúlyt alkot.

Következtetésként elmondhatjuk, hogy ennek a játéknak egy Nash-egyensúlya van, ami nem más, mint a (C, C) stratégiaprofil.

Ha a 3.3. részben bemutatott NSGAII multikritériumú genetikus algoritmus esetén lecseréljük az általa használt Pareto-dominanciát Nash-dominanciára, akkor az algoritmus által meghatározott Nash-front egyetlen Nash-optimális megoldásból fog állni, ami nem lesz más, mint az $S = \{C\}$ megoldáshalmaz.

Láthatjuk, hogy a 3.11. tétel igaz, vagyis használhatjuk a multikritériumú genetikus algoritmusokat Nash-egyensúly egyensúlypont-keresésre.

3.4.3. Berge-dominancia

A Berge-dominancia fogalmát Gaskó et al. [2014] vezették be, és a Berge-egyensúly fogalmán alapszik. Ugyanúgy, mint a 3.4.2. részben bemutatott Nash-dominancia esetén, a Berge-dominancia fogalmának megértéséhez is szükséges először a Berge-egyensúly fogalmát bevezetnünk.

Berge-egyensúly

A *Berge-egyensúly* fogalmát Berge [1957] vezette be, de mivel nem látta el konkrét definícióval, ezért jelen formájában Zhukovskii és Chikrii [1994] definiálták először. Nagyon hasonló a közismert Nash-egyensúlyhoz, viszont itt az altruizmus egy formája jelenik meg a nem-kooperatív játék helyett. A Berge-egyensúly esetén egy stratégiai játék minden játékosa arra törekszik, hogy a többi játékos nyereségét maximalizálja, míg Nash-egyensúly esetén minden játékos a saját kifizetését igyekszik maximalizálni.

3.14. Értelmezés. Azt mondjuk, hogy az s^* stratégiaprofil Berge-egyensúlyt alkot, ha

$$u_i(s^*) \geq u_i(s_i^*, s_{-i})$$

minden $i \in I$ játékos és $s_{-i} \in S_{-i}$ stratégia esetén teljesül.

Tehát minden játékos a saját kifizetését próbálja maximalizálni ugyanúgy, mint a Nash-egyensúly esetében. A különbség azonban onnan adódik, hogy a játékosok nem azt nézik meg, hogy a lehetséges stratégiáik közül melyik az, amelyik a legnagyobb nyereséget hozza számukra, hanem azt, hogy a többi játékos, ha a jelenlegi stratégiájától egy különböző stratégiát játszik ki, akkor ez megnöveli-e a bevételüket.

A fentieket úgy is megfogalmazhatjuk, hogy nem azt kérdezzük a játékosoktól, hogy milyen akciót választanak, hanem azt, hogy milyen s_{-i} esetén hajlandók beleegyezni, hogy ők s_i^*-t válasszanak. Vagyis a kérdés nem arra vonatkozik, hogy az i-edik játékos milyen stratégiát választ, hanem arra, hogy milyen feltételek mellett hajlandó belemenni abba, hogy egy meghatározott stratégiát játsszon.

Berge-egyensúly esetén egyik játékos sem szeretne a többi játékos stratégiáján változtatni.

A következőkben egy példán keresztül szeretnénk szemléltetni a Berge-egyensúly és a Nash-egyensúly közötti különbségeket.

3.15. Példa. A 3.2. táblázattal szemléltetett játékban $I = \{1, 2\}$ a játékosok és $S_1 = S_2 = \{A, B\}$ a játékosok stratégiáinak a halmaza.

A Berge-egyensúly megtalálása érdekében mindegyik stratégiaprofilt sorra meg kell vizsgáljuk. A Nash-egyensúlynál megadott példával ellentétben (lásd a 3.13. példát) itt a kifizetőfüggvények maximalizálása a célunk.

(B, B) – Az első játékos szemszögéből, ha a második játékos megváltoztatja stratégiáját B-ről A-ra, akkor előnyhöz jut, hiszen $u_1(B, A) = 25 > 10 = u_1(B, B)$. Ezért ez a stratégiaprofil nem alkot Berge-egyensúlyt. Továbbá a második játékos szemszögéből, ha az első játékos változtatná meg stratégiáját B-ről A-ra, akkor megnövelhetné nyereséget, mivel $u_2(A, B) = 25 > 10 = u_2(B, B)$.

