UNIVERSITÀ CA' FOSCARI – VENEZIA Facoltà di Scienze Matematiche, Fisiche e Naturali Corso di Laurea in Informatica

Tesi di Laurea

Laureando: Samuel Rota Bulò

Clustering con affinità asimmetriche: un approccio basato sulla teoria dei giochi

Relatore: Chiar.mo prof. Marcello Pelillo

Correlatore: Dott. Andrea Torsello

ai miei genitori per le loro nozze d'argento

Tesi di Laurea Specialistica in Informatica

Clustering con affinità asimmetriche: un approccio basato sulla teoria dei giochi

di Rota Bulò Samuel

Dipartimento di informatica
Università Ca' Foscari di Venezia
Ottobre 2005

Abstract

I tradizionali approcci al clustering presenti in letteratura lavorano sotto l'assunzione che le similarità tra gli elementi che si vogliono raggruppare siano simmetriche. Recentemente però è emersa la volontà di rilassare questo vincolo di simmetria, perché ci si è resi conto che, in molte applicazioni, le similarità vengono spesso espresse in modo più naturale attraverso misure asimmetriche [1]. I progressi fatti finora in questo senso sono tuttavia scarsi e il problema maggiore è dovuto alla difficoltà di formalizzare il concetto di gruppo in un contesto in cui le affinità tra gli elementi che lo costituiscono non sono simmetriche.

In questa tesi presenteremo un nuovo approccio al clustering in cui il concetto di gruppo viene associato a quello di equilibrio di Nash, una nozione classica della teoria dei giochi, e vedremo inoltre la sua applicazione a due importanti problemi: la ricerca della clique massima in un grafo ed il problema della salienza. I risultati sperimentali ottenuti in entrambi mostrano che il nostro approccio batte lo stato dell'arte, considerando sia metodi che utilizzano misure simmetriche, che altri approcci esplicitamente studiati per far uso di misure asimmetriche.

Indice

Teo	ria dei giochi	4	
1.1	Giochi finiti in forma normale	5	
1.2	Giochi simmetrici a due giocatori	7	
Din	amiche di replicazione	9	
2.1	Teoria dei giochi evoluzionistici	10	
2.2	Equilibri Evolutionary Stable	11	
2.3	Giochi doppiamente simmetrici ed equilibri ESS	13	
Clie	ques e Dominant Sets	14	
3.1	MCP: Maximum Clique Problem	16	
3.2	DSP: Dominant Set Problem	18	
Enu	imerazione di cliques massimali	20	
4.1	Strategie dominate	21	
4.2	L'idea	22	
Nuc	ove tecniche per MCP	27	
5.1	Alcune tecniche esistenti	27	
5.2	RTAH: Replicator Trajectory Analysis Heuristic	29	
5.3	RHE: Replicator Heuristic with Enumeration	33	
5.4	Risultati sperimentali	35	
Problema della salienza			
6.1	Misure di affinità	40	
6.2	Metodo di Herault and Horaud (HH)	44	
6.3	Metodo di Williams e Thornber (WT)	48	
	1.1 1.2 Dim 2.1 2.2 2.3 Clic 3.1 3.2 Ent 4.1 4.2 Nuc 5.1 5.2 5.3 5.4 Pro 6.1 6.2	Dinamiche di replicazione 2.1 Teoria dei giochi evoluzionistici 2.2 Equilibri Evolutionary Stable 2.3 Giochi doppiamente simmetrici ed equilibri ESS Cliques e Dominant Sets 3.1 MCP: Maximum Clique Problem 3.2 DSP: Dominant Set Problem Enumerazione di cliques massimali 4.1 Strategie dominate 4.2 L'idea Nuove tecniche per MCP 5.1 Alcune tecniche esistenti 5.2 RTAH: Replicator Trajectory Analysis Heuristic 5.3 RHE: Replicator Heuristic with Enumeration 5.4 Risultati sperimentali Problema della salienza 6.1 Misure di affinità 6.2 Metodo di Herault and Horaud (HH)	

7	Nu	ova tec	nica per il problema della salienza	53
	7.1	Nuovo	approccio	54
	7.2	Risult	ati sperimentali	57
		7.2.1	Forme geometriche con rumore di fondo casuale	58
		7.2.2	Forme naturali con rumore casuale	69
		7.2.3	Forme naturali con pattern di sfondo	73
		7.2.4	Casi reali	77
		7.2.5	Alcune note sulla misura di affinità	80
8	Cor	nclusio	ni	82
	8.1	Svilup	opi futuri	83

Elenco delle figure

1	Esempio di clustering	1
1.1	Simplesso	6
3.1	Esempi di cliques	14
3.2	Esempio di insieme dominante	15
4.1	Relazione di dominanza debole	22
5.1	RTAH su grafo san400_0.9_1	31
5.2	RTAH su grafo brock 200_1	32
5.3	RTAH su grafo p_hat1500_3	32
6.1	Edges orientati con verso e senza verso	42
6.2	Esempio di curva con cuspide	42
6.3	Matrici di affinità per edges con verso e senza verso	43
6.4	Vettore di salienza	44
6.5	Esempio di cocircolarità tra due edgels i e j	45
6.6	Esempio di smoothness	46
6.7	Grafico delle affinità per la misura di Herault e Horaud	47
6.8	Esempio di stochastic completion fiield	49
6.9	Grafico delle affinità per la misura di Williams e Thornber	52
7.1	Problema della misura di Williams e Thornber	54
7.2	Grafico della matrice di affinità di Williams e Thornber	55
7.3	Vettore di salienza ottenuto dalle dinamiche di replicazione $$.	56
7.4	Vettore di salienza ottenuto dalle dinamiche di replicazione in	
	scala logaritmica	57

7.5	Vettore di salienza ottenuto dalle dinamiche con la normaliz-	
	zazione in scala logaritmica	57
7.6	Immagini dei risultati sul cerchio	60
7.7	FNR dei test sul cerchio	61
7.8	FPR dei test sul cerchio	61
7.9	Immagini dei risultati sul triangolo	62
7.10	FNR dei test sul triangolo	63
7.11	FPR dei test sul triangolo	64
7.12	Immagini dei risultati sul quadrato	65
7.13	FNR dei test sul quadrato	66
7.14	FPR dei test sul quadrato	66
7.15	Immagini dei risultati sulla stella	67
7.16	FNR dei test sul stella	68
7.17	FPR dei test sul stella	69
7.18	Forme naturali utilizzate per i test	70
7.19	Immagini dei risultati sulla banana con rumore casuale $\ . \ . \ .$	71
7.20	Immagini dei risultati sul tamarillo con rumore casuale $\ . \ . \ .$	72
7.21	Immagini dei risultati sulla patata con rumore casuale	73
7.22	Pattern utilizzato per i test	74
7.23	Immagini dei risultati sulla banana con pattern di sfondo	75
7.24	Immagini dei risultati sul tamarillo con pattern di sfondo \dots	76
7.25	Immagini dei risultati sulla patata con pattern di sfondo	77
7.26	Immagini dei risultati sul caso reale del deltaplano	78
7.27	Immagini dei risultati sul caso reale dell'elefante	79
7.28	Metodo di NASH con misura di Herault e Horaud	80

Elenco delle tabelle

5.1	Pseudo codice dell'algoritmo New-Best-In	28
5.2	Pseudo codice dell'algoritmo RHE	34
5.3	Risultati sperimentali per il problema MCP ottenuti con RHE	
	e RTAH su grafi benchmark della DIMACS	36
5.3	Risultati sperimentali per il problema MCP ottenuti con RHE	
	e RTAH su grafi benchmark della DIMACS	37

Notazioni

R insieme dei numeri reali

 $\times_i A_i$ prodotto cartesiano degli insiemi A_i

 $x \to a$ indica che un certo termine x tende ad un altro termine a

|A| cardinalità di un insieme A

 $f: A \to B$ funzione f con dominio A e codominio B

 $\mathbf{x}, \mathbf{y}, \mathbf{z}, \cdots$ lettere in grassetto rappresentano vettori

 $\|\mathbf{x}\|$ norma euclidea di \mathbf{x} . Equivale a $\sqrt{\mathbf{x}'\mathbf{x}}$

 \mathbf{x}' trasposizione di un vettore \mathbf{x}

 x_i i-esima componente del vettore \mathbf{x}

 $\sigma(\mathbf{x})$ supporto del vettore \mathbf{x} (vedi 1.1)

e vettore con tutte le componenti unitarie

 \mathbf{e}^{i} vettore con tutte le componenti nulle ad eccezione dell'i-esima che è

unitaria

 $\dot{\mathbf{x}}$ derivata del vettore \mathbf{x} rispetto al tempo. Equivale a $\frac{d\mathbf{x}}{dt}$

 $\mathbf{x}(t)$ vettore di stato di un sistema dinamico al tempo t

 \mathbf{x}^{C} vettore caratteristico dell'insieme C (vedi 3.8)

 $\xi(t, \mathbf{x}^0)$ stato della dinamica al tempo t, considerando \mathbf{x}^0 il punto di partenza

 A_G matrice di adiacenza di un grafo G

I matrice identica

M' trasposizione di una matrice M

 $\beta^*(\mathbf{x})$ insieme di best replies a \mathbf{x} (vedi 1.9)

 Δ_i simplesso del giocatore i (vedi 1.2)

 Δ simplesso in un gioco simmetrico a due giocatori

 Δ^{NE} insieme degli equilibri di Nash simmetrici (vedi 1.11)

 Δ^o insieme dei punti stazionari (vedi 2.4)

 Δ^{ESS} insieme degli equilibri Evolutionary Stable (vedi 2.7)

 Θ spazio delle strategie miste dato da $\times_i \Delta_i$

 $u_i(\mathbf{x})$ payoff del giocatore i in seguito alla giocata del profilo strategico \mathbf{x}

(vedi 1.6)

 $u(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)$ payoff in un gioco simmetrico a due giocatori, in cui il primo giocatore

utilizza la strategia mista \mathbf{x}_1 e il secondo la strategia mista \mathbf{x}_2

 $\dot{u}(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)$ derivata della funzione u rispetto al tempo. Equivale a $\frac{d[u(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)]}{dt}$

 $u_{\alpha}(\mathbf{x}_q, \mathbf{x}_2)$ funzione di payoff parametrica rispetto ad α

 $u_M(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)$ funzione di payoff che considera M la matrice di payoff

Introduzione

Il clustering può essere considerato il più importante problema di apprendimento non supervisionato in quanto trova innumerevoli applicazioni in svariati campi del sapere. L'obiettivo che si pone è organizzare dei dati non classificati in gruppi, i cui membri sono simili per un qualche criterio. Un cluster è quindi una collezione di oggetti che sono simili tra di loro, e dissimili dagli oggetti appartenenti ad altri cluster.

Un esempio di clustering lo vediamo in figura 1. In questo esempio rius-

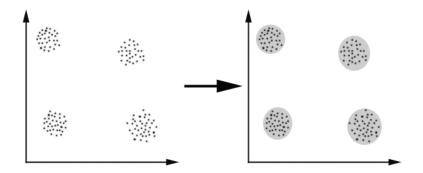


Figura 1: Esempio di clustering.

ciamo ad identificare facilmente i quattro cluster nei quali possono essere suddivisi i dati e il criterio di similarità usato è la distanza, quindi due oggetti fanno parte di uno stesso cluster solo se sono sufficientemente vicini tra di loro. Questo tipo di clustering è detto distance-based, ovvero basato sulla distanza. Troviamo anche altri tipi di clustering come il conceptual clustering che organizza assieme oggetti che definiscono un concetto comune; in questo

caso non abbiamo una vera e propria misura di affinità, bensì una serie di concetti descrittivi cui devono corrispondere gli oggetti.

Non sempre è facile ed intuitivo trovare un raggruppamento per i dati, come invece lo era per l'esempio visto, in quanto è difficile stabilire cosa costituisce un "buon clustering" e cosa no. In generale possiamo affermare che non esiste un criterio che sia migliore di tutti gli altri, ed è l'utente che ha l'onere di fornirne uno in modo che i risultati del clustering soddisfino le sue esigenze.

Il criterio di similarità che deve essere fornito per poter fare un clustering dei dati può essere visto come una funzione ϕ che dati due oggetti ritorna la loro similarità. Questa misura è simmetrica se per una qualunque coppia di oggetti (a,b) abbiamo che $\phi(a,b) = \phi(b,a)$ altrimenti è asimmetrica.

Gli approcci tradizionali al clustering hanno sempre assunto che le similarità soddisfassero proprietà metriche: simmetria, non negatività e disuguaglianza triangolare. Tuttavia recentemente è emerso l'interesse di rilassare questi requisiti [2] dal momento che, in molte applicazioni, le similarità vengono espresse naturalmente da misure asimmetriche [1]. In particolare, alcuni ricercatori ritengono che la percezione umana non soddisfi proprietà metriche. Sebbene in letteratura troviamo diversi approcci al clustering funzionanti anche in assenza dei vincoli di non negatività e disuguaglianza triangolare [1, 3], pochi progressi sono stati fatti nel rilassare anche il vincolo di simmetria. Questo limite tuttavia non è dovuto ad una mancanza di interesse, dal momento che misure di affinità asimmetriche sorgono naturalmente in diverse aree. Un esempio comune è la distanza di Hausdroff tra insiemi, ma possiamo trovarne anche altre in diversi campi tra cui il raggruppamento percettivo [1].

Nonostante sia facile imbattersi in misure di affinità asimmetriche, è molto più difficile definire il concetto di cluster quando viene meno la simmetria e per questo non troviamo approcci generici al clustering che utilizzano misure asimmetriche. Un metodo classico per eludere il problema dell'asimmetria è quello della simmetrizzazione della misura, effettuata tipicamente prendendo il massimo, il minimo o la media degli elementi simmetrici. Il problema però di questa soluzione è la perdita di informazioni che risiedono nell'asimmetria.

Introduzione

In questa tesi vedremo un nuovo metodo di clustering basato sulla teoria dei giochi che funziona bene sia con misure di similarità simmetriche che asimmetriche. L'idea è quella di trattare il problema come un gioco in cui gli elementi competono per entrare a far parte di un cluster. Un cluster in questo modo viene formalizzato come uno stato di equilibrio del gioco.

Il primo capitolo di questa tesi presenta un'introduzione alla teoria dei giochi, con le definizioni e i concetti che verranno utilizzati nel resto del documento. Nel secondo capitolo vedremo le dinamiche di replicazione, ovvero lo strumento matematico a nostra disposizione per trovare gli equilibri di un gioco. Vedremo come questi stati di equilibrio, in presenza di misure di affinità simmetriche, si caratterizzano come clique (nel caso di affinità binarie) e dominant set (nel caso di affinità continue), due concetti che approfondiremo nel terzo capitolo. A questo punto la tesi dedica i successivi quattro capitoli a due importanti problemi che possiamo considerare di clustering: il primo consiste nel Maximum Clique Problem (MCP), uno dei più importanti problemi NP completi, e il secondo consiste nel problema della salienza. Nel quinto capitolo vedremo come il nostro approccio possa essere utilizzato per enumerare le cliques massimali di un grafo non orientato e vedremo un'applicazione di questa tecnica, nel sesto capitolo, per risolvere in modo approssimato MCP. Infine nei capitoli sesto e settimo, introduciamo il problema della salienza, e analizzeremo i risultati sperimentali ottenuti, utilizzando il nostro approccio con la misura di affinità asimmetrica di Williams e Thornber [1].

I principali contributi personali alla tesi sono stati: a) il teorema principale del capitolo 4, che definisce una misura di affinità asimmetrica binaria per utilizzare la teoria dei giochi nell'enumerazione di cliques massimali, b) una tecnica che consente di estrarre cliques massimali analizzando la traiettoria di convergenza delle dinamiche di replicazione, c) una metodo per estrarre il vettore di salienza dallo stato di convergenza delle dinamiche di replicazione applicate alla misura di Williams e Thornber, d) l'insieme di test condotti sul problema MCP e sul problema della salienza.

Capitolo 1

Teoria dei giochi

La teoria dei giochi analizza le decisioni individuali in situazioni in cui vi sono iterazioni tra agenti¹ diversi, tali per cui le decisioni di un agente possono influire sui risultati conseguibili da parte dei rivali.

Queste situazioni conflittuali possiamo vederle come dei giochi, caratterizzati da tre componenti

giocatori, gli agenti che partecipano al conflitto;

strategie, le possibili azioni o decisioni che ciascun agente può prendere;

utilità o payoff , il beneficio che un giocatore ottiene nel adottare una certa strategia in un dato contesto di $gioco^2$.

In questo capitolo vedremo la parte di teoria dei giochi che è necessario conoscere per comprendere il funzionamento del nostro approccio al clustering con affinità asimmetriche. Nella prima parte vedremo alcune nozioni legate ai giochi finiti in forma normale, per poi concentrarci, nella parte restante, sui giochi simmetrici a due giocatori.

¹un agente è un entità che partecipa al processo decisionale.

²con contesto di gioco intendiamo l'insieme di strategie giocate da ciascun agente.