		Második játékos	
		A	*B*
Első játékos	*A*	$20; 20$	$5; 25$
	B	$25; 5$	$10; 10$

3.2. táblázat. Példa egy fogolydilemma típusú játékra.

(A, B) – Az első játékos szemszögéből, ha a második játékos megváltoztatja stratégiáját B-ről A-ra, akkor előnyhöz jut, hiszen $u_1(A, A) = 20 > 5 = u_1(A, B)$.

(B, B) – A második játékos szemszögéből, ha az első játékos megváltoztatja stratégiáját B-ről A-ra, akkor előnyhöz jut, hiszen $u_2(A, A) = 20 > 5 = u_2(B, A)$.

(A, A) – Egyik játékos sem tudja megnövelni nyereségét úgy, hogy a másik játékos a jelenlegi stratégiája helyett egy másikat választ. Ezért ez a stratégiaprofil Berge-egyensúlyt alkot.

Következtetésként elmondhatjuk, hogy ennek a játéknak egy Berge-egyensúlya van, ami nem más, mint az (A, A) stratégiaprofil. Ha megkeressük a Nash-egyensúlyát is a játéknak, akkor ez nem lesz más, mint a (B, B) stratégiaprofil. Láthatjuk, hogy a Berge-egyensúly a Nash-egyensúly tökéletes ellentéte, mivel olyan megoldáshoz vezet, amely minden játékos számára kielégítő.

Berge-dominancia

Legyen x és y két stratégiaprofil S-ből. Bevezetünk egy $b\colon S \times S \to \mathbb{N}$ operátort, amely az (x, y) pároshoz hozzárendeli a következő halmaz számosságát:

$$\{i \in I \mid u_i(x_i, y_i) \geq u_i(x), y_i \neq x_i\}.$$

A halmaz azon i játékosokat tartalmazza, akik adott x stratégiaprofil esetén, hasznot húznának abból, ha valamelyik másik játékos megváltoztatná stratégiáját y_i-ről x_i-re.

3.16. Értelmezés. Azt mondjuk, hogy egy x stratégiaprofil *Berge-dominál* egy y stratégiaprofilt ($x \prec y$), ha teljesül az alábbi feltétel:

$$b(x, y) < b(y, x). \tag{3.6}$$

Tehát egy x stratégiaprofil akkor Berge-dominál egy y stratégiaprofilt, ha kevesebb játékos tudja megnövelni nyereségét úgy, hogy megváltoztatja a többi játékos stratégiáját y_i-ről x_i-re, mint fordítva. Azt is mondhatjuk, hogy az x stratégiaprofil stabilabb (közelebb van az egyensúlyhoz), mint az y stratégiaprofil.

A Berge-dominancia segítségével bevezethetjük az optimum fogalmát.

3.17. Értelmezés. Egy $s^* \in S$ stratégiaprofil *Berge-optimum*, ha nincs még egy olyan stratégiaprofil, ami dominálná őt:

$$\nexists s \in S, s \neq s^*\colon s \prec s^*.$$

3.18. Értelmezés. Gyakran megtörténik, hogy nem csak egy, hanem több Berge-optimális megoldásunk van. Ebben az esetben a Berge-optimális megoldások halmazát nevezzük *Berge-frontnak*.

3.19. Tétel. *Gaskó et al. [2014] bebizonyították, hogy egy $s^* \in S$ stratégiaprofil akkor és csakis akkor Berge-egyensúly, ha*

$$\forall s \in S \colon b(s^*, s) = 0$$

teljesül.

3.20. Tétel. *Gaskó et al. [2014] egy fontos következtetésre jutottak, miszerint minden Berge-egyensúlyt alkotó stratégiaprofil egyben Berge-optimum is, és minden Berge-optimum egyben Berge-egyensúlyt alkotó stratégiaprofil is.*

3.21. *Megjegyzés.* Ugyanúgy, mint a Nash-dominancia esetén (lásd a 3.4.2. részt), a 3.19. és a 3.20. tételek rendkívül fontos eredmények, mivel lehetővé teszik számunkra, hogy evolúciós kereső operátorok segítségével megkeressük a Berge-egyensúlyt alkotó megoldásokat.

3.22. Példa. Ha ugyanazt a példát szeretnénk megoldani, mint Nash-dominancia esetén (lásd a 3.13. példát), de most Berge-dominanciát használva, akkor meg kell határoznunk a 3.3. ábrán szemléltetett gráf Berge-frontját. Ez a 3.20. tétel alapján ekvivalens a 3.1. táblázat segítségével leírt kétszemélyes stratégiai játék Berge-egyensúlyt alkotó megoldásainak a megkeresésével. Ne felejtsük, hogy célunk a 2.1 képlettel leírt célfüggvény minimalizálása.

Könnyen belátható, hogy a játék minden egyes stratégiaprofilja egy-egy Berge-egyensúly. Tehát kilenc Berge-egyensúlyt alkotó stratégiaprofilunk van összesen. Ez a CNDP esetén nem jelent mást, minthogy a gráf mindhárom csomópontja kritikus.

Ha a 3.3. részben bemutatott NSGAII multikritériumú genetikus algoritmus esetén lecseréljük az általa használt Pareto-dominanciát Berge-dominanciára, akkor az algoritmus által meghatározott Berge-front három Berge-optimális megoldásból fog állni, amely nem más, mint az $S = \{A, B, C\}$ megoldáshalmaz.

3.5. A Platypus keretrendszer

A Platypus keretrendszert Hadka [2017] fejlesztette ki. Ez egy evolúciós számítások elvégzésére szolgáló keretrendszer, amely a többcélú evolúciós algoritmusokra összpontosít. A keretrendszer a következő elemekből tevődik össze:

- többcélú evolúciós algoritmusokból (NSGAII, NSGAIII, EpsMOEA stb.);
- szelekciós operátorokból (versengő kiválasztás);
- rekombinációs operátorokból (SBX, PCX, HUX stb.);
- mutációs operátorokból (PM, UM, BM stb.);
- reprezentációk különböző típusaiból (valós, bináris, részhalmaz stb.);
- dominancia operátorokból (Pareto-dominancia, ϵ-dominancia, attribútum-dominancia).

A Platypus keretrendszer modularizáltságának köszönhetően könnyű új algoritmusokkal vagy operátorokkal kibővíteni a rendszert. De nem csak kibővíteni lehet, hanem meglévő algoritmusok által használt elemeket lecserélni már meglévő vagy általunk definiált elemekre. Így az algoritmus váza nem változik, viszont lehetőség nyílik különböző operátorok összehasonlítására egy algoritmus esetén.

A következőkben a 3.4. részben bemutatott dominancia operátorok implementációt szeretnénk ismertetni a Platypus keretrendszer által biztosított környezetben.

3.5.1. Operátorok definiálása

Nash-dominancia

A 3.3. kódrészlet szemlélteti a 3.5 képlettel leírt Nash-dominancia implementációját a Platypus keretrendszer segítségével.

3.3. Listing. A Nash-dominancia implementációja a Platypus keretrendszerben.

```
class NashDominance(Dominance):
    def __init__(self):
        super(NashDominance, self).__init__()

    def compare(self, x, y):
        k_x = 0
        k_y = 0

        nodes_x = x.variables[0][:]
        nodes_y = y.variables[0][:]

        H_x = x.objectives[0]
        H_y = y.objectives[0]

        var_H_x = x.objectives[1]
        var_H_y = y.objectives[1]

        for i in range(k):
            tmp        = nodes_x[i]
            nodes_x[i] = nodes_y[i]

            if connected_components(nodes_x) > H_x:      k_x += 1
            if cardinality_variance(nodes_x) < var_H_x: k_x += 1

            nodes_x[i] = tmp

        for i in range(k):
            tmp        = nodes_y[i]
            nodes_y[i] = nodes_x[i]

            if connected_components(nodes_y) > H_y:      k_y += 1
            if cardinality_variance(nodes_y) < var_H_y: k_y += 1

            nodes_y[i] = tmp

        if   k_x < k_y: return -1
        elif k_x > k_y: return  1
        else          : return  0
```

Ahhoz, hogy egy új dominancia operátort vezethessünk be a rendszerbe, amit majd kipróbálhatunk különböző multikritériumú genetikus algoritmusok esetén, egy osztályt kell létrehoznunk, amely a Platypus keretrendszer által biztosított *Dominance* osztályt örököli. Ezt az osztályt mi úgy neveztük el, hogy *NashDominance*, és a *Dominance* szülőosztály egyetlen metódusát írja fölül, a *compare* metódust.