1.1 Giochi finiti in forma normale

Un gioco finito in forma normale consiste in un insieme $I = \{1, 2, \dots n\}$ di individui ciascuno dei quali ha associato un insieme di strategie pure $S_i = \{1, 2, \dots, m_i\}$ con $m_i \geq 2$. L'insieme delle strategie pure s_i giocate dagli individui in un dato istante forma un profilo strategico puro $\mathbf{s} = (s_1, s_2, \dots, s_n)$ e l'insieme dei profili strategici puri forma lo spazio delle strategie pure $S = \times_i S_i$.

In seguito alla giocata di un profilo strategico $\mathbf{s} \in S$ ciascun individuo $i \in I$ ottiene un payoff. Con il termine payoff indichiamo una quantificazione del beneficio che un individuo ha in seguito ad una giocata; in economia il payoff può denotare il profitto di un impresa o l'utilità di un consumatore. Rappresentiamo il payoff dell'i-esimo giocatore come una funzione $\pi_i : S \to \Re$. La funzione di payoff combinata $\pi : S \to \Re^n$ assegna a ogni profilo strategico puro \mathbf{s} il vettore di payoffs $\pi(\mathbf{s}) = (\pi_1(\mathbf{s}), \pi_2(\mathbf{s}), \cdots, \pi_n(\mathbf{s}))$.

Nel caso speciale di giochi a due giocatori, è utile rappresentare le due funzioni di payoff in forma matriciale assegnando al primo giocatore la matrice di payoff $A = (a_{hk})$ dove $a_{hk} = \pi_1(h, k)$, per ogni $h, k \in S_1$; al secondo giocatore la matrice $B = (b_{hk})$ dove $b_{hk} = \pi_2(h, k)$, per ogni $h, k \in S_2$. Ogni riga di ciascuna delle due matrici corrisponde quindi ad una strategia pura giocata dal giocatore 1, ogni colonna invece corrisponde ad una strategia pura giocata dal giocatore 2.

Possiamo a questo punto rappresentare un gioco in forma normale come una tripletta $G = (I, S, \pi)$ dove I è l'insieme di individui, S è lo spazio delle strategie pure e π é la funzione di payoff combinata.

Supponiamo ora che ciascun giocatore i decida la strategia pura da usare in base ad una distribuzione di probabilità sull'insieme di strategie pure S_i . Possiamo rappresentare questa distribuzione con un vettore m_i -dimensionale \mathbf{x}_i nello spazio \Re^{m_i} . La componente x_{ih} rappresenterà la probabilità che la strategia pura h sia usata dal giocatore i.

L'insieme delle componenti di \mathbf{x}_i a cui sono state assegnate probabilità

non nulle forma il *supporto* di \mathbf{x}_i

$$\sigma(\mathbf{x}_i) = \{ h \in S_i : x_{ih} > 0 \} \tag{1.1}$$

Trattandosi di distribuzioni di probabilità abbiamo che ciascuna componente x_{ih} con $h = \{1, 2, ...\}$ è positiva e la loro somma da uno, quindi il vettore appartiene al simplesso unitario Δ_i m_i -dimensionale.

$$\Delta_i = \{ x_i \in \Re_+^{m_i} : \mathbf{e}' \mathbf{x}_i = 1 \}$$

$$\tag{1.2}$$

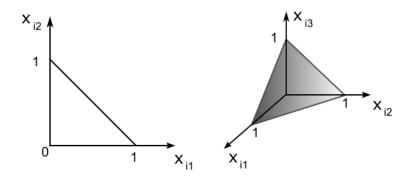


Figura 1.1: A sinistra il simplesso a due dimensioni. A destra il simplesso a tre dimensioni.

Una strategia pura h può essere vista come una strategia mista estrema \mathbf{x}_i che assegna cioè probabilità uno alla componente x_{ih} e zero a tutte le altre, ovvero $\mathbf{x}_i = \mathbf{e}_i^h$. Ogni strategia nel simplesso unitario può essere espressa come combinazione lineare di strategie miste estreme, ovvero di vettori unità \mathbf{e}_i^h .

$$\mathbf{x}_i = \sum_{h=1}^{m_i} x_{ih} \mathbf{e}_i^h \tag{1.3}$$

Definiamo faccia di Δ_i la combinazione lineare convessa di un sottoinsieme non nullo di strategie pure; interno di Δ_i , l'insieme

$$int(\Delta_i) = \{ \mathbf{x}_i \in \Delta_i : x_{ih} > 0, \quad \forall h \}$$
 (1.4)

e contorno di Δ_i l'insieme $bd(\Delta_i) = \Delta_i \setminus int(\Delta_i)$.

Definiamo profilo strategico misto il vettore $\mathbf{x} = (\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_n)$ dove ogni i-esima componente è una strategia mista del giocatore i; spazio delle strategie miste $\Theta = \times_i \Delta_i$, il prodotto cartesiano dei profili strategici misti.

La probabilità che un profilo strategico puro \mathbf{s} sia usato, quando viene giocato un profilo strategico misto \mathbf{x} , è data da

$$\mathbf{x}(\mathbf{s}) = \prod_{i=1}^{n} x_{is_i} \tag{1.5}$$

Quindi il payoff del giocatore i in seguito alla giocata di un profilo strategico $\mathbf x$ è dato da

$$u_i(\mathbf{x}) = \sum_{\mathbf{s} \in S} \mathbf{x}(\mathbf{s}) \pi_i(\mathbf{s}) \tag{1.6}$$

A questo punto abbiamo tutti gli elementi per definire formalmente un gioco con strategie miste come una tripletta $G = (I, \Theta, u)$ dove I è l'insieme dei giocatori, Θ è lo spazio delle strategie miste e u è la nuova funzione di payoff per strategie miste. Nel caso speciale di giochi a due giocatori, è possibile, come già fatto notare per i giochi a strategie pure, rappresentare la funzione di payoff con una coppia di matrici (A,B) dove A (B) è la matrice di payoff del giocatore I(2). Quindi per un qualunque profilo strategico misto $\mathbf{x} = (\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) \in \Theta$ abbiamo che

$$u_1(\mathbf{x}) = \mathbf{x}_1 A \mathbf{x}_2 \tag{1.7}$$

е

$$u_2(\mathbf{x}) = \mathbf{x}_2 B' \mathbf{x}_1 \tag{1.8}$$

1.2 Giochi simmetrici a due giocatori

Definiamo un gioco $G = (I, \Theta, u)$ simmetrico a due giocatori se $I = \{1, 2\}$, $\Delta_1 = \Delta_2$ e $u_2(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) = u_1(\mathbf{x}_2, \mathbf{x}_1)$, $\forall (\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) \in \Theta$. Dal momento che $u_2(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) = u_1(\mathbf{x}_2, \mathbf{x}_1)$ consideremo d'ora in avanti un unica funzione di pay-

off $u(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2)$ dove $(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) \in \Theta$ e allo stesso modo dal momento che $\Delta_1 = \Delta_2$ considereremo un unico simplesso Δ valido per entrambi i giocatori.

Diciamo che una strategia $x \in \Delta$ è debolmente dominata da una strategia $y \in \Delta$ se $u(\mathbf{y}, \mathbf{z}) \geq u(\mathbf{x}, \mathbf{z}), \, \forall \mathbf{z} \in \Delta$; è fortemente dominata (o strettamente dominata) da una strategia $y \in \Delta$ se $u(\mathbf{y}, \mathbf{z}) > u(\mathbf{x}, \mathbf{z}), \, \forall \mathbf{z} \in \Delta$; è non dominata se non esiste alcuna strategia $\mathbf{y} \in \Delta$ che la domina debolmente.

Analizziamo ora un altro concetto importante, quello di best reply. Data una strategia $\mathbf{y} \in \Delta$ possiamo creare un insieme di strategie che se giocate contro \mathbf{y} ottengono un payoff maggiore o uguale. Formalmente definiamo l'insieme di best replies a $\mathbf{y} \in \Delta$ nel sequente modo

$$\beta^*(\mathbf{y}) = \{ \mathbf{x} \in \Delta : u(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \ge u(\mathbf{z}, \mathbf{y}), \quad \forall \mathbf{z} \in \Delta \}$$
 (1.9)

Considerando giochi simmetrici a due giocatori, un profilo strategico $(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \in \Theta$ è un equilibrio di Nash sse $\mathbf{x} \in \beta^*(\mathbf{y})$ e $\mathbf{y} \in \beta^*(\mathbf{x})$. Un profilo strategico $(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \in \Theta$ è un equilibrio di Nash stretto sse $\beta^*(\mathbf{y}) = \{\mathbf{x}\}$ e $\beta^*(\mathbf{x}) = \{\mathbf{y}\}$. L'insieme degli equilibri di Nash lo rappresentiamo con Θ^{NE} .

Un sottoinsieme importante di Θ^{NE} è quello formato dagli equilibri di Nash simmetrici ovvero coppie del tipo $(\mathbf{x}, \mathbf{x}) \in \Theta^{NE}$. L'insieme delle strategie che sono in equilibrio di Nash con se stesse lo rappresentiamo con Δ^{NE}

$$\Delta^{NE} = \{ \mathbf{x} \in \Delta : (\mathbf{x}, \mathbf{x}) \in \Theta^{NE} \}$$
 (1.10)

Un altro modo utile per rappresentare l'insieme Δ^{NE} è il seguente

$$\Delta^{NE} = \{ \mathbf{x} \in \Delta : u(\mathbf{e}^i, \mathbf{x}) = \max_{\mathbf{z} \in \Delta} u(\mathbf{z}, \mathbf{x}), \quad \forall i \in \sigma(\mathbf{x}) \}$$
 (1.11)

Si può dimostrare che per un qualunque gioco finito $\Theta^{NE} \neq \emptyset$ e che per un qualunque gioco finito e simmetrico a due giocatori $\Delta^{NE} \neq \emptyset$.

Capitolo 2

Dinamiche di replicazione

Le dinamiche di replicazione sono una classe di sistemi dinamici studiati nel contesto della teoria dei giochi evoluzionistici, una disciplina nata da J. Maynard Smith [4] con l'obiettivo di modellare l'evoluzione del comportamento animale utilizzando i principi e i mezzi della teoria dei giochi. Consideriamo una popolazione grande, idealmente infinita, appartenente alla stessa specie che compete per un particolare insieme di risorse limitate, come cibo, territorio, etc Supponiamo inoltre che ciascun individuo sia preprogrammato ad una particolare strategia pura. Possiamo modellare questo tipo di conflitto come un gioco in cui iterativamente vengono estratti a caso due giocatori dalla popolazione e fatti competere. La vittoria del gioco contribuisce alla sopravvivenza della specie, in quanto il payoff in questo contesto rappresenta il successo riproduttivo. La riproduzione avviene in modo asessuato per cui, a meno di mutazioni, ogni nuovo nascituro sarà un clone del genitore, ovvero, nel nostro caso, programmato alla sua stessa strategia pura. Nell'evolversi della dinamica avremo che, per il principio di selezione naturale, gli individui più forti, che hanno cioè adottato una strategia migliore, tenderanno a dominare gli individui più deboli, con la conseguente estinzione di questi ultimi.

2.1 Teoria dei giochi evoluzionistici

Consideriamo una grande popolazione di individui programmati a strategie pure $i \in K$ e sia $G = (\{1,2\}, \Theta, u)$ un gioco simmetrico a due giocatori. Sia $\mathbf{x}(t) \in \Delta$ il vettore che rappresenta lo stato della popolazione al tempo t dove $x_i(t)$ è la percentuale di popolazione programmata alla strategia pura i. Prendiamo un individuo A programmato a giocare la strategia i, estraiamo a caso un avversario dalla popolazione, e li facciamo partecipare al gioco G; allora il payoff atteso che otterrà l'individuo A sarà $u(\mathbf{e}^i, \mathbf{x})$. Se ora consideriamo anche A estratto a caso dalla popolazione, allora il payoff atteso che ottiene un individuo programmato alla strategia pura i è $x_i u(\mathbf{e}^i, \mathbf{x})$. Infine il payoff medio della popolazione, ovvero quello che otterrebbe un individuo generico estratto dalla popolazione è

$$u(\mathbf{x}, \mathbf{x}) = \sum_{i=1}^{k} x_i u(\mathbf{e}^i, \mathbf{x})$$
 (2.1)

ovvero lo stesso payoff che si otterrebbe se si giocasse la strategia mista ${\bf x}$ contro se stessa.

Nella teoria dei giochi evoluzionistici si fa l'assunzione che la popolazione giochi iterativamente generazione dopo generazione e che l'azione della selezione naturale porti alla sopravvivenza delle strategie più forti, o nel nostro caso di quelle con payoff maggiore. Dinamiche di questo tipo possono essere descritte da un insieme di equazioni differenziali ordinarie del tipo

$$\dot{x}_i = g_i(\mathbf{x})x_i, \qquad \forall i \tag{2.2}$$

dove $g_i(\mathbf{x})$ specifica il fattore di replicazione delle strategie pure i quando la popolazione si trova nello stato \mathbf{x} . Generalmente è richiesto che $g = (g_1, g_2, \dots, g_n)$ sia regolare ovvero $g \in C^1$ e che $g(\mathbf{x})$ sia ortogonale a \mathbf{x} ovvero $g(\mathbf{x})^T\mathbf{x} = 0$. Ciò garantisce l'unicità della soluzione a partire da un qualunque stato iniziale e che una qualunque traiettoria che inizia in Δ rimanga in Δ .

Un punto \mathbf{x} è stazionario se $\dot{x}_i = 0$, $\forall i$. Un punto stazionario è asintot-

icamente stabile se qualunque traiettoria, che inizia sufficientemente vicino ad \mathbf{x} , converge a \mathbf{x} quando $t \longrightarrow \infty$.

Se consideriamo $g_i(\mathbf{x}) = u(\mathbf{e}^i, \mathbf{x}) - u(\mathbf{x}, \mathbf{x})$ otteniamo le equazioni di replicazione standard

$$\dot{x}_i = \left[u(\mathbf{e}^i, \mathbf{x}) - u(\mathbf{x}, \mathbf{x}) \right] x_i, \qquad \forall i$$
(2.3)

I punti stazionari di questa dinamica li otteniamo se e solo se tutte le strategie nel supporto di \mathbf{x} ottengono lo stesso payoff. Denotiamo con Δ^o l'insieme dei punti stazionari di (2.3).

$$\Delta^{o} = \{ \mathbf{x} \in \Delta : u(\mathbf{e}^{i}, \mathbf{x}) = u(\mathbf{x}, \mathbf{x}), \quad \forall i \in \sigma(\mathbf{x}) \}$$
 (2.4)

Se riguardiamo la definizione (1.11) di Δ^{NE} possiamo vedere una certa analogia con (2.4) e questo ci porta a pensare che vi sia una relazione fra i due insiemi. Se supponiamo che $\mathbf{x} \in \Delta^{NE}$ abbiamo che $u(\mathbf{e}^i, \mathbf{x}) = \max_{\mathbf{z} \in \Delta} u(\mathbf{z}, \mathbf{x})$, $\forall i \in \sigma(\mathbf{x})$. A questo punto con pochi passaggi riusciamo a dimostrare che $\mathbf{x} \in \Delta^o$.

$$u(\mathbf{x}, \mathbf{x}) = \sum_{j=1}^{k} u(\mathbf{e}^{j}, \mathbf{x}) x_{j} = \sum_{j \in \sigma(\mathbf{x})} u(\mathbf{e}^{j}, \mathbf{x}) x_{j} = \max_{\mathbf{z} \in \Delta} u(\mathbf{z}, \mathbf{x})$$
(2.5)

Quindi $\Delta^{NE} \subset \Delta^o$. Non vale tuttavia il contrario.