A *compare* eljárás fog két megoldást - x és y - összehasonlítani, és visszatéríti, hogy melyik Nash-dominálja melyiket, vagy hogy egyik sem dominálja a másikat. A metódus a 3.1. és a 3.2. kódrészletekkel szemléltetett függvényeket használja: az első a gráf összefüggő komponenseit számolja ki, a második pedig az összefüggő komponensek számosságának a varianciáját (lásd a 3.4 egyenletet). Ezeket a célfüggvényeket akarjuk optimalizálni: az elsőt maximalizálni, míg a másodikat minimalizálni.

Berge-dominancia

A 3.4. kódrészlet szemlélteti a 3.6 képlettel leírt Berge-dominancia implementációját a Platypus keretrendszer segítségével. Az operátor bevezetéséhez a rendszerbe ugyanazon lépéseket kell végrehajtanunk, mint a Nash-dominancia esetén.

3.4. Listing. A Berge-dominancia implementációja a Platypus keretrendszerben.

```
class BergeDominance(Dominance):
    def __init__(self):
        super(BergeDominance, self).__init__()

    def compare(self, x, y):
        b_x = 0
        b_y = 0

        nodes_x = x.variables[0][:]
        nodes_y = y.variables[0][:]

        H_x = x.objectives[0]
        H_y = y.objectives[0]

        var_H_x = x.objectives[1]
        var_H_y = y.objectives[1]

        for i in range(k):
            tmp        = nodes_y[i]
            nodes_y[i] = nodes_x[i]

            if connected_components(nodes_y) > H_x:      b_x += 1
            if cardinality_variance(nodes_y) < var_H_x: b_x += 1

            nodes_y[i] = tmp

        for i in range(k):
            tmp        = nodes_x[i]
            nodes_x[i] = nodes_y[i]

            if connected_components(nodes_x) > H_y:      b_y += 1
            if cardinality_variance(nodes_x) < var_H_y: b_y += 1

            nodes_x[i] = tmp

        if   b_x < b_y: return -1
        elif b_x > b_y: return  1
        else          : return  0
```

3.5.2. Problémák definiálása

Ahhoz, hogy egy bármilyen problémát meg tudhassunk oldani a Platypus keretrendszer által biztosított algoritmusokkal, szükséges először definiálnunk a feladatot. Ebben nyújt nekünk segítséget a Platypus *Problem* osztálya, amely két paramétert vár el tőlünk: a döntési változók és a célok számát. Meg kell

adjuk minden döntési változó típusát vagy reprezentációját, valamint minden cél optimalizálási irányát (minimalizálás vagy maximalizálás). Továbbá felül kell írjuk a *Problem* szülőosztály *evaluate* függvényét, amely egy megoldás kiértékeléséért felelős. A BOCNDP definiálását hívatott szemléltetni a 3.5. kódrészlet.

3.5. Listing. A BOCNDP definiálása a Platypus keretrendszerben.

```
class BOCNDP(Problem):
    def __init__(self):
        super(BOCNDP, self).__init__(nvars=1, nobjs=2)
        self.types[:] = Subset(list(G), k)
        self.directions[0] = Problem.MAXIMIZE
        self.directions[1] = Problem.MINIMIZE

    def evaluate(self, solution):
        S = solution.variables[0]
        solution.objectives[0] = connected_components(S)
        solution.objectives[1] = cardinality_variance(S)
```

Amint látható, létrehozunk egy *BOCNDP* nevű osztályt, amely a Platypus által biztosított *Problem* osztály leszármazottja. A konstruktorban meghívjuk a szülőosztály *init* metódusát, amely beállítja a döntési változók számát 1-re, a célok számát pedig 2-re. Megmondjuk, hogy a döntési változót a G gráf csomóponthalmazának egy k elemű részhalmazával fogjuk ábrázolni, valamint azt, hogy az első célfüggvényt maximalizálni, míg a másodikat minimalizálni szeretnénk.

Ezután felülírjuk a *Problem* osztály *evaluate* metódusát. Itt történik egy megoldás tényleges kiértékelése. Beállítjuk mint első célfüggvény a 3.1. kódrészlettel leírt függvényt, ami a G gráf összefüggő komponenseinek a számát téríti, a 3.2. kódrészlettel leírt függvényt pedig, ami az összefüggő komponensek számosságának a varianciáját téríti, mint második célfüggvény. Ahogy az imént említettük, az első célfüggvényt maximalizálni, míg a másodikat minimalizálni fogjuk.

3.5.3. Algoritmusok definiálása

A Platypus keretrendszer számos kész multikritériumú genetikus algoritmust tartalmaz, de lehetőséget ad új algoritmusok definiálására is az *Algorithm* osztály kiterjesztése révén. Ugyanakkor lehetővé teszi a már meglévő algoritmusok testreszabását: egy algoritmus példányosításakor vagy felépítésekor megadhatjuk argumentumként a használni kívánt operátorokat.

3.6. Listing. A BOCNDP megoldása az NSGAII algoritmus és a Nash-dominancia használatával.

```
# define the problem definition
problem = BOCNDP()

# instantiate the optimization algorithm
algorithm = NSGAII(problem, selector=TournamentSelector(
    dominance=NashDominance()), archive=NashArchive())

# optimize the problem using 10,000 function evaluations
algorithm.run(10000)

# display the results
for solution in algorithm.result:
    print(solution.objectives)
```

A 3.6. kódrészlet szemlélteti az NSGAII algoritmus egy testreszabott változatának a létrehozási folyamatát, ahol beállítjuk, hogy a 3.5. kódrészlettel leírt *BOCNDP* problémát oldja meg, és a 3.3. kódrészlettel leírt *NashDominance* osztályt használja mint dominancia operátor. Ezután lefuttatjuk az algoritmust 10 000-es iterációszámmal, utána pedig kiíratjuk a Nash-optimális megoldásokat.

3.5.4. Generátorok definiálása

A Platypus keretrendszer lehetővé teszi, hogy saját generátorokat definiáljunk, amelyek segítségével tetszőlegesen inicializálni tudjuk a kezdeti populációt. A Platypus által biztosított *Generator* osztály kiterjesztésével, és a *generate* metódus felülírásával érhetjük el ezt. Három sajátos inicializálási módszert használtunk a BOCNDP esetén, amelyeket a következő részben fogunk részletesen bemutatni.

3.6. A kezdeti populáció inicializálása

Ugyanúgy, mint a 2. fejezetben bemutatott CNDP esetén, ahol a 2.4. részben leírt memetikus algoritmus keretein belül a populációt intelligens módon inicializáltuk, a BOCNDP esetén is kísérletezni fogunk különböző inicializálási módszerekkel. Ez azért lényeges, mert ha eleve olyan megoldásokból indulunk ki, amelyek magukban tárolnak valamit a hálózat szerkezetéről, akkor megtörténhet, hogy jobb eredményekhez jutunk rövidebb idő alatt. Ezeket a módszereket szeretnénk a következőkben ismertetni.

3.6.1. DFS alapján

Az első módszer abban áll, hogy kiindítunk egy mélységi bejárást (DFS) a G gráf egy véletlen csomópontjából, majd az így kapott csomóponthalmaz minden x-edik elemét különválasztjuk, $x = \frac{|V|}{k}$. A különválasztott csomópontok halmaza fogja alkotni a kezdeti populáció egy egyedét. A 3.1 algoritmus szemlélteti a mélységi bejáráson alapuló intelligens inicializálási módszert.

Algorithm 3.1 Depth-first search solution generator

```
1: function DFS GENERATOR(G, k, x)
2:     start ← SELECT(V)
3:     S ← DFS(G, start)
4:     return S[::x]                          ▷ Take every xth element
5: end function
```

3.6.2. Fokszám alapján

A második módszer a csomópontok fokszám központiságán alapszik, vagyis minél több éllel rendelkezik egy csomópont, annál nagyobb valószínűséggel fog bekerülni a kezdeti populáció egy egyedének a halmazába. A generált megoldás első x elemét a gráf legmagasabb fokszámmal rendelkező csomópontjai képezik, a maradék $(k - x)$ elemét pedig véletlenszerűen kiválasztott csomópontok. Ha az egyedek halmazait kizárólag a legmagasabb fokszámú csomópontokból építenénk fel, akkor a kezdeti populáció