2.2 Equilibri Evolutionary Stable

Supponiamo ora che un piccolo gruppo di mutanti appaia in una grande popolazione di individui programmata a giocare la stessa strategia $\mathbf{x} \in \Delta$ (strategia incombente). Supponiamo che i mutati siano programmati a giocare una strategia $\mathbf{y} \in \Delta$ (strategia mutante). Sia ϵ la frazione di mutanti con $\epsilon \in (0,1)$. Coppie di individui vengono scegli casualmente a giocare in base ad una distribuzione di probabilità uniforme. Se un individuo viene scelto allora la probabilità che questo si scontri con un mutante è ϵ mentre la probabilità che l'avversario non lo sia è $(1-\epsilon)$. Il payoff che un individuo

ottiene in questa popolazione è lo stesso che otterrebbe se si scontrasse con un individuo programmato a giocare la strategia $\mathbf{w} = \epsilon \mathbf{y} + (1 - \epsilon)\mathbf{x} \in \Delta$. Quindi un individuo della popolazione originale otterrebbe un payoff pari a $u(\mathbf{x}, \mathbf{w})$, mentre un mutante otterrebbe un payoff pari a $u(\mathbf{y}, \mathbf{w})$. Da un punto di vista biologico ci aspettiamo che l'evoluzione forzi una selezione contro gli individui mutanti solo se la strategia mutante ottiene un payoff inferiore rispetto a quella incombente,

$$u[\mathbf{x}, \epsilon \mathbf{y} + (1 - \epsilon)\mathbf{x}] > u[\mathbf{y}, \epsilon \mathbf{y} + (1 - \epsilon)\mathbf{x}]$$
 (2.6)

Una strategia $\mathbf{x} \in \Delta$ è detta evolutionary stable (ESS) se per ogni $\mathbf{y} \neq \mathbf{x}$ esiste un qualche $\bar{\epsilon}_y \in (0,1)$ tale che la disuguaglianza (2.6) tiene per ogni $\epsilon \in (0,\bar{\epsilon}_y)$. Definiamo Δ^{ESS} l'insieme delle strategie ESS. È facile verificare che $\Delta^{ESS} \subset \Delta^{NE}$. Formalmente possiamo definire l'insieme delle strategie ESS come

$$\Delta^{ESS} = \{ \mathbf{x} \in \Delta^{NE} : u(\mathbf{y}, \mathbf{y}) < u(\mathbf{x}, \mathbf{y}), \quad \forall \mathbf{y} \in \beta^*(\mathbf{x}), \quad \mathbf{y} \neq \mathbf{x} \}$$
 (2.7)

o in modo del tutto equivalente $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$ sse

$$u(\mathbf{y}, \mathbf{x}) \le u(\mathbf{x}, \mathbf{x})$$
 $\forall \mathbf{y}$ (2.8)

$$u(\mathbf{y}, \mathbf{x}) = u(\mathbf{x}, \mathbf{x}) \Rightarrow u(\mathbf{y}, \mathbf{y}) < u(\mathbf{x}, \mathbf{y})$$
 $\forall \mathbf{y} \neq \mathbf{x}$ (2.9)

Vediamo ora alcuni importanti risultati riguardanti gli stati asintoticamente stabili nelle dinamiche di replicazione.

Proposizione 1 Se $\mathbf{x} \in \Delta$ è asintoticamente stabile, allora $\mathbf{x} \in \Delta^{NE}$.

Questo risultato ci garantisce che se con le dinamiche di replicazione arriviamo in uno stato \mathbf{x} e questo rimane stabile se sottoposto a piccole perturbazioni, allora \mathbf{x} è un equilibrio di Nash. Tuttavia il fatto che il contrario non valga significa che esistono giochi privi di stati asintoticamente stabili, per i quali quindi è più problematica la ricerca di un equilibrio di Nash.

Proposizione 2 Se $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$ allora \mathbf{x} è asintoticamente stabile.

Gli equilibri ESS sono quindi particolarmente interessanti perché godono della stabilità asintotica, ma anche in questo caso, purtroppo, non possiamo affermare che esista una corrispondenza uno ad uno tra equilibri ESS e stati asintoticamente stabili.

Vediamo ora nella sezione successiva, invece, un interessante risultato che lega gli equilibri ESS ai giochi doppiamente simmetrici.

2.3 Giochi doppiamente simmetrici ed equilibri ESS

Un gioco $G = (I, \Theta, u)$ a due giocatori è detto doppiamente simmetrico se è simmetrico e $\forall (\mathbf{x}, \mathbf{y}) \in \Theta, u(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = u(\mathbf{y}, \mathbf{x}).$

Losrt e Akin (1983) mostrarono che il teorema fondamentale di selezione naturale¹ si applica a tutti i giochi doppiamente simmetrici. Essi mostrarono che in questi giochi, con le dinamiche di replicazione, il payoff medio della popolazione cresce lungo tutti i cammini di soluzione non stazionari; formalmente mostrarono che $\dot{u}(\mathbf{x}, \mathbf{x}) \geq 0$ con l'uguaglianza sse $\mathbf{x} \in \Delta^o$.

Come conseguenza di questi risultati otteniamo la seguente caratterizzazione degli stati asintoticamente stabili per i giochi doppiamente simmetrici.

Proposizione 3 Per un qualunque gioco doppiamente simmetrico le seguenti affermazioni sono equivalenti:

- 1. $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$:
- 2. $\mathbf{x} \in \Delta$ è un massimo locale di $u(\mathbf{x}, \mathbf{x})$ in Δ ;
- 3. $\mathbf{x} \in \Delta$ è asintoticamente stabile nelle dinamiche di replicazione.

Vedremo nel capitolo successivo come questo particolare legame tra giochi doppiamente simmetrici ed equilibri ESS, torni utile per risolvere in modo approssimato una classe importante di problemi.

¹Il teorema fondamentale di selezione naturale afferma che se c'è selezione naturale, il fitness (payoff) medio di una popolazione tende ad aumentare

Capitolo 3

Cliques e Dominant Sets

Sia G=(V,E) un grafo non orientato e non pesato, dove V è l'insieme di vertici e $E\subseteq V\times V$ l'insieme di archi. Sia G'=(C,E') un sottografo completo di G, ovvero tale per cui $C\subseteq V$, $E'\subseteq E$ e $\forall i,j\in C$ con $i\neq j$, $(i,j)\in E'$. Allora C è una clique di G. Una clique C è massimale se non è contenuta in nessun altra clique. Una clique C di G è massima se $\forall C'$ clique massimale di G, $|C'|\leq |C|$.

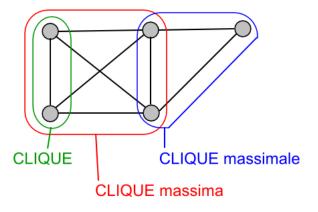


Figura 3.1: Esempi di cliques.

Una generalizzazione del concetto di clique al caso di grafi con archi pesati la troviamo in [5], dove viene introdotto il concetto di *insieme dominante*.

Consideriamo un grafo G=(V,E,w) non orientato e pesato, dove V è l'insieme di vertici, $E\subseteq V\times V$ l'insieme di archi e $w:E\to\Re_+$ è la funzione

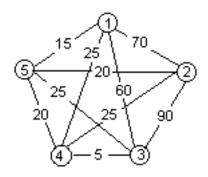


Figura 3.2: Il sottoinsieme $\{1, 2, 3\}$ è dominante.

peso. Rappresentiamo G con la sua matrice di adiacenza simmetrica e pesata

$$a_{ij} = \begin{cases} w(i,j), & \text{se } (i,j) \in E \\ 0, & \text{altrimenti} \end{cases}$$
 (3.1)

Anzichè parlare di clique, nel caso pesato, parliamo di insiemi dominanti, ovvero insiemi di vertici che hanno alta omogeneità interna e alta disomogeneità verso l'esterno. Sia $S\subseteq V$ un sottoinsieme non vuoto di vertici e $i\in S$. Il peso medio di i rispetto a S è definito da

$$awdeg_S(i) = \frac{1}{|S|} \sum_{j \in S} a_{ij}$$
(3.2)

Se $j \neq S$ definiamo

$$\phi_S(i,j) = a_{ij} - awdeg_S(i) \tag{3.3}$$

la misura di similarità tra il nodo j e i rispetto alla similarità media tra i e S.

Sia $S\subseteq V$ un sottoinsieme di vertici non nullo e $i\in S.$ Il peso di irispetto ad S è

$$w_S(i) = \begin{cases} 1, & \text{se } |S| = 1\\ \sum_{j \in S \setminus \{i\}} \phi_{S \setminus \{i\}}(j, i) w_{S \setminus \{i\}}(j), & \text{altrimenti} \end{cases}$$
(3.4)

Il peso totale di S è definito come

$$W(S) = \sum_{i \in S} w_S(i) \tag{3.5}$$

Un sottoinsieme non vuoto di vertici $S \subseteq V$ tale che W(T) > 0 per un qualunque $T \subseteq S$ non vuoto, è detto dominante se:

- 1. $w_S(i) > 0, \forall i \in S$
- 2. $w_{S \cup \{i\}}(i) < 0, \forall i \notin S$

Vediamo ora come la teoria di Nash possa essere utilizzata per risolvere in modo approssimato due importanti classi di problemi, quali la ricerca di clique massime (MCP) e di insieme dominanti (DSP).

3.1 MCP: Maximum Clique Problem

Il problema della ricerca di clique massime (MCP) è uno dei più importanti problemi di ottimizzazione combinatoria dal momento che fu uno dei primi ad essere classificato NP-completo e ha innumerevoli applicazioni in svariati campi. Nel 1965 Motzkin e Strauss [6] stabilirono una connessione tra MCP e un particolare problema di programmazione quadratica. Consideriamo la seguente funzione quadratica:

$$f_G(\mathbf{x}) = \mathbf{x}' A_G \mathbf{x}. \tag{3.6}$$

dove A_G è la matrice di adiacenza di un grafo G non orientato e non pesato, e sia \mathbf{x}^* un massimo globale di f_G in $\mathbf{x} \in \Delta$. Motzkin e Srauss mostrarono che la cardinalità della clique massima è legata a $f_G(\mathbf{x}^*)$ dalla formula

$$\omega(G) = \frac{1}{1 - f_G(\mathbf{x}^*)} \tag{3.7}$$

In più dimostrarono che un sottoinsieme C di vertici è una clique massima sse il suo vettore caratteristico $\mathbf{x}^C \in \Delta$, definito come

$$x_i^C = \begin{cases} \frac{1}{|C|}, & \text{se } i \in C \\ 0, & \text{altrimenti} \end{cases}$$
 (3.8)

è un massimo globale per f_G in Δ . In [7, 8] il teorema di Motzkin e Srauss è stato esteso mostrando una caratterizzazione delle clique massimali in termini di massimi locali di f_G in Δ e in [9] venne proposta la seguente variante a (3.6)

$$f_G^{\alpha}(\mathbf{x}) = \mathbf{x}'(A_G + \alpha I)\mathbf{x}. \tag{3.9}$$

per cui vale la seguente proposizione.

Proposizione 4 Per un qualunque $0 < \alpha < 1$, C è una clique massimale di G sse \mathbf{x}^C è un massimo locale di f_G^{α} in Δ . In più ogni massimo locale è stretto ed è un vettore caratteristico di qualche clique massimale di G.

La seguente proposizione stabilisce delle relazioni tra la teoria dei giochi e la ricerca di clique massimali in un grafo.

Proposizione 5 Sia $(\{1,2\}, \Theta, u_{\alpha})$ un gioco doppiamente simmetrico con matrice di payoff $A_G + \alpha I$ con $0 < \alpha < 1$, dove A_G è la matrice di adiacenza di un grafo G non orientato e non pesato. Allora valgono le seguenti affermazioni

- 1. $\mathbf{x} \in \Delta$ è asintoticamente stabile nelle dinamiche di replicazione.
- 2. $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$
- 3. $\mathbf{x} \in \Delta$ è un massimo locale stretto di $u_{\alpha}(\mathbf{x}, \mathbf{x})$ in Δ
- 4. $\mathbf{x} = \mathbf{x}^C$ con C clique massimale di G.

 $Dimostrazione. \ \ Immediata da proposizioni \ 3 \ e \ 4.$

Quindi la ricerca di clique massimali di un grafo non pesato e non orientato G, corrisponde a trovare equilibri di Nash asintoticamente stabili nel gioco ($\{1,2\}, \Theta, u_{\alpha}$) e le dinamiche di replicazione come abbiamo visto, sono un ottimo strumento a nostra disposizione per perseguire questo scopo.

3.2 DSP: Dominant Set Problem

In [5] troviamo una generalizzazione dei risultati della sezione precedente che utilizza grafi non orientati e pesati negli archi in cui il concetto di clique massimale viene sostituito da quello di insieme dominante.

Dato un grafo pesato G = (V, E, w) e la sua matrice di adiacenza pesata A_G , consideriamo il seguente programma quadratico standard, che è una generalizzazione del programma di Motzkin e Strauss [6]:

maximize
$$f_G(\mathbf{x}) = \mathbf{x}' A_G \mathbf{x}$$
 in Δ (3.10)

Un insieme non vuoto di vertici $S \subseteq V$ ammette vettore caratteristico pesato $\mathbf{x}^S \in \Delta$ se ha peso totale W(S) non nullo, ed è definito da

$$x_i^S = \begin{cases} \frac{w_S(i)}{W(S)}, & \text{se } i \in S\\ 0, & \text{altrimenti} \end{cases}$$
 (3.11)

Per definizione un insieme dominante ammette sempre un vettore caratteristico pesato.

Proposizione 6 Se $S \subseteq V$ è un insieme dominante allora il suo vettore caratteristico pesato \mathbf{x}^S è una soluzione locale stretta per il programma (3.10). Dall'altro lato se \mathbf{x}^* è una soluzione locale stretta di (3.10) allora il suo supporto $\sigma = \sigma(\mathbf{x}^*)$ è un insieme dominante, purchè $w_{\sigma \cup \{i\}} \neq 0$, $\forall i \notin \sigma$.

dove la condizione $w_{\sigma \cup \{i\}} \neq 0$, $\forall i \notin \sigma$ è un tecnicismo dovuto alla presenza di soluzioni spurie in (3.10), ovvero soluzioni che non ammettono vettore caratteristico pesato. Dal momento che questi casi sono piuttosto rari, li ignoreremo nel seguito.

Anche in questo caso possiamo stabilire delle relazioni tra teoria dei giochi e la ricerca di dominant sets.

Proposizione 7 Sia $(\{1,2\}, \Theta, u)$ un gioco doppiamente simmetrico con matrice di payoff A_G , dove A_G è la matrice di adiacenza di un grafo G non orientato e pesato negli archi. Allora valgono le seguenti affermazioni

- 1. $\mathbf{x} \in \Delta$ è asintoticamente stabile nelle dinamiche di replicazione.
- 2. $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$
- 3. $\mathbf{x} \in \Delta$ è un massimo locale stretto di $u(\mathbf{x}, \mathbf{x})$ in Δ
- 4. $\mathbf{x} = \mathbf{x}^S$ con S insieme dominante di G (a meno dei casi spuri).

Dimostrazione. Immediata da proposizioni 3 e 6.

Quindi analogamente a quanto appurato per il problema MCP, la ricerca di dominant sets di un grafo pesato e non orientato G, corrisponde a trovare equilibri di Nash asintoticamente stabili nel gioco $(\{1,2\},\Theta,u)$ e, anche in questo caso, le dinamiche di replicazione come abbiamo visto, sono un ottimo strumento a nostra disposizione per perseguire questo scopo.

Capitolo 4

Enumerazione di cliques massimali

Analizzeremo in questo capitolo un'applicazione della teoria dei giochi al problema dell'enumerazione di cliques massimali allo scopo di utilizzarla, nel capitolo successivo, per la ricerca di clique massime in un grafo.

Abbiamo visto nella sezione 3.1 che la ricerca di clique massimali in un grafo non orientato corrisponde a trovare equilibri asintoticamente stabili in un gioco a due giocatori doppiamente simmetrico. Per effettuare la ricerca ricorriamo alle dinamiche di replicazione e il risultato che otteniamo dipende fortemente dallo stato iniziale scelto. Non c'è alcuna garanzia che la soluzione trovata sia una clique massima, ma si suppone euristicamente che una clique di cardinalità grande abbia un bacino di attrazione maggiore e quindi la probabilità di venirne attratti sia alta. Questa supposizione può essere vera per certi grafi ma non esserlo per altri, comunque in generale i risultati che si ottengono sono nella media abbastanza discreti (si veda [10]). Se ora volessimo sfruttare questa stessa tecnica di ricerca di clique massimali per enumerarle tutte, ci troveremmo di fronte ad un problema piuttosto grosso, in quanto dovremmo riuscire a trovare, ad ogni passo, uno stato di partenza iniziale che converga verso una clique massimale ogni volta diversa. Una soluzione sbagliata che può venire in mente per evitare di trovare due volte la stessa clique C è quella di eliminare i suoi vertici e i relativi archi dal grafo; così facendo però non solo eliminiamo C, ma anche tutte quelle cliques massimali che hanno almeno un vertice in C (tra cui potrebbe esserci anche quella massima) e inoltre rischiamo di rendere massimali cliques che prima non lo erano.

In questa tesi presentiamo una soluzione che consente tramite la teoria dei giochi e le dinamiche di replicazione di enumerare tutte le clique massimali di un grafo. A differenza del metodo di semplice ricerca di clique massimali però ad ogni passo la struttura del grafo viene modificata.

4.1 Strategie dominate

L'idea sulla quale si basa il risultato che presenteremo nella sezione successiva, è nata dal comportamento delle dinamiche di replicazione (2.3) in presenza di strategie dominate.

Abbiamo visto nella sezione 1.2 che esistono strategie strettamente e debolmente dominate, ma non è ancora chiaro in quale modo queste condizionano le dinamiche di replicazione. Presentiamo quindi nel seguito alcuni risultati che legano le relazioni di dominanza alle dinamiche di replicazione.

Introduciamo prima di tutto una nuova notazione: nel seguito indicheremo con $\xi(t, \mathbf{x}^0)$ lo stato della popolazione al tempo t che ha iniziato la dinamica nel punto \mathbf{x}^0 .

Il primo risultato, dovuto ad Akin (1980), stabilisce che tutte le strategie pure strettamente dominate presenti nello stato iniziale, non compaiono nello stato finale cui le dinamiche di replicazione (2.3) convergono.

Proposizione 8 Se una strategia pura i è strettamente dominata, allora $\xi_i(t, \mathbf{x}^0)_{t\to\infty} \to 0$, $\forall \mathbf{x}^0 \in int(\Delta)$.

Samuelson e Zhang (1992) hanno fatto un passo in più rispetto ad Akin dimostrando che le dinamiche di replicazione (2.3) tendono ad estromettere dalla popolazione le strategie pure iterativamente strettamente dominate. Se, dato un gioco G, eliminiamo le strategie che sono strettamente dominate, otteniamo un gioco G' nel quale possono essersi create nuove relazioni di dominanza e quindi una strategia che in G non era dominata può esserlo

in G'. Se continuiamo iterativamente questo procedimento di eliminazione, rimarremo alla fine con un insieme di strategie che non sono strettamente dominate. Se una strategia i è stata eliminata a qualche iterazione di questo processo, allora viene detta iterativamente strettamente dominata.

Proposizione 9 Se una strategia pura i è iterativamente strettamente dominata, allora $\xi_i(t, \mathbf{x}^0)_{t\to\infty} \to 0$, $\forall \mathbf{x}^0 \in int(\Delta)$.

L'ultimo risultato che presenteremo dovuto a Samuelson (1993) mostra che in generale le strategie debolmente dominate possono sopravvivere alle dinamiche di selezione evoluzionistica, in particolare alle dinamiche di replicazione (2.3).

Proposizione 10 Supponiamo che una strategia pura i sia debolmente dominata da una strategia $\mathbf{y} \in \Delta$. Se $u(\mathbf{y}, \mathbf{e}^i) > u(\mathbf{y}, \mathbf{e}^j)$, allora $\xi_i(t, \mathbf{x}^0)_{t \to \infty} \to 0$ o $\xi_j(t, \mathbf{x}^0)_{t \to \infty} \to 0$ o entrambi, $\forall \mathbf{x}^0 \in int(\Delta)$.

4.2 L'idea

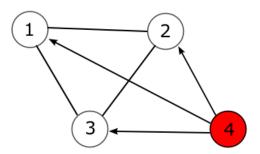


Figura 4.1: Esempio di grafo orientato in cui la strategia pura corrispondente al vertice rosso domina debolmente ogni altra strategia pura.

Per poter enumerare le clique massimali di un grafo attraverso le dinamiche di replicazione, abbiamo bisogno di un sistema per rendere, ad ogni iterazione, asintoticamente instabile la clique appena trovata, in modo da non ritrovarla in un secondo momento. Consideriamo un grafo G=(V,E) orientato come in figura 4.1, dove gli archi senza frecce indicano connessione in entrambi i sensi e sia A_G la sua matrice di adiacenza.

$$A_G = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 0 \end{pmatrix} \tag{4.1}$$

Sia inoltre ($\{1,2\}$, Θ , u) il gioco relativo a G, dove cioè consideriamo A_G la matrice di payoff. Come possiamo vedere la strategia 4, domina debolmente ogni altra strategia. Prendiamo una delle strategie dominate, ad esempio la 1, e applichiamo la proposizione 10 considerando $\mathbf{y} = \mathbf{e}^4$. Dal momento che $u(\mathbf{e}^4, \mathbf{e}^1) = (A_G)_{41} > u(\mathbf{e}^1, \mathbf{e}^1) = (A_G)_{11}$, la strategia 1 verrà estromessa dalla popolazione finale. Per lo stesso ragionamento possiamo verificare che anche le strategie 2 e 3 vengono estromesse, col risultato che tutta la popolazione finale è programmata alla strategia 4.

Consideriamo ora una generalizzazione dell'esempio precedente in cui dato un grafo G non orientato e una sua clique C, aggiungiamo un vertice v e $\forall u \in C$ creiamo l'arco (v,u). In una situazione di questo tipo non è più in generale vero che la strategia v domina debolmente ciascuna delle strategie pure in C, e che lo stato limite¹ \mathbf{x} delle dinamiche di replicazione corrisponda ad una popolazione priva di strategie in C; è tuttavia vero che \mathbf{x} non può avere C come supporto, perchè in caso contrario \mathbf{x} non sarebbe più un equilibrio di Nash dal momento che $u(\mathbf{e}^v, \mathbf{x}) > u(\mathbf{x}, \mathbf{x})$. Possiamo però avere che in uno stadio intermedio della dinamica si giunga ad uno stato \mathbf{x} tale per cui $\sigma(\mathbf{x}) = C \cup \{v\}$. Se così fosse però ci ritroveremmo nella medesima situazione dell'esempio precedente col risultato che v è l'unica strategia che sopravvive nella popolazione finale.

Possiamo utilizzare questa tecnica per rendere asintoticamente instabile una particolare clique massimale C di un grafo, ma il nodo v aggiunto, come effetto collaterale, diventa una possibile soluzione. Per fare in modo che anche questa soluzione diventi instabile colleghiamo ogni vertice non in C a

¹con stati limite per le dinamiche di replicazione intendiamo stati asintoticamente stabili, quindi stati che corrispondono esclusivamente a equilibri di Nash.

v. In questo modo la strategia \mathbf{e}^v non è più un equilibrio di Nash in quanto per un qualunque vertice $w \notin C$, $u(\mathbf{e}^w, \mathbf{e}^v) > u(\mathbf{e}^v, \mathbf{e}^v)$.

Il seguente teorema dimostra la correttezza e la completezza di questo procedimento: (correttezza) dato un insieme Ω di cliques massimali di un grafo G, riusciamo a rendere instabili le cliques in Ω , mantenendo la stabilità asintotica di tutte le cliques massimali di G non in Ω ; (completezza) ogni stato asintoticamente stabile è vettore caratteristico di una clique massimale di G non in Ω .

Proposizione 11 Sia G = (V, E) un grafo non orientato e non completo e sia Ω un insieme di clique massimali di G. Sia inoltre G' = (V', E') un grafo orientato costruito a partire da G nel seguente modo:

- $V' = V \cup \{v_C : C \in \Omega\}$
- $E' = \{(u, v) : (u, v) \in E\} \cup \{(v_C, u) : v_C \in V', u \in C\} \cup \{(u, v_C) : v_C \in V', u \in V \setminus C\}$

Poniamo M la matrice di adiacenza di G' dove le prime |V| righe sono relative ai vertici in V e dove

$$m_{ii} = \begin{cases} \alpha, & 1 \le i \le |V| \\ 0, altrimenti \end{cases}$$

Considerando M la matrice di payoff, abbiamo che:

- 1. se $\mathbf{x} = \mathbf{x}^S$, con S clique massimale di G e $S \notin \Omega$, allora \mathbf{x} è asintoticamente stabile;
- 2. se $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$ allora $\mathbf{x} = \mathbf{x}^S$, con S clique massimale di G e $S \notin \Omega$.

Dimostrazione.

(1)

24

Sia $\mathbf{x} = \mathbf{x}^S,$ con S clique massimale di G non in $\Omega.$ È immediato verificare che

$$\forall z \in \Delta, \quad u_M(\mathbf{x}, \mathbf{x}) \begin{cases} = u_M(\mathbf{z}, \mathbf{x}), & \text{con } \sigma(\mathbf{z}) = \sigma(\mathbf{x}) = S \\ > u_M(\mathbf{z}, \mathbf{x}), & \text{altrimenti} \end{cases}$$
(4.2)

Consideriamo la sottomatrice formata dalle prime |V| righe e colonne di M. Questa è la matrice di adiacenza di G e chiamiamola A. Definiamo inoltre $\bar{\mathbf{x}}$ il vettore formato dai primi |V| elementi di \mathbf{x} . Vale allora la seguente proprietà:

$$[\sigma(\mathbf{w}) = \sigma(\bar{\mathbf{w}})] \wedge [\sigma(\mathbf{y}) = \sigma(\bar{\mathbf{y}})] \rightarrow [u_M(\mathbf{w}, \mathbf{y}) = u_A(\bar{\mathbf{w}}, \bar{\mathbf{y}})]$$
(4.3)

È immediato verificare che $\bar{\mathbf{x}} \in \Delta^{ESS}$ se consideriamo A la matrice di payoff. Quindi possiamo affermare che

$$\forall \bar{\mathbf{z}} \in \Delta, \quad u_A(\bar{\mathbf{x}}, \bar{\mathbf{x}}) = u_A(\bar{\mathbf{z}}, \bar{\mathbf{x}}) \Rightarrow u_A(\bar{\mathbf{z}}, \bar{\mathbf{z}}) < u_A(\bar{\mathbf{x}}, \bar{\mathbf{z}})$$

e applicando la regola (4.3)

$$u_M(\mathbf{x}, \mathbf{x}) = u_M(\mathbf{z}, \mathbf{x}) \Rightarrow u_M(\mathbf{z}, \mathbf{z}) < u_M(\mathbf{x}, \mathbf{z})$$
 (4.4)

Ma allora da (4.2) e (4.4) ottengo che $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$ e da questo che è asintoticamente stabile.

(2)

Sia $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$ e supponiamo per assurdo che $m_{ij} = 0$ con $i \neq j$ e che $i, j \in \sigma(\mathbf{x})$. Sia $\mathbf{y} = \mathbf{x} + \delta(\mathbf{e}^i - \mathbf{e}^j)$, con $0 < \delta \leq x_j$; è facile verificare che $u(\mathbf{y}, \mathbf{x}) = u(\mathbf{x}, \mathbf{x})$. Affinché $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$, deve valere la condizione che $u(\mathbf{y}, \mathbf{y}) < u(\mathbf{x}, \mathbf{y})$.

Consideriamo il caso in cui $i, j \leq |V|$.

$$\mathbf{y}'M\mathbf{y} = \mathbf{x}'M\mathbf{y} + \delta(\mathbf{e}_{i} - \mathbf{e}_{j})'M\mathbf{y}$$

$$= \mathbf{x}'M\mathbf{y} + \delta(\mathbf{e}_{i} - \mathbf{e}_{j})'M\mathbf{x} + \delta^{2}(\mathbf{e}_{i} - \mathbf{e}_{j})'M(\mathbf{e}_{i} - \mathbf{e}_{j})$$

$$= \mathbf{x}'M\mathbf{y} + \delta^{2}(2\alpha - m_{ij} - m_{ji})$$

$$> \mathbf{x}'M\mathbf{y}$$

$$(4.5)$$

Come possiamo vedere $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$ implica che $S = \sigma(\mathbf{x}) \cap V$ sia una clique massimale di G.

Consideriamo invece ora il caso in cui $S = \sigma(\mathbf{x}) \cap V$ sia una clique massimale di G, ma che, senza perdita di generalità, i > |V|. In questo caso non potremo mai avere che $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$ in quanto, per costruzione di G', i è un vertice che domina S oppure una clique massimale diversa da S ed in entrambi i casi avremmo che $u(\mathbf{e}^i, \mathbf{x}) \neq u(\mathbf{x}, \mathbf{x})$, contraddicendo l'ipotesi che $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$.

Capitolo 5

Nuove tecniche per MCP

In questo capitolo proporremo due nuove tecniche per la risoluzione approssimata del problema della clique massima basate sulla teoria dei giochi e le dinamiche di replicazione: RTAH (Replicator Trajectory Analysis Heuristic) e RHE (Replicator Heuristic with Enumeration). Prima però di vederne i dettagli daremo una panoramica di alcune tecniche presenti in letteratura per farsi un'idea dei diversi possibili approcci al problema.

Nell'ultima parte vedremo l'applicazione di RTAH e RHE a diversi grafi benchmark della DIMACS e confronteremo i risultati sperimentali, con quelli ottenuti da altri algoritmi.

5.1 Alcune tecniche esistenti

New-Best-In

New-Best-In è un'euristica greedy che a partire da un grafo G e un vettore di peso sui vertici w, trova un'approssimazione della clique massima.

Partendo da un insieme vuoto C e un grafo G = (V, E), ad ogni passo seleziona come vertice entrante v nell'insieme, quello con il maggior peso d'adiacenza¹ in G e aggiorna G assegnandoli come insieme di vertici V' l'insieme degli adiacenti a v (con v escluso) e come insieme di archi E' l'insieme degli

 $^{^{1}}$ il peso d'adiacenza di un vertice v è il peso di v sommato ai pesi dei vertici adiacenti.

archi $(u, v) \in E \cap (V' \times V')$. Il procedimento termina quando G non ha più vertici nè archi. L'output dell'algoritmo è la clique massimale C.

Facciamo notare che se \mathbf{x} fosse un vettore caratteristico di una clique massimale C, allora questo algoritmo ritornerebbe proprio C. Se invece \mathbf{x} fosse un'approssimazione di un vettore caratteristico, con questo sistema riusciremmo ad ottenere comunque una clique massimale in base al peso che \mathbf{x} attribuisce a ciascun vertice.

Nell'ambito del problema MCP, possiamo ottenere un'approssimazione di una clique massima, applicando più volte New-Best-In con vettori di peso diversi e scegliendo la soluzione con cardinalità più grande.

```
New-Best-In(G, \mathbf{x}), con G = (V, E)
```

- 1. S=V
- 2. assegna ad M la matrice di adiacenza di G
- 3. $j := \arg \max_{i \in S} [(M+I)\mathbf{x})]_i$
- 4. $C := C \cup \{j\}$
- 5. $S := S \cap \operatorname{adj}(j)$
- 6. torna a 3 fintanto che $S \neq \emptyset$
- 7. ritorna C

Tabella 5.1: Pseudo codice dell'algoritmo New-Best-In

PRD:Plain Replicator Dynamics

Questa euristica molto semplicemente, dato un grafo G non orientato, utilizza le dinamiche di replicazione per ottenere uno stato \mathbf{x} asintoticamente stabile. Questo come già visto corrisponde al vettore caratteristico di una clique massimale C che rappresenta per PRD l'approssimazione della clique massima di G. La soluzione trovata dipende dallo stato iniziale scelto che generalmente coincide col baricentro del simplesso.

ARH: Annealed Replicator Heuristic

ARH [10] si basa sempre sulle dinamiche di replicazione (2.3) e cerca attraverso tecniche di simulated annealing di evitare convergenze verso clique massimali piccole. La funzione obiettivo viene regolarizzata aggiungendo alla matrice di adiacenza un termine αI che controlla la forma della funzione d'energia che viene massimizzata dalle dinamiche. Il parametro α viene impostato su un valore negativo e incrementato durante l'evoluzione del sistema dinamico per cercare di non incontrare massimi locali inefficienti. Il ruolo di questo parametro quindi è superficialmente simile a quello della temperatura nei processi di simulated annealing, nel senso che la variazione consente di trovare soluzioni migliori al problema.

QMS: Qualex Motzkin Strauss

Qualex-MS [11] è un'euristica che utilizza il programma di Motzkin Strauss per risolvere il problema della ricerca di cliques massime pesate. Le clique pesate sono clique con associato un peso ad ogni vertice e la clique massima pesata è quella che massimizza la somma dei pesi dei suoi vertici. Nel nostro caso siamo interessati alla ricerca di cliques massime non pesate, quindi considereremo semplicemente che ogni vertice ha peso unitario.

Data A_G la matrice di adiacenza di un grafo G, questo metodo considera come regione ammissibile entro cui poi massimizzare la funzione obiettivo $f(G) = \mathbf{x}' A_G \mathbf{x}$, lo spazio dei vettori $\{\mathbf{x} : \mathbf{x}' \mathbf{x} = r^2, \mathbf{e}' \mathbf{x} = 1\}$, dove r è un parametro non fissato a priori, ma che dipende indicativamente dalla dimensione della clique che si intende trovare. Le soluzioni che si ottengono vengono considerate vettori peso e attraverso l'algoritmo New-Best-In vengono estratte le relative clique massimali. Tra queste viene tenuta quella massima che rappresenta la soluzione approssimata al problema.

5.2 RTAH: Replicator Trajectory Analysis Heuristic

Questa tecnica è frutto della combinazione di due algoritmi: PRD e New-Best-In. Abbiamo visto che le dinamiche di replicazione sono dei metodi

iterativi che partendo da un punto iniziale \mathbf{x}_0 , passo dopo passo convergono verso una soluzione \mathbf{x}_n . Nel caso di grafi non orientati, la soluzione, se asintoticamente stabile, rappresenta un vettore caratteristico da cui è facilmente ricavabile una clique massimale.

In tutti i metodi basati sulle dinamiche di replicazione visti finora, abbiamo sempre focalizzato il nostro interesse solo sugli stati iniziale e finale, disinteressandoci di tutti quelli intermedi che stanno lungo la traiettoria che li unisce. Questi stati tuttavia possono nascondere informazioni relative a cliques diverse da quella cui la dinamica converge, il problema sta nel riuscire ad interpretarle. Non trattandosi in generale di vettori caratteristici, non è immediato associare uno stato intermedio ad una clique massimale. È qui che ci viene in aiuto New-Best-In in quanto, interpretando questi stati come vettori di peso, possiamo utilizzarlo per ottenere una clique massimale. Abbiamo inoltre notato, nel corso dei test dell'algoritmo, che attraverso questa analisi della traiettoria delle dinamiche, otteniamo nella maggior parte delle volte risultati migliori rispetto a quelli che si otterrebbero lasciando convergere la dinamica ad un punto stazionario.