Algorithm 3.2 Degree solution generator

```
1: function DEGREE GENERATOR(G, k, x)
2:     V' ← SORTED(V)          ▷ Sort nodes according to their degree in DESC order
3:     S ← V'[:x]              ▷ Take first x nodes with the highest degree
4:     while |S| < k do
5:         node ← SELECT(V')
6:         if node ∉ S then
7:             S ← S ∪ {node}
8:         end if
9:     end while
10:    SHUFFLE(S)
11:    return S
12: end function
```

egyedei mind egyformák lennének, hiszen a bemeneti G gráf nem változik. Ezért szükséges, hogy a generált megoldás egy részét a legnagyobb fokszámú csomópontok, míg a másik részét véletlenszerűen kiválasztott csomópontok alkossák. A 3.2 algoritmus szemlélteti a fokszám központiságon alapuló intelligens inicializálási módszert.

3.6.3. Véletlen séta alapján

A harmadik és egyben utolsó módszer a véletlen sétán alapszik. Elindulunk a G bemeneti gráf egy véletlen módon kiválasztott csomópontjából, és minden lépésben meglátogatjuk a jelenlegi csomópont valamelyik szomszédját, amit ugyancsak véletlen módon választunk ki. Miközben sétálunk, számon tartjuk mindegyik csomópont esetén, hogy hányszor látogattuk meg. Ez kulcsfontosságú, mivel ennek alapján fogjuk eldönteni, hogy mely csomópontok kerüljenek be a generált megoldásba. Minél többször volt egy csomópont meglátogatva, annál nagyobb eséllyel fog bekerülni a kezdeti populáció egy egyedének a halmazába. A séta hosszát a t változó mondja meg, és lesz egy p_r valószínűség, ami az újrakezdés valószínűségét fogja jelenteni. Minden lépésben eldöntjük, hogy folytatjuk vagy újrakezdjük a sétát. Újrakezdés esetén visszatérünk ahhoz a csomóponthoz, amelyikből a sétát indítottuk. Ha a séta végére nem sikerült k különböző csomópontot meglátogatnunk, akkor a sétát újra indítjuk, de most már egy új csomópontból. A 3.3 algoritmus szemlélteti a véletlen sétán alapuló intelligens inicializálási módszert.

Algorithm 3.3 Random walk solution generator

```
1: function RANDOM WALK GENERATOR(G, k, t, p_r)
2:     visited ← ∅
3:     while True do
4:         core ← SELECT(V)
5:         current ← core
6:         for i ← 1, t + 1 do
7:             if current ∈ visited then
8:                 visited[current] ← visited[current] + 1
9:             else
10:                visited[current] ← 1
11:            end if
12:            restart ← RAND INT(1, 100)
13:            if restart ≤ p_r then
14:                current ← core
15:            else
16:                neighbors ← NEIGHBORS(G, current)        ▷ Neighbors of the current node
17:                current ← SELECT(neighbors)
18:            end if
19:        end for
20:        if |visited| ≥ k then
21:            break
22:        else
23:            visited ← ∅
24:        end if
25:    end while
26:    SORT(visited)          ▷ Sort nodes in visited according to visits paid in DESC order
27:    return visited[: k]                                  ▷ Take the first k most visited nodes
28: end function
```

Irodalomjegyzék

Alothaimeen, I. és Arditi, D. Overview of multi-objective optimization approaches in construction project management. In *Multi-criteria Optimization-Pareto-optimal and Related Principles*. IntechOpen, 2019.

Aringhieri, R., Grosso, A., Hosteins, P., és Scatamacchia, R. A general evolutionary framework for different classes of critical node problems. *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, 55: 128–145, 2016.

Arulselvan, A., Commander, C. W., Elefteriadou, L., és Pardalos, P. M. Detecting critical nodes in sparse graphs. *Computers & Operations Research*, 36(7):2193–2200, 2009.

Aspnes, J., Chang, K., és Yampolskiy, A. Inoculation strategies for victims of viruses and the sum-of-squares partition problem. *Journal of Computer and System Sciences*, 72(6):1077–1093, 2006.

Berge, C. *Théorie générale des jeux à n personnes*, volume 138. Gauthier-Villars Paris, 1957.