Supponiamo di voler trovare una clique massimale su un dato grafo con le dinamiche di replicazione. Prendiamo come punto \mathbf{x}_0 iniziale il baricentro del simplesso lievemente perturbato e consideriamo la traiettoria che da \mathbf{x}_0 conduce ad un punto stazionario $\bar{\mathbf{x}}$. Per ciascuno stato intermedio \mathbf{x}_i lungo questa traiettoria utilizziamo "New-Best-In" per estrapolare una clique massimale. La clique di cardinalità massima tra quelle trovate rappresenta la soluzione approssimata al problema MCP.

Per evidenziare il fatto che riusciamo a trovare, lungo la traiettoria, clique di dimensione maggiore rispetto al punto stazionario, vediamo alcuni esempi sui grafi san400_0.9_1, brock200_1 e p_hat1500_3. Per ciascuno di essi come già detto, abbiamo considerato una traiettoria di convergenza delle dinamiche scegliendo come punto iniziale \mathbf{x}^0 il baricentro del simplesso lievemente perturbato. Ad ogni passo iterativo t abbiamo estrapolato la clique massimale dal vettore $\xi(t, \mathbf{x}^0)$ con "New-Best-In" e abbiamo riportato i grafici che visualizzano la velocità e la dimensione della clique trovata ad ogni instante t.

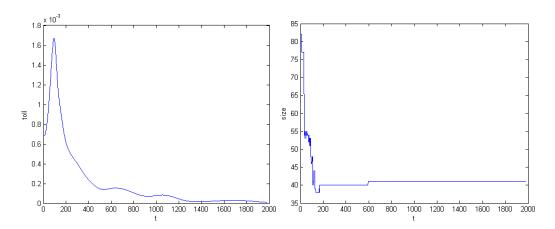


Figura 5.1: Grafico della velocità della dinamica (sx) e la dimensione della clique trovata (dx) ad ogni istante t col grafo san400_0.9_1.

Come possiamo vedere nelle figure 5.1, 5.2 e 5.3, in ciascun grafo, già entro le prime iterazioni otteniamo cliques di dimensione maggiore rispetto a quella cui la dinamica tende. In generale abbiamo notato che questo fatto è molto frequente anche in altri grafi analizzati come dimostrano i risultati sperimentali ottenuti (vedi sezione 5.4).

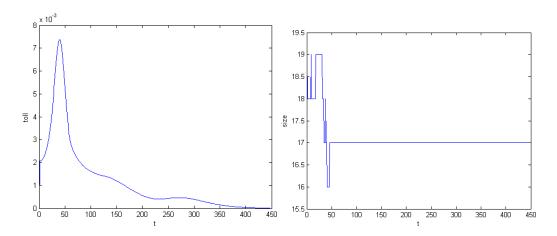


Figura 5.2: Grafico della velocità della dinamica (sx) e la dimensione della clique trovata (dx) ad ogni istante t col grafo brock200_1.

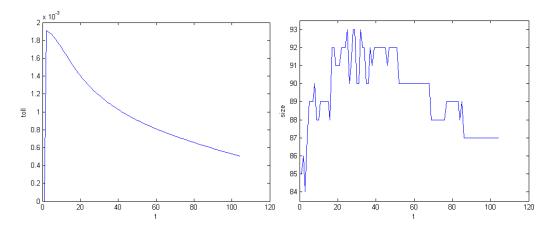


Figura 5.3: Grafico della velocità della dinamica (sx) e la dimensione della clique trovata (dx) ad ogni istante t col grafo p_hat1500_3.

5.3 RHE: Replicator Heuristic with Enumeration

RHE si basa su un approccio al problema differente rispetto agli algoritmi visti finora, in quanto dato un grafo, enumera n clique massimali e tra queste seleziona quella massima. L'enumerazione avviene tramite le dinamiche di replicazione, utilizzando i risultati presentati nel capitolo 4.

Abbiamo visto con RTAH che spesso dagli stati intermedi che stanno sulla traiettoria di convergenza delle dinamiche di replicazione, riusciamo con New-Best-In ad estrapolare una clique massimale di dimensione maggiore rispetto a quella cui la dinamica tenderebbe; quindi interrompere la dinamica prima di giungere ad un punto stazionario potrebbe portarci dei vantaggi al fine della ricerca di clique massime. La condizione di terminazione usualmente utilizzata per le dinamiche di replicazione (2.3) è $\|\dot{\mathbf{x}}\| < \epsilon$ con ϵ sufficientemente piccolo; quindi se vogliamo arrestare le dinamiche prima di giungere ad un equilibrio è sufficiente aumentare ϵ . Per trarre vantaggio da questa considerazione, RHE assegna ad ϵ un valore nell'intervallo [10^{-4} ; 10^{-3}] scelto in base alle dimensioni del grafo e alla velocità di convergenza.

Un problema che nasce, interrompendo anticipatamente le dinamiche, è la perdita della garanzia di non ritrovare una stessa clique nell'enumerazione, dal momento che viene meno l'ipotesi, fatta dal teorema 11, di stabilità asintotica della soluzione. Tuttavia nel corso dei test abbiamo notato che la frazione di clique enumerate per la seconda volta, rispetto a quelle totali è molto bassa.

Vediamo ora l'algoritmo più in dettaglio. Esso prende in ingresso i seguenti parametri: a) un grafo G = (V, E) con matrice di adiacenza A_G ; b) un limite maxIterations al numero di cliques da enumerare; e c) un parametro toll che rappresenta il valore di ϵ per la condizione di terminazione delle dinamiche. Nell'algoritmo inoltre viene impostato il parametro α , ovvero il valore posto sulla diagonale della matrice di payoff, a zero. La fase di inizializzazione di RHE imposta G' = (V', E') = G, fissa lo stato iniziale \mathbf{x}_0 al baricentro del simplesso lievemente perturbato e la variabile C_{max} , che tiene traccia della clique massima fin lì trovata, all'insieme che ritorna New-Best-In (G,\mathbf{x}_0) . Dopodiché inizia il ciclo di enumerazione. Vengono eseguite

Capitolo 5. Nuove tecniche per MCP

le dinamiche di replicazione sul grafo G', che terminano ritornando un vettore \mathbf{x} . Invocando New-Best-In (G',\mathbf{x}) si ottiene una clique massimale C. A questo punto viene controllato che C non sia già stata enumerata, ovvero che il vettore caratteristico di C, \mathbf{x}^C , sia un equilibrio di Nash per $A_{G'}$. Se non lo è viene impostato $\mathbf{x}_0 = \tilde{\mathbf{x}}^{V'\setminus V}$, dove $\tilde{\mathbf{x}}^{V'\setminus V}$ è il vettore caratteristico dell'insieme $V'\setminus V$ lievemente perturbato, e rieseguito il ciclo di enumerazione. Se invece è un equilibrio di Nash, allora il grafo G' viene esteso come indicato nel teorema 11, viene impostato $C_{max} = C$ se $|C| > |C_{max}|$ e assegnato $\mathbf{x}_0 = \tilde{\mathbf{x}}^{V'\setminus V}$. Se non ha ancora raggiunto il limite maxIterations riesegue il ciclo di enumerazione, altrimenti termina resituendo C_{max} .

 $RHE(G, maxIterations, \epsilon), dove G = (V, E)$

1.
$$G' = (V', E') = G$$

2.
$$C_{max} = \emptyset$$

3.
$$\mathbf{x}_0 = \tilde{\mathbf{x}}^V$$

4.
$$\mathbf{x} = \text{RepDyn}(G', \mathbf{x}0, \epsilon)$$

5.
$$C = \text{New-Best-In}(G', \mathbf{x})$$

- 6. se C non è un equilibrio di Nash per G', allora $\mathbf{x}_0 = \tilde{\mathbf{x}}^{V' \setminus V}$ e torna a 4.
- 7. enumera C

8. se
$$|C| > |C_{max}|$$
 allora $C_{max} = C$

9. estendi G' come descritto nella proposizione 11

10.
$$\mathbf{x}_0 = \tilde{\mathbf{x}}^{V' \setminus V}$$

- 11. torna a 4 se il numero di clique trovate è < maxIterations
- 12. C_{max} è la clique massima tra quelle analizzate.

Tabella 5.2: Pseudo codice dell'algoritmo RHE

5.4 Risultati sperimentali

Per i test abbiamo utilizzato alcuni dei grafi benchmark forniti da DIMACS². Utilizzare la tecnica di enumerazione con dinamiche di replicazione, per enumerare le cliques massimali di questi grafi, è del tutto impensabile, ma soprattutto poco interessante. Interessante invece è una sua applicazione nella ricerca di clique massime. Dal momento che ci aspettiamo che le dinamiche comunque convergano verso cliques massimali di dimensioni in generale quasi ottimali, è sperabile supporre che il nostro metodo enumeri inizialmente clique grandi, e che quindi, entro un numero non esponenziale di iterazioni, ci venga fornita anche la clique massima. Questa naturalmente è una supposizione del tutto euristica perchè la struttura del grafo gioca un ruolo importante, ma i risultati sperimentali ottenuti sono molto incoraggianti.

In tutti i test condotti, abbiamo ricercato la clique massima entro le prime 500 enumerazioni ottenute con l'algoritmo, anche se va detto che questo limite è stato raggiunto in pochi casi, mentre nella maggioranza dei casi, l'ottimo è stato raggiunto già entro le prime 200 enumerazioni. Abbiamo inoltre fissato $\alpha=0$ e interrotto le dinamiche una volta raggiunta la tolleranza di 10^{-4} o 10^{-3} , a seconda delle dimensioni del grafo, sulla base delle considerazioni fatte nella sezione 5.2.

Abbiamo scelto come algoritmi di confronto, RTAH, ARH (Annealed Replicator Heuristic) presentato in [10] che utilizza le dinamiche di replicazione e annealing sul parametro α ;CBH (Countinuous Based Heuristic) presentato in [12] che utilizza il programma di Motzkin Strauss sostituendo il vincolo $\mathbf{x} \geq 0$ con $\mathbf{x}'\mathbf{x} \leq \frac{1}{s}$ e parametrizzando su s; e QMS (Qualex Motzkin Strauss) presentato in [11] .

I dati relativi ai risultati ottenuti da ARH e CBH sono stati ricavati da [10] e da [13], selezionando, in caso di soluzioni discordanti, quelle migliori, mentre i dati relativi a QMS sono stati ricavati da [11].

 $^{^2{\}rm si}$ possono trovare all'indirizzo ftp://dimacs.rutgers.edu/pub/challenge/graph/ benchmarks/clique/

Capitolo 5. Nuove tecniche per MCP

Grafo	Vertici	Densità	opt.	ERH	RTAH	СВН	ARH	QMS
brock200_1	200	0.745	21	21	20	20	20	21
$brock200_2$	200	0.496	12	11	10	12	10	12
$brock200_{-3}$	200	0.605	15	14	13	14	13	15
$brock200_{-4}$	200	0.658	17	16	15	16	16	17
brock400_1	400	0.748	27	24	23	23	24	27
brock400_2	400	0.749	29	24	23	$\frac{1}{24}$	$\overline{24}$	29
brock400_3	400	0.748	31	24	23	23	$\overline{24}$	31
brock400_4	400	0.749	33	24	23	$\frac{2}{24}$	23	33
brock800_1	800	0.649	23	20	18	20	20	23
brock800_2	800	0.651	$\frac{23}{24}$	21	19	19	18	$\frac{23}{24}$
brock800_3	800	0.649	$\frac{21}{25}$	21	19	20	19	25
brock800_4	800	0.650	26	20	18	19	19	26
c_fat200_1	200	0.080	12	12	12	12	12	12
c_fat200_1 c_fat200_2	200	0.060	24	$\frac{12}{24}$	$\frac{12}{24}$	24	24	$\frac{12}{24}$
c_fat200_5	200	0.100 0.430	58	58	58	58	58	58
c_fat500_1	500	0.430 0.040	14	14	14	14	14	14
c_fat500_2	500	0.040 0.070	26	26	26	26	26	26
c_fat500_5	500	0.070 0.190	64	64	64	64	64	64
c_fat500_10	500	0.190 0.370	126	126	126	126	126	126
hamming6_2	64	0.900	32	32	32	32	32	32
_	64		32 4	$\frac{32}{4}$	$\frac{32}{4}$	$\frac{32}{4}$		$\frac{32}{4}$
hamming6_4	256	0.350	128	128	$\frac{4}{128}$	$\frac{4}{128}$	$4 \\ 128$	$\frac{4}{128}$
hamming8_2 hamming8_4		0.970	16	16	16	16	16	128 16
9	256	0.640		512				
hamming10_2	1024	0.990	512		512	-	512	512
hamming10_4	1024	0.830	≥ 40	40	36	- 1	33	36
johnson8-2-4	28	0.560	4	4	4	4	4	4
johnson8-4-4	70	0.770	14	14	14	14	14	14
johnson16-2-4	120	0.760	8	8	8	8	8	8
johnson32-2-4	496	0.880	16	16	16	16	16	16
keller4	171	0.649	11	11	11	10	9	11
keller5	776	0.751	27	27	24	21	16	26
keller6	3361	0.820	≥ 59	55	48	-	31	53
MANN_a9	45	0.927	16	16	16	16	16	16
$MANN_a27$	378	0.990	126	126	125	121	117	125
$MANN_a45$	1035	0.996	345	342	342	-	-	342
MANN_a81	3321	0.999	≥ 1100	1097	1096	-	-	1096
p_hat300_1	300	0.244	8	8	8	8	8	8
p_hat300_2	300	0.489	25	25	25	25	25	25
p_hat300_3	300	0.744	36	35	36	36	36	35
p_hat500_1	500	0.253	9	9	9	9	9	9
p_hat500_2	500	0.505	36	35	35	35	36	36
p_hat500_3	500	0.752	≥ 49	49	49	49	49	48
p_hat700_1	700	0.249	11	10	9	11	9	11
p_hat700_2	700	0.498	44	44	43	44	44	44
p_hat700_3	700	0.748	≥ 62	62	61	60	60	62
p_hat1000_1	1000	0.245	≥ 10	10	9	-	-	10
p_hat1000_2	1000	0.490	≥ 46	45	45	_	-	45

00.2 | 1000 | 0.490 | ≥ 46 | 45 | 45 | - | - | Tabella 5.3: Risultati sperimentali per il problema MCP ottenuti con RHE e RTAH su grafi benchmark della DIMACS

Grafo	Vertici	Densità	opt.	ERH	RTAH	CBH	ARH	QMS
p_hat1000_3	1000	0.744	≥ 68	64	64	-	-	65
$p_hat1500_1$	1500	0.253	12	11	10	11	10	12
$p_hat1500_2$	1500	0.506	≥ 65	63	64	63	64	64
$p_hat1500_3$	1500	0.754	≥ 94	92	93	94	92	91
san200_0.7_1	200	0.700	30	30	17	15	15	30
$san200_0.7_2$	200	0.700	18	18	15	12	12	18
$san200_0.9_1$	200	0.900	70	70	48	46	46	70
$san200_0.9_2$	200	0.900	60	60	41	36	39	60
$san200_0.9_3$	200	0.900	44	44	36	30	35	40
$san400_0.5_1$	400	0.500	13	13	7	8	7	13
$san 400 _ 0.7 _ 1$	400	0.700	40	40	22	20	20	40
$san 400 _ 0.7 _ 2$	400	0.700	30	30	18	15	15	30
$san 400 _ 0.7 _ 3$	400	0.700	22	18	17	14	12	18
$san 400 _ 0.9 _ 1$	400	0.900	100	100	92	50	51	100
san 1000	1000	0.501	15	11	10	8	8	15
sanr200_0.7	200	0.700	18	18	16	18	18	18
$sanr200_0.9$	200	0.900	≥ 42	42	41	41	41	41
$\rm sanr 400_0.5$	400	0.500	13	13	12	12	13	13
$sanr 400 _ 0.7$	400	0.700	≥ 21	21	19	20	21	20

Tabella 5.3: Risultati sperimentali per il problema MCP ottenuti con RHE e RTAH su grafi benchmark della DIMACS

Sulla base dei dati in tabella 5.3 possiamo trarre diverse considerazioni. Innanzitutto sia RHE che RTAH forniscono ottimi risultati, in particolare RHE che risulta migliore degli altri algoritmi in diverse famiglie di grafi. QMS è risultato comunque essere il migliore tra i cinque analizzati, anche se RHE ha ottenuto risultati migliori in alcune istanze di grafi.

Le famiglie di grafi "hamming", "c_fat" e "johnson" si sono rivelate le più facili da risolvere, infatti tutti e cinque gli algoritmi hanno fornito risultati ottimi, ad eccezione di "hamming_10_4" dove solo RHE ha fornito la soluzione ottima.

Sorprendentemente RHE si comporta molto bene con la famiglia di grafi "san", considerata una delle più difficili da risolvere con approcci basati su Motzkin-Strauss, infatti sia ARH che CBH e RTAH ottengono risultati abbastanza lontani dall'ottimo. In particolare RHE fornisce in tutti i casi ad eccezione di due, il valore ottimo. Dal canto suo, RTAH risulta comunque migliore di CBH e ARH. Anche QMS si comporta molto bene con questa famiglia di grafi, riuscendo ad ottenere come RHE soluzioni ottime in quasi tutte le istanze.

Considerando la famiglia "brock" RHE non riesce in generale ad ottenere cliques di cardinalità ottima, tuttavia risulta migliore di CBH e ARH; nel solo caso del grafo "brock200_2" troviamo che CBH ottiene una clique più grande. Notiamo inoltre che CBH risulta di poco migliore sia di ARH che di RTAH, mentre RTAH risulta essere di poco il peggiore dei quattro. QMS invece risolve in modo ottimo tutti i "brock" analizzati.

Con i grafi "keller", RHE ottiene sempre clique ottime ad eccezione di "keller6". Con questa famiglia RHE risulta essere il miglior algoritmo, seguito da QMS. RTAH si comporta meglio di CBH e ARH.

Considerazioni simili le abbiamo con la famiglia di grafi "MANN". Anche qui RHE si impone di poco sugli altri metodi, seguito da RTAH e QMS che forniscono gli stessi risultati in termini di dimensione di clique. Per quanto riguarda gli altri due algoritmi abbiamo i dati relativi solo a due istanze di quattro analizzate e CBH vince il confronto con ARH.

Anche con i grafi "sanr" abbiamo che RHE ottiene sempre cliques massime; ARH fallisce solo in "sanr200_0.9" risultando così migliore di QMS, seguito da CBH e RTAH. Le differenze qualitative nelle soluzioni fornite dai cinque algoritmi sono comunque minime.

Infine la famiglia di grafi "p_hat" è quella che ha riportato risultati altalenanti tra le cinque euristiche; di poco si impone QMS, ma in generale abbiamo una situazione abbastanza equilibrata. I risultati ottenuti sono comunque buoni perché non si discostano di molto dai valori ottimi, che in alcuni grafi sono stati raggiunti in altri no. Facciamo notare che con "p_hat300_3", "p_hat1500_2" e "p_hat1500_3", RTAH risulta migliore di RHE. In generale RHE fornisce sempre risultati migliori o uguali a RTAH, e anche in questi casi possiamo, impostando opportunamente il parametro di terminazione delle dinamiche ϵ 3, fare in modo che ciò avvenga.

Vorremmo, per concludere l'analisi, puntualizzare una cosa: non abbiamo mai parlato in questa sezione di tempi di esecuzione perché non era di nostro interesse la velocità di risposta, quanto più la qualità della risposta. RHE tra i quattro è quello che decisamente è meno performante, in quanto

 $^{^3}$ basta impostare il parametro di terminazione delle dinamiche ϵ in RHE, al valore di velocità in cui è apparsa la clique in RTAH.

Capitolo 5. Nuove tecniche per MCP

inizia un'enumerazione di cliques, quindi da questo punto di vista gode di un vantaggio rispetto agli altri.

Capitolo 6

Problema della salienza

Il problema della salienza si pone l'obiettivo di separare in un immagine i segnali relativi a forme dal rumore di fondo. Questa necessità di creare due gruppi di segnali, quelli positivi e quelli rumorosi, rendono questo problema un caso particolare di clustering. Il dominio di questo problema non è formato dai dati grezzi dell'immagine, ma da una loro visione più ad alto livello; generalmente infatti si estraggono dall'immagine gli edges attraverso un metodo di edge detection.

Il problema della salienza può essere suddiviso in due parti:

- determinare una misura di affinità;
- determinare un metodo per interpretare la misura di affinità e ricavarne un vettore di salienza.

Daremo nella prima parte del capitolo una definizione generale di misura di affinità per il problema della salienza, per poi analizzare due metodi, quello di Herault e Horaud, e quello di Williams e Thornber.

6.1 Misure di affinità

Le misure di affinità possono essere viste come lo strumento per descrivere a basso livello le proprietà che devono avere le forme di un immagine a partire dalle interazioni tra gli edges che la compongono. Tutte le misure che troviamo in letteratura, hanno in comune il fatto di basarsi su principi quali la buona continuazione e la prossimità, che sono stati studiati dalla Gestalt, una scuola di pensiero nata agli inizi del 1900 in Germania, che affermava l'evidenza che alcuni elementi di un'immagine sono organizzati per produrre una figura emergente.

Possiamo distinguere tre classi in cui suddividere le misure di affinità per il problema della salienza:

- basate sulla cocircolarità , che considerano più affini gli edges che giacciono su una stessa circonferenza. Hanno tuttavia lo svantaggio di non garantire un sufficiente grado di libertà per collegare due edge in posizioni e orientamenti arbitrari.
- basate sulle curve di energia minima , che considerano più affini gli edges collegati da curve di energia minima, dove l'energia è data da $\int_{\Gamma} ds (\alpha k^2(s) + \beta) \ \text{con } \Gamma \ \text{la curva}, \ k(s) \ \text{l'indice di curvatura parametrizzato sulla lunghezza e } \alpha, \beta \ \text{due numeri reali}.$
- basate su distribuzioni di probabilità, che suppongono di avere una particella che si muove a velocità costante nella direzione $\theta(t)$, dove $\theta(t)$ è una variabile aleatoria con distribuzione normale e media nulla. La varianza di questa variabile aleatoria determina lo smoothness della curva, inoltre un numero costante di particelle decade per unità di tempo soddisfando così la condizione di prossimità. L'affinità tra due edges i e j è data dalla sommatoria delle probabilità su tutti i possibili cammini che li congiungono.

Un'ulteriore differenza che può caratterizzare le misure di affinità è il fatto di tener conto o meno del verso di ciascun edge. Possiamo quindi considerare:

- edges orientati senza verso , in cui l'angolo θ associato all'edge rappresenta l'orientamento dell'edge, ma non da' informazioni sul verso;
- edges orientati con verso , in cui per ciascun edge (u, v, θ) si considerano virtualmente due edges, uno con verso in un senso, e l'altro con verso opposto, ovvero (u, y, θ) e $(u, v, \theta + \pi)$.

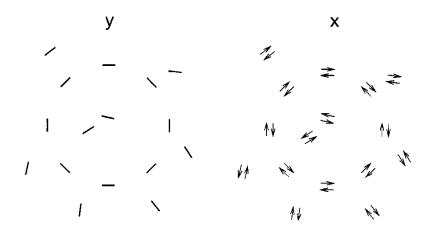


Figura 6.1: Ogni edge ha un orientamento e due distinti versi. L'orientamento è dato da una quantità angolare $\theta \in [0, \pi)$. I versi sono invece dati da θ e $\theta + \pi$. L'insieme di edges a sinistra tiene conto solo degli orientamenti ed è rappresentato con un vettore \mathbf{y} di n elementi, mentre l'insieme a destra tiene conto anche dei versi ed è rappresentato da un vettore \mathbf{x} di 2n elementi.

L'idea di tenere conto dei due possibili versi di un edge, che troviamo nel secondo caso, è dovuta a Williams e Thornber ([1]) e il vantaggio di una tale misura di affinità è che evitiamo che la forma presenti delle cuspidi. Un chiaro esempio lo vediamo in figura 6.2: a sinistra troviamo una curva naturale che si otterrebbe utilizzando una misura di affinità che tiene conto del verso; a destra invece troviamo il risultato che si potrebbe ottenere se non si tenesse conto del verso.

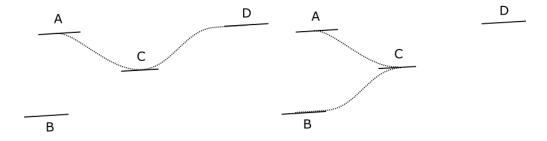


Figura 6.2: Vediamo a sinistra la forma che si otterrebbe con una misura che tiene conto del verso degli edge; a destra invece troviamo una curva con una cuspide nell'edge C, che si ottiene con una misura che non tiene conto del verso degli edges.

Lo svantaggio d'altro canto di una misura che tiene conto del verso degli

edge è che occupa uno spazio quattro volte maggiore rispetto ad una misura che non ne tiene conto, dal momento che ciascun edge viene sdoppiato in modo da avere un edge per ciascuno dei due versi che può assumere.

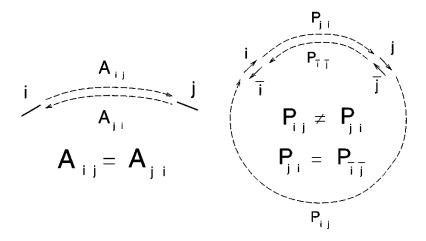


Figura 6.3: La matrice A (sinistra) di dimensione $n \times n$, può essere utilizzata per rappresentare i valori di affinità tra coppie di edges orientati senza verso. La matrice P (destra) di dimensione $2n \times 2n$, può essere utilizzata per rappresentare i valori di affinità tra coppie di edges orientati con verso.

Dal momento che tratteremo con misure che considerano edges con verso introduciamo una notazione che tornerà utile nel seguito. Posto i l'indice dell'edge (u, v, θ) allora \bar{i} rappresenta l'indice del suo edge opposto $(u, v, \theta + \pi)$. Posto \mathbf{x} un vettore di salienza allora $\bar{\mathbf{x}}$ rappresenta una permutazione di \mathbf{x} in cui i valori relativi ad edges opposti si scambiano, ovvero $x_i = \bar{x}_{\bar{i}}$ (vedi figura 6.4).

Un'altra proprietà che contraddistingue le misure di affinità è la **simmetria** o l'**asimmetria**. Mentre le misure di affinità basate su edges orientati senza verso sono simmetriche, lo stesso non è in generale vero quando si tiene conto del verso. Se consideriamo A una matrice di affinità che tiene conto di edges senza verso e P una matrice di affinità che tiene conto del verso, abbiamo che A = A', mentre in generale $P \neq P'$. Tuttavia seppur non simmetriche, le misure di affinità che tengono conto del verso manifestano un altro tipo di simmetria detta time-reversal, infatti vale la relazione $P_{ij} = P_{ji}$.

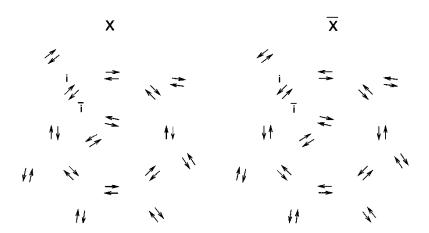


Figura 6.4: I vettori \mathbf{x} e $\bar{\mathbf{x}}$ sono identici a meno di una permutazione che scambia i valori associati ad edges opposti, ovvero $x_i = \bar{x}_{\bar{i}}$ e $x_{\bar{i}} = \bar{x}_i$

6.2 Metodo di Herault and Horaud (HH)

In [14], Herault e Horaud presentano un modello matematico per risolvere il problema della salienza basato sulle nozioni di cocircolarità, smoothness, prossimità e contrasto. Il loro metodo prevede, partendo da un analisi delle interazioni tra gli edges dell'immagine, la costruzione di una funzione di energia quadratica il cui minimo globale fornisce un vettore di salienza che separa il rumore dalla forma. A tal fine la funzione di energia presenta da un lato un termine che vincola gli elementi a raggrupparsi in forme, dall'altro uno che forza l'eliminazione di rumore.

$$E = -E_{saliency} - E_{constraint} (6.1)$$

Quindi il problema della salienza si riduce al seguente problema di programmazione quadratica che può essere risolto da un qualunque algoritmo di ottimizzazione combinatoriale come simulated annealing o mean field annealing.

$$\min_{\mathbf{y}} \left(-\frac{1}{2} \mathbf{y}' H \mathbf{y} - \mathbf{b}' \mathbf{y} \right), \quad \mathbf{y} \in \{-1, +1\}^n$$
 (6.2)

dove $H = A - \alpha \mathbf{e} \mathbf{e}'$, $\mathbf{b} = A \mathbf{e} - \alpha \mathbf{e}$ e α è un parametro legato al rapporto segnale—rumore.

La fase di analisi delle interazioni tra edges dell'immagine termina con la costruzione della matrice $A=(a_{ij})$ i cui elementi misurano l'affinità tra ogni coppia di edges. Si tratta di una misura simmetrica che nasce dalla combinazione di quattro elementi: la cocircolarità e lo smoothness, che vincolano rispettivamente la forma ad essere il più circolare possibile, o come caso speciale, il più lineare possibile, e ad avere un raggio di curvatura basso; la prossimità e il contrasto, che rendono l'affinità tra due edges proporzionale alla loro distanza e al loro gradiente. Ciascuno di questi elementi si traduce in un coefficiente il cui prodotto misura l'affinità tra due edges.

$$a_{ij} = c_{ij}^{COCIR} \cdot c_{ij}^{SMOOTH} \cdot c_{ij}^{PROX} \cdot c_{ij}^{CONTRAST}$$
 (6.3)

Cocircolarità

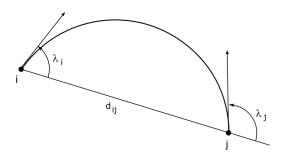


Figura 6.5: Esempio di cocircolarità tra due edgels i e j.

Al fine di ottenere forme il più circolari possibili vogliamo che due edgels appartengano ad uno stesso cerchio. Affinché ciò sia possibile deve valere che

$$\lambda_i + \lambda_j = \pi \tag{6.4}$$

dove λ_i è l'angolo formato da un edgel e la linea che congiunge i due edgels (vedi figura 6.5). La linearità appare come caso speciale di cocircolarità quando $\lambda_i = 0$ e $\lambda_j = \pi$ o viceversa.

Quindi una misura della similarità tra due edgel sulla base della cocircolarità è data da

$$\Delta_{ij} = |\lambda_i + \lambda_j - \pi| \tag{6.5}$$

dove Δ_{ij} varia da 0 (cerchio perfetto) a π (nessuna forma). Infine il coefficiente di cocircolarità è vincolato a valori che vanno da 0 per il rumore a 1 per il cerchio ed è definito da

$$c_{ij}^{COCIR} = \left(1 - \frac{\Delta_{ij}^2}{\pi^2}\right) \exp\left(-\frac{\Delta_{ij}^2}{k}\right) \tag{6.6}$$

dove k è un parametro che regola la velocità con cui diminuisce il coefficiente all'aumentare dello scostamento dalla circonferenza perfetta.

Smoothness

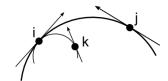


Figura 6.6: Esempio di smoothness

Supponiamo di trovarci di fronte ad un caso come in figura 6.6, in cui le coppie di edgels (i, j) e (i, k) hanno lo stesso coefficiente di cocircolarità solo che il raggio delle due circonferenze è diverso. Dal momento che la nostra preferenza è orientata verso curve dolci, che meglio modellano le forme naturali, vogliamo che l'interazione (i, j) sia più forte dell'interazione (i, k).

Possiamo allora definire il coefficiente di smoothness nel seguente modo.

$$c_{ij}^{SMOOTH} = \left(1 - \frac{\lambda_i(\pi - \lambda_i)}{\pi^2}\right) \left(1 - \frac{\lambda_j(\pi - \lambda_j)}{\pi^2}\right)$$
(6.7)

per il quale $c_{ij}^{SMOOTH} > c_{ik}^{SMOOTH}$.

Prossimità

Il vincolo della prossimità fa in modo che edgels che appartengono alla stessa forma siano il quanto più vicini tra di loro, quindi il coefficiente di prossimità dev'essere espresso in modo che valga uno se i due edgels si trovano nella

stessa posizione, e tenda a zero a mano a mano che la distanza aumenta:

$$c_{ij}^{PROX} = exp\left(-\frac{d_{ij}^2}{2\sigma_d^2}\right) \tag{6.8}$$

dove d_{ij} è la distanza tra due edgels e σ_d è una frazione della deviazione standard di tutte queste distanze sull'immagine.

Contrasto

L'ultimo coefficiente presuppone che l'interattività tra due edgel sia proporzionale al loro gradiente, in modo da dare più valore ad edgels con un alto gradiente:

$$c_{ij}^{CONTRAST} = \frac{g_i g_j}{g_{MAX}^2} \tag{6.9}$$

dove g_{MAX} è il gradiente massimo calcolato sull'intera popolazione di edges.

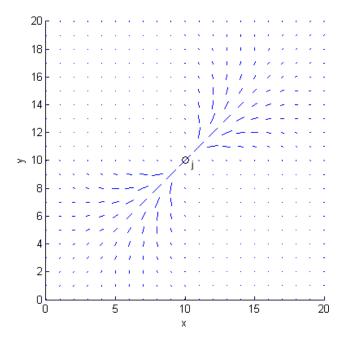


Figura 6.7: Grafico delle affinità con la misura di HH rispetto ad un edge j nel punto $(10, 10, \frac{\pi}{4})$. L'orientamento di ogni altro edge è quello che massimizza l'affinità e la lunghezza dei segmenti è proporzionale a quest'ultima.

Per comprendere meglio il modo con cui questi coefficienti influenzano

l'affinità tra edges, abbiamo creato in figura 6.7 il grafico delle affinità rispetto ad un edge j, rappresentato dal pallino al centro, con orientamento $\frac{\pi}{4}$. L'orientamento di ogni altro edge è quello che massimizza l'affinità con j e la lunghezza del segmento è proporzionale a quest'ultima. Possiamo vedere chiaramente come la misura sia simmetrica e come la combinazione dei coefficienti di cocircolarità e smoothness facciano in modo che edges giacenti su circonferenze di raggio più grande abbiano un affinità maggiore. Inoltre il coefficiente di prossimità fa in modo che edges più distanti abbiano un affinità minore rispetto a quelli più vicini.