Boginski, V. és Commander, C. W. Identifying critical nodes in protein-protein interaction networks. In *Clustering challenges in biological networks*, pages 153–167. World Scientific, 2009.

Deb, K., Pratap, A., Agarwal, S., és Meyarivan, T. A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: Nsga-ii. *IEEE transactions on evolutionary computation*, 6(2):182–197, 2002.

Deb, K., Mohan, M., és Mishra, S. Towards a quick computation of well-spread pareto-optimal solutions. In *International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization*, pages 222–236. Springer, 2003.

Gaskó, N., Suciu, M., Lung, R. I., és Dumitrescu, D. Characterization and detection of epsilon-berge zhukovskii equilibria. *arXiv preprint arXiv:1405.0355*, 2014.

Hadka, D. Platypus: A free and open source python library for multiobjective optimization. *Available on Github, vol. https://github.com/Project-Platypus/Platypus*, 2017.

Hagberg, A., Swart, P., és S Chult, D. Exploring network structure, dynamics, and function using networkx. Technical report, Los Alamos National Lab.(LANL), Los Alamos, NM (United States), 2008.

Kasat, R. B. és Gupta, S. K. Multi-objective optimization of an industrial fluidized-bed catalytic cracking unit (fccu) using genetic algorithm (ga) with the jumping genes operator. *Computers & Chemical Engineering*, 27(12):1785–1800, 2003.

Kempe, D., Kleinberg, J., és Tardos, É. Influential nodes in a diffusion model for social networks. In *International Colloquium on Automata, Languages, and Programming*, pages 1127–1138. Springer, 2005.

Knowles, J. és Corne, D. The pareto archived evolution strategy: A new baseline algorithm for pareto multiobjective optimisation. In *Proceedings of the 1999 Congress on Evolutionary Computation-CEC99 (Cat. No. 99TH8406)*, volume 1, pages 98–105. IEEE, 1999.

Kollat, J. B. és Reed, P. M. The value of online adaptive search: a performance comparison of nsgaii, ε-nsgaii and εmoea. In *International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization*, pages 386–398. Springer, 2005.

Lung, R. I. és Dumitrescu, D. Computing nash equilibria by means of evolutionary computation. *Int. J. of Computers, Communications & Control*, 3(suppl. issue):364–368, 2008.

Nash, J. Non-cooperative games. *Annals of mathematics*, pages 286–295, 1951.

Nguyen, A.-T., Reiter, S., és Rigo, P. A review on simulation-based optimization methods applied to building performance analysis. *Applied Energy*, 113:1043–1058, 2014.

Nguyen, D. T., Shen, Y., és Thai, M. T. Detecting critical nodes in interdependent power networks for vulnerability assessment. *IEEE Transactions on Smart Grid*, 4(1):151–159, 2013.

Tomaino, V., Arulselvan, A., Veltri, P., és Pardalos, P. M. Studying connectivity properties in human protein–protein interaction network in cancer pathway. In *Data Mining for Biomarker Discovery*, pages 187–197. Springer, 2012.

Ventresca, M. Global search algorithms using a combinatorial unranking-based problem representation for the critical node detection problem. *Computers & Operations Research*, 39(11):2763–2775, 2012.

Ventresca, M. és Aleman, D. Evaluation of strategies to mitigate contagion spread using social network characteristics. *Social Networks*, 35(1):75–88, 2013.

Ventresca, M. és Aleman, D. A randomized algorithm with local search for containment of pandemic disease spread. *Computers & operations research*, 48:11–19, 2014.

Ventresca, M., Harrison, K. R., és Ombuki-Berman, B. M. The bi-objective critical node detection problem. *European Journal of Operational Research*, 265(3):895–908, 2018.

Von Neumann, J. és Morgenstern, O. *Theory of games and economic behavior (commemorative edition)*. Princeton university press, 2007.

Zhukovskii, V. I. és Chikrii, A. A. Linear quadratic differential games. *Naoukova Doumka, Kiev*, 1994.

Zitzler, E. és Künzli, S. Indicator-based selection in multiobjective search. In *International conference on parallel problem solving from nature*, pages 832–842. Springer, 2004.

Zitzler, E., Laumanns, M., és Thiele, L. Spea2: Improving the strength pareto evolutionary algorithm. *TIK-report*, 103, 2001.