6.3 Metodo di Williams e Thornber (WT)

Nel 1997 Williams e Jacobs ([15]) descrivono un metodo per creare una rappresentazione per contorni illusori e bordi di superfici occluse chiamato stochastic completion field. Il valore di un punto (u, v, θ) del campo stocastico rappresenta la probabilità che una particella, che segue un moto stocastico, passi attraverso (u, v, θ) lungo un percorso che congiunge due punti chiave (vedi figura 6.8).

Williams e Thornber in [1] riprendono quest'idea e la applicano al problema della salienza, considerando la salienza di un edge i come la probabilità che una particella, seguendo un moto stocastico, attraversi i lungo un percorso che congiunge altri due edges. Il vettore di salienza è dato dal prodotto (componente per componente) di \mathbf{x} e $\bar{\mathbf{x}}$ dove $\mathbf{x} = P\mathbf{e}$. Il valore di x_i rappresenta la probabilità che una particella raggiunga l'edge i (nel verso dell'edge) partendo da qualche altro edge j. La salienza di i è quindi rappresentata da $x_i\bar{x}_i$ (la probabilità che una particella raggiunga lo stesso edge ma dal verso opposto). In base alla simmetria time-reversal, possiamo vedere che questo corrisponde alla probabilità che una particella, che inizia il suo moto in un qualche edge, passi attraverso i e raggiunga qualche altro edge.

Nella misura di Williams e Thornber, la salienza di un edge è data dal numero relativo di *random walk* chiusi che visitano quell'edge. Con random

 $^{^1{\}rm un}$ punto chiave è una parte sensibile dell'immagine che può rappresentare un'estremità di un contorno illusorio. Generalmente è in corrispondenza di uno spigolo dell'immagine.

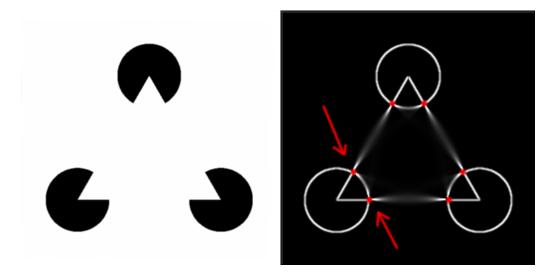


Figura 6.8: Esempio di stochastic completion field. A sinistra l'immagine originale. A destra il relativo stochastic completion field: i punti in rosso indicati dalle frecce rappresentano i punti chiavi dell'immagine.

walk, o cammini chiusi, intendiamo una sequenza di edges visitati da una particella con probabilità di transizione data dalla matrice P. Con random walk chiuso intendiamo un random walk che inizia e termina sullo stesso edge. La probabilità che una particella locata sull'edge i al tempo t, sia sull'edge j al tempo t+1 è data dalla somma delle probabilità di tutti i cammini tra i e j. Da ciò segue che la distribuzione di random walks di lunghezza t+1 è legata alla distribuzione di random walks di lunghezza t attraverso la moltiplicazione per la matrice P. Se $x_i^{(t)}$ rappresenta la frazione di random walks di lunghezza t che termina nell'edge i (rispettando il verso), allora $x_i^{(t+1)}$ è data dalla seguente equazione:

$$x_i^{(t+1)} = \frac{\sum_j P_{ij} x_j^{(t)}}{\sum_j \sum_k P_{jk} x_k^{(t)}}$$
(6.10)

dove il denominatore è un termine di normalizzazione che, nel punto fisso dell'equazione, corrisponde all'autovalore λ relativo all'autovettore \mathbf{x} di P.

$$\lambda \mathbf{x} = P\mathbf{x} \tag{6.11}$$

Moltiplicando ambo i membri per $\bar{\mathbf{x}}'$ possiamo isolare λ ottenendo

$$\lambda = \frac{\bar{\mathbf{x}}' P \mathbf{x}}{\bar{\mathbf{x}}' \mathbf{x}} \tag{6.12}$$

Dal momento che P non è simmetrica non c'è la garanzia che \mathbf{x} massimizzi l'espressione 6.12. Non solo, sebbene \mathbf{x} sia un punto fisso di 6.10, non c'è garanzia che un processo che inizi con un vettore casuale converga ad \mathbf{x} applicando ripetutamente l'equazione.

Un qualunque random walk di lunghezza infinita che inizia e termina nell'edge i può essere decomposto in un numero infinito di random walk chiusi ciascuno dei quali visita i esattamente una volta; dal momento che ogni edge i è l'inizio e la fine di un random walk di lunghezza infinita, concludiamo che il numero relativo di random walk chiusi che visitano l'edge i e il numero relativo di random walk di lunghezza infinita che iniziano e finiscono nell'edge i, sono in corrispondenza biunivoca. La seguente espressione fornisce il numero relativo di random walks di lunghezza infinita che iniziano e finiscono nell'edge i:

$$c_i = \lim_{t \to \infty} \frac{P_{ii}^t}{\sum_j P_{jj}^t} = \frac{x_i \bar{x}_i}{\mathbf{x}' \bar{\mathbf{x}}}$$

$$(6.13)$$

Dal momento che c_i è anche il numero relativo di random walk chiusi che passano per l'edge i, \mathbf{c} rappresenta il vettore di salienza per il metodo di Williams e Thornber.

Finora abbiamo descritto il metodo utilizzato da Williams e Thornber per determinare il vettore di salienza dalla matrice di affinità, ma non abbiamo ancora definito come questa viene calcolata. In [1] troviamo il metodo da loro utilizzato per calcolare la misura di affinità². L'affinità tra una coppia di edge (i, j) con verso è definita da

$$P_{ji} \equiv P'(j|i) = \int_0^\infty dt P(j|i;t) \approx FP(j|i,t_{opt})$$
 (6.14)

dove P(j|i;t) è la probabilità che una particella, che inizia il suo moto stocastico in (x_i, y_i, θ_i) al tempo 0 sarà in (x_j, y_j, θ_j) al tempo t. L'affinità tra due

²per un approfondimento sul come è stato derivato rimandiamo a [16]

edges è il valore di questa espressione integrata su tutta la durata del moto stocastico, P'(j|i). L'integrale è poi approssimato analiticamente utilizzando il metodo di discesa del gradiente. L'approssimazione è data dal prodotto di P valutato al tempo t_{opt} in cui l'integrale è massimizzato, e un fattore extra F. L'espressione di P al tempo t è data da

$$P(j|i;t) = \frac{3\exp\left[-\frac{6}{Tt^3}(at^2 - bt + c)\right]\exp\left(-\frac{t}{\tau}\right)}{\sqrt{\frac{\pi^3 T^3 t^7}{2}}}$$
(6.15)

dove

$$a = \frac{[2 + \cos(\theta_j - \theta_i)]}{3}$$

$$b = \frac{[x_{ji}(\cos\theta_j + \cos\theta_i) + y_{ji}(\sin\theta_j + \sin\theta_i)]}{\gamma}$$

$$c = \frac{(x_{ji}^2 + y_{ji}^2)}{\gamma^2}$$

con $x_{ji}=x_j-x_i$ e $y_{ji}=y_j-y_i$. I parametri T (coefficiente di diffusione), τ (vita della particella) e γ (velocità) determinano la distribuzione delle forme. Williams e Thornber utilizzano per i loro esperimenti i seguenti parametri: $T=0.002,\, \tau=5$ e $\gamma=1$. L'espressione 6.15 dev'essere valutata in $t=t_{opt}$, dove t_{opt} è reale positivo e soddisfa la seguente equazione cubica:

$$-\frac{7}{4}t^3 + \frac{3}{T}(at^2 - 2bt + 3c) = 0 ag{6.16}$$

Se l'equazione ammette più di una radice, allora viene scelta quella che massimizza P(j|i;t). Infine il fattore extra F è dato da

$$F = \sqrt{\frac{2\pi t_{opt}^5}{\frac{12}{T}(3c - bt_{opt}) + \frac{7}{2}t_{opt}^3}}$$
 (6.17)

Analogamente a quanto fatto per la misura di Herault e Horaud abbiamo creato in figura 6.9 il grafico delle affinità tra l'edge j con orientamento 0 e gli altri edges. In questo caso però, trattandosi di una misura che tiene conto del verso, ogni edge è rappresentato da un vettore con verso che mas-

simizza il valore di affinità e la lunghezza di ciascun vettore è proporzionale a $\sqrt{\log_{10}(P_{ji}+1)}$. Il motivo per cui abbiamo scalato i valori è dovuto al fatto che la misura presenta picchi altissimi vicino all'edge che descescono molto velocemente più ci si allontata da j o ci si sposta dalla sua traiettoria in linea retta.

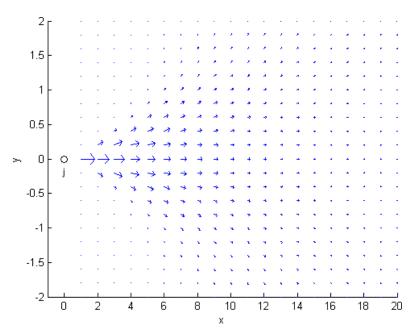


Figura 6.9: Grafico delle affinità con la misura di WT tra un edge j nel punto (0,0,0) e gli altri edges. Il verso di ogni edge è quello che massimizza l'affinità e la lunghezza dei segmenti è proporzionale a $\sqrt{\log_{10}(P_{ji}+1)}$.

Capitolo 7

Nuova tecnica per il problema della salienza

Per dimostrare le potenzialità del nostro approccio al clustering basato sulla teoria dei giochi, in questo capitolo mostreremo alcuni risultati sperimentali ottenuti dall'applicazione delle dinamiche di replicazione con una misura di affinità asimmetrica quale quella proposta da Williams e Thornber. Abbiamo inoltre confrontato i risultati ottenuti con quelli forniti dai due metodi analizzati nei capitoli precedenti: quello di Williams e Thornber e quello di Herault e Horaud. Il confronto è avvenuto su quattro tipologie di immagini:

- forme geometriche con rumore di fondo casuale;
- forme naturali con rumore di fondo casuale;
- forme naturali con pattern di sfondo;
- casi reali.

Vedremo come il nostro metodo sia riuscito ad ottenere in generale risultati migliori rispetto agli altri due e in particolare rispetto al metodo di Williams e Thornber sebbene la misura di affinità su cui si basano sia la stessa.

Nella prima parte del capitolo forniremo una descrizione del nuovo approccio al problema della salienza, per poi analizzare tutti i risultati sperimentali nella parte restante.

7.1 Nuovo approccio

Il metodo che proponiamo consiste nell'applicare le dinamiche di replicazione alla misura di affinità di Williams e Thornber, che abbiamo visto essere asimmetrica, utilizzando gli stessi parametri che adottano in [1]. Quello che ci aspettiamo è che nel punto d'equilibrio, il supporto del vettore che ne risulta, sia formato da edges molto affini l'uno con gli altri, tali da essere considerati un gruppo altamente coeso; nel caso specifico ci aspettiamo sopravvivano alla dinamica solo gli edges della forma. Purtroppo però con questa misura

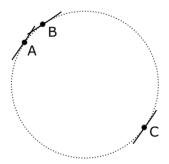


Figura 7.1:

nasce un problema: la forma non è composta da edges tra loro altamente coesi, bensì ogni edge è molto affine agli edges che, nella forma, gli stanno vicino. Se consideriamo l'esempio in figura 7.1 abbiamo che per la misura di Williams e Thornber, gli edges A e B hanno un affinità molto alta, mentre C e A o C e B hanno un'affinità tendente a zero. Per questo stesso motivo infatti, nel grafico delle affinità in figura 6.9, siamo stati costretti a scalare i valori con la funzione $\varphi(x) = \sqrt{\log_{10}(x+1)}$ per ottenere la distribuzione in figura.

Consideriamo ora un immagine composta da un cerchio di 30 edges distribuiti casualmente lungo la circonferenza, e 100 edges di rumore casuale. In figura 7.2 (a sinistra) abbiamo una rappresentazione grafica in scala di grigi della matrice di affinità di Williams e Thornber che ne risulta, dove l'intensità del colore è inversamente proporzionale al valore di affinità; anche in questo caso siamo stati costretti a scalare i valori con la funzione φ per ottenere un risultato visivo significativo. Come possiamo vedere ci sono due

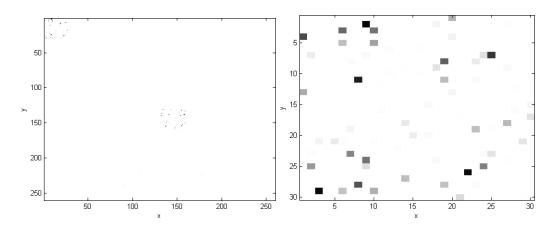


Figura 7.2: Grafico in scala di grigi della matrice di affinità di Williams e Thornber per un'immagine con un cerchio di 30 edges e un rumore di 100 edges (a sinistra). A destra, un ingrandimento del grafico relativo ai primi 30 edges. L'intensità di colore nel punto (i, j) è inversamente proporzionale a $\sqrt{\log_{10}(P_{ij}+1)}$.

zone quadrate in cui si concentrano i valori di affinità più elevati; queste corrispondono agli edges della forma considerati, rispettivamente, nei due possibili versi. Vediamo anche che la coesione di questo gruppo di edges non è alta.

In figura 7.3, a sinistra, abbiamo raffigurato il vettore di salienza \mathbf{x} che abbiamo ottenuto dalle dinamiche di replicazione portate a convergenza con la matrice di affinità. A destra invece abbiamo il vettore di salienza \mathbf{y} ottenuto riportando \mathbf{x} ad uno spazio di edges senza verso combinando le salienze degli edges opposti attraverso una moltiplicazione: per ogni $i, y_i = x_i x_i$. Come possiamo vedere abbiamo pochi edges con salienze elevate e il problema è dovuto alla struttura della matrice di Williams e Thornber che impedisce una buona coesione interna tra tutti gli elementi del gruppo. Questo porta ad avere un supporto con picchi alti e valori tendenti a zero, che rendono difficoltosa l'individuazione del supporto stesso. Possiamo verificare facilmente questo fatto, andando a vedere in figura 7.4 l'andamento in scala logaritmica dei vettori di salienza della figura 7.3. Gli edges della figura sono più salienti degli edges rumorosi, ma di un ordine di grandezza molto piccolo, che rende difficile stabilire la soglia sotto la quale possiamo considerare un edge fuori

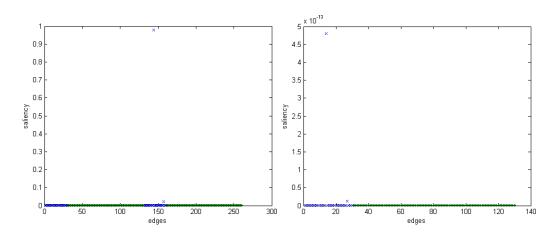


Figura 7.3: A sinistra abbiamo il vettore di salienza ottenuto dalle dinamiche di replicazione per la matrice in figura 7.2. A destra abbiamo lo stesso vettore riportato ad uno spazio di edges senza verso moltiplicando tra loro le salienze relative ad edges opposti.

dal supporto.

Una tecnica che si può utilizzare per aumentare il grado di coesione tra gli edges della forma e quindi ottenere un supporto migliore dalle dinamiche consiste nella chiusura della matrice di affinità. Trovare però una chiusura adatta, che non faccia entrare a far parte della forma troppo rumore è difficile. Quindi abbiamo optato per un'altra soluzione, ovvero trovare un modo per normalizzare e sogliare adeguatamente il vettore di salienza restituito dalle dinamiche. La tecnica che abbiamo adottato consiste nel considerare come vettore di salienza la variazione di salienza rispetto all'edge meno saliente, quindi posto \mathbf{x} il vettore di salienza ottenuto dalle dinamiche e riportato allo spazio di edges senza verso, ci calcoliamo per ogni $i z_i = \frac{x_i}{\max_j x_j} - 1$. A questo punto sogliamo opportunamente \mathbf{z} per estrarre gli edges della forma.

Nei nostri test, abbiamo notato che già dopo un iterazione, le dinamiche riescono a separare bene la forma dal rumore; in figura 7.5 abbiamo a sinistra il vettore di salienza per l'esempio del cerchio con rumore di sfondo, ottenuto dopo 10000 iterazioni delle dinamiche, a destra quello ottenuto dopo 1 iterazione. In entrambi i casi il vettore è stato riscalato rispetto all'edges meno saliente. Inoltre abbiamo visto sperimentalmente che con convergenze in 1 passo, 10^{-4} rappresenta una buona soglia per il vettore di salienza.

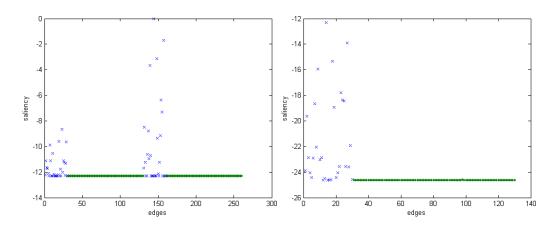


Figura 7.4: Stessi grafici in figura 7.3 con scala logaritmica.

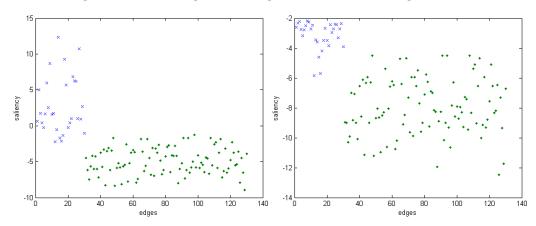


Figura 7.5: A sinistra vettore di salienza ottenuto con 10000 iterazioni delle dinamiche. A destra quello ottenuto con un'iterazione. In entrambi i casi al vettore di salienza è stato normalizzato per separare meglio il supporto.

7.2 Risultati sperimentali

In questa sezione confronteremo il nostro metodo (che indicheremo con NA-SH) con quelli di Herault e Horaud (che indicheremo con HH) e Williams e Thornber (che indicheremo con WT).

Effettueremo quattro tipologie di test:

- forme geometriche con rumore casuale: dove verranno considerate diverse forme geometriche a diversi rapporti segnale-rumore;
- forme naturali con rumore casuale: dove verranno considerate diverse

forme naturali con un rapporto segnale—rumore pari al 25%;

- forme naturali con pattern di sfondo: dove verranno considerate diverse forme naturali poste su un pattern di sfondo, con un rapporto segnale—rumore pari al 25%;
- caso reale: dove prenderemo un'immagine reale e analizzeremo le forme che ciascun metodo considera più salienti.

I risultati ottenuti con i primi tre tipi di test saranno valutati sulla base di due indici:

False Negative Rate (FNR) indica la frazione di falsi negativi¹ rispetto al numero totale di edges positivi².

$$FNR = \frac{FN}{m} \tag{7.1}$$

dove FN è il numero di falsi negativi e m è il numero di edges positivi.

False Positive Rate (FPR) indica la frazione di falsi positivi³ rispetto al numero totale di edges rumorosi.

$$FPR = \frac{FP}{r} \tag{7.2}$$

dove FP è il numero di falsi positivi e r è il numero di edges rumorosi.

7.2.1 Forme geometriche con rumore di fondo casuale

In questa sezione vedremo i test effettuati su forme geometriche composte da 50 edges (70 per la stella) distribuiti casualmente sul loro contorno, dove abbiamo considerato del rumore crescente in modo da valutare l'influenza che questo ha sui vari metodi. In particolare per ciascuna forma abbiamo effettuato 11 test con rumore composto da 0 fino a 300 edges con incremento

 $^{^{1}}$ numero di edges che il metodo ha erroneamente considerato rumore.

²numero di edges della forma.

³numero di edges che il metodo ha erroneamente considerato positivi.

di 30 edges. Ciascun test è stato inoltre ripetuto 10 volte per poi considerare i FNR e FPR medi.

Le forme che abbiamo considerato sono quattro: cerchio, triangolo, quadrato e stella.

Cerchio

In questo test la forma scelta è un cerchio che è la figura base utilizzata da Williams e Thornber per i test di WT, solo che rispetto a loro gli edges della forma non sono uniformemente distribuiti sulla circonferenza e vedremo che questo influirà sul FNR del loro metodo.

Vediamo in figura 7.6 che WT si comporta molto bene nel FPR con una percentuale del 0.2% in quanto nessun edge rumoroso viene considerato saliente, tuttavia va male nel FNR con una percentuale del 14.6%. NASH invece presenta una situazione più equilibrata in quanto ha un FPR non tanto alto, solo 3.0%, e un FNR del 5.8% decisamente più basso degli altri due metodi. Il metodo HH è quello che, tra i tre metodi presenta sia un FPR alto con 5.0% che un FNR alto con 12.2%, sebbene quest'ultimo sia leggermente inferiore a quello di WT.

Nelle figure 7.7 e 7.8, troviamo i grafici relativi alla batteria di test a rumore variabile. Il metodo WT in questo test, ma come vedremo anche in tutti gli altri a parte certi casi, presenta un FPR estremamente basso e un FNR più alto rispetto agli altri metodi; questo perché è un metodo che tende a considerare saliente in generale solo una parte della forma. Il metodo HH invece risente maggiormente del rumore, infatti vediamo che il FNR cresce fino a raggiungere quasi i livelli di WT, ma allo stesso tempo cresce il FPR; questo significa che in presenza di rumore tende a considerare salienti edges rumorosi a discapito di edges positivi. Infine NASH è un metodo che ha un maggior equilibrio tra FNR e FPR: il FNR è molto contenuto rispetto agli altri due metodi, quindi quasi tutto il cerchio viene considerato saliente, anche se in presenza di rumore elevato; il FPR ne risente un po' di più, in particolare con rapporti segnale—rumore superiori al 33%, ma in ogni caso è migliore di HH.

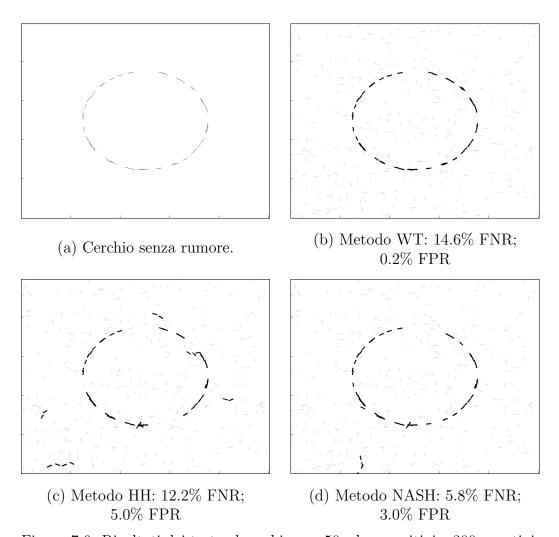


Figura 7.6: Risultati dei test sul cerchio con 50 edges positivi e 300 negativi.

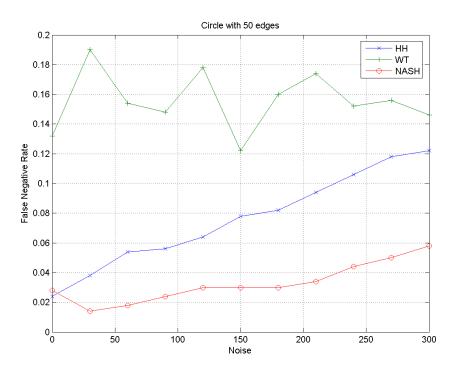


Figura 7.7: FNR dei test sul cerchio.

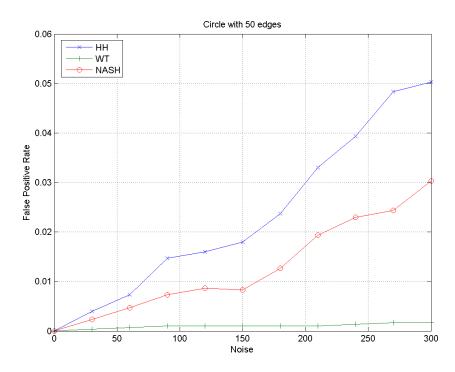


Figura 7.8: FPR dei test sul cerchio.

Triangolo

In questo test abbiamo preso in considerazione il triangolo, che contrariamente al cerchio, è una figura con cui il metodo WT ha difficoltà. Tuttavia vedremo che NASH, seppur utilizzando la stessa misura di affinità, ottiene buoni risultati.

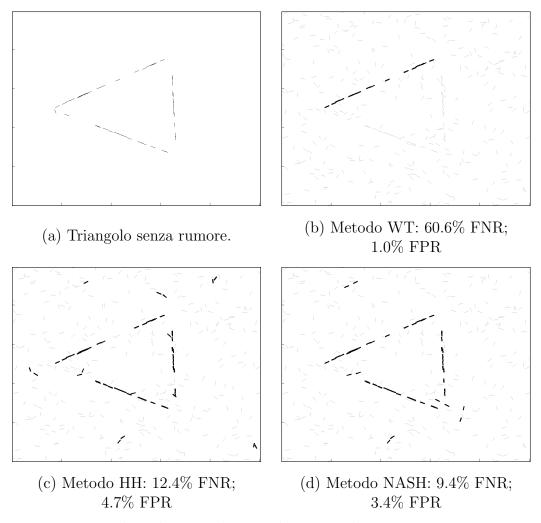


Figura 7.9: Risultati dei test sul triangolo con 50 edges positivi e 300 negativi.

In figura 7.9 vediamo chiaramente come WT riesca ad estrarre solo un lato del triangolo, in particolare quello che presenta una distribuzione degli edges un po' più uniforme. Anche in questo caso WT ottiene un FPR del-l'1.0%, molto basso rispetto agli altri due metodi; dall'altro lato ha un FNR

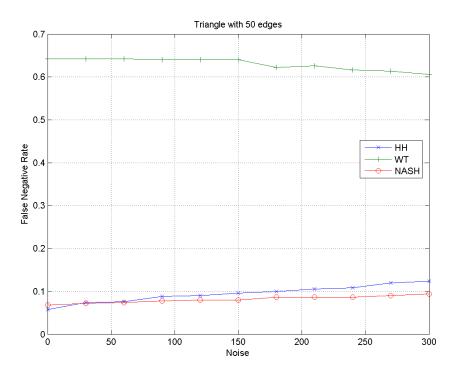


Figura 7.10: FNR dei test sul triangolo.

estremamente alto che raggiunge il 60.6%. NASH ottiene buoni risultati sia in termini di FNR con un 9.4%, che in termini di FPR con un 3.4%. Il metodo HH si comporta un po' peggio di NASH, ma meglio di WT con un FNR del 12.4% e un FPR del 4.7%.

Facciamo notare una difficoltà della misura di Williams e Thornber a fare curvature, tanto da estrarre nella maggior parte dei casi solo edges in linea retta; come possiamo vedere in figura 7.9d, il rumore che è stato estratto da NASH consiste in coppie di edges vicini in linea retta, mentre in figura 7.9c vediamo che HH estrae edges rumorosi, sempre di coppie vicine, ma che arrivano ad avere curvature maggiori.

Nelle figure 7.10 e 7.11, vediamo che in linea generale i metodi HH e NASH presentano un andamento vicino, lievemente in favore di NASH. WT invece come già evidenziato presenta un FPR molto basso che rimane sotto l'1%, ma un FNR estremamanete alto, costantemente sopra il 60%.

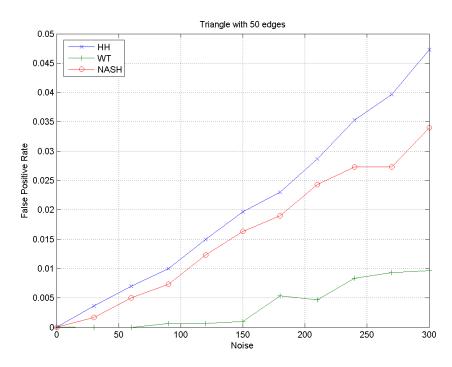


Figura 7.11: FPR dei test sul triangolo.

Quadrato

In questo test vedremo il comportamento di ciascun metodo con un quadrato.

In figura 7.12 vediamo che WT si comporta bene, il FPR è come al solito molto basso con un 0.1%, e anche il FNR con un 19.6% si avvicina ai livelli ottenuti per il cerchio; le difficoltà che incontra il metodo sono dovute soprattutto agli edge che si trovano ai vertici del quadrato che non entrano a far parte della forma. NASH da questo punto di vista si comporta meglio; ha un FNR più basso rispetto agli altri due metodi, 7.4%, e un FPR di solo 2.2%. Il metodo HH ha invece un comportamento lievemente peggiore rispetto a NASH in entrambi gli indici con un FNR del 10.0% e un FPR del 6.6%.

Se guardiamo nelle figure 7.13 e 7.14 i grafici dei metodi al variare del rumore, vediamo che NASH e HH presentano una crescita simile nel FNR, sebbene quello di NASH risulti di circa 2 punti percentuali più basso. Il FPR invece mostra come HH tende ad estrarre più rumore rispetto agli altri due metodi con una crescita marcata; NASH invece presenta una crescita più contenuta che rimane in generale sotto il 2%. WT continua a presentare

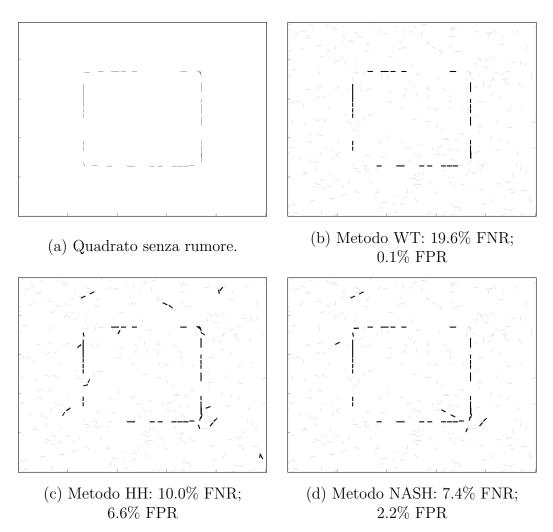


Figura 7.12: Risultati dei test sul quadrato con 50 edges positivi e 300 negativi.

FPR bassissimi, ma FNR decisamente più alti rispetto a NASH e HH.

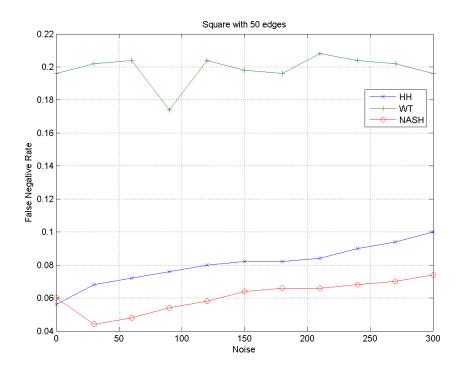


Figura 7.13: FNR dei test sul quadrato.

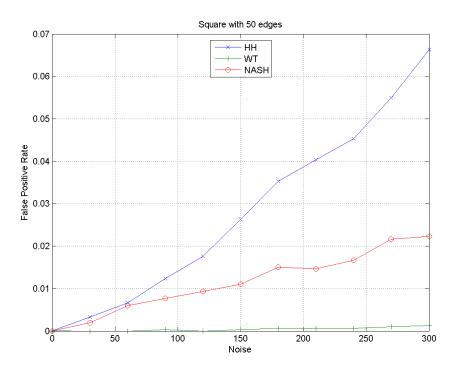


Figura 7.14: FPR dei test sul quadrato.

Stella

La stella è un test particolarmente difficile, infatti WT, analogamente a quanto successo col triangolo, non riesce ad estrarne la forma; NASH riesce a sfruttare meglio la misura di affinità ed estrarre in modo abbastanza buono la forma; anche HH si comporta bene nonostante estragga più rumore rispetto agli altri due metodi.

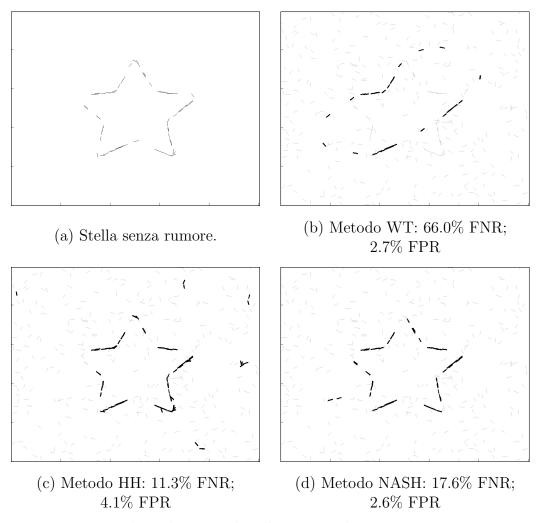


Figura 7.15: Risultati dei test sul stella con 70 edges positivi e 300 negativi.

Dalla figura 7.15 vediamo come WT curiosamente riesca ad estrarre dall'immagine una forma diversa dalla stella, a dimostrazione del fatto che la stella rappresenta per WT una forma nel complesso poco saliente. Per questo

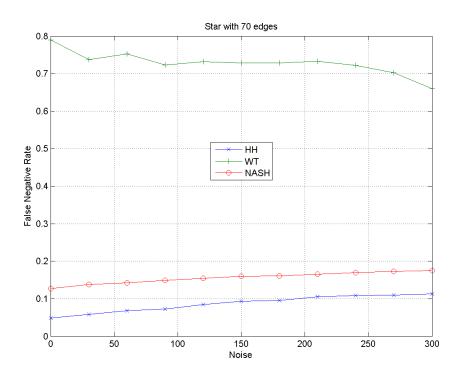


Figura 7.16: FNR dei test sul stella.

motivo questa volta WT ottiene un FPR più alto rispetto al solito con un 2.7% e un FNR del 66.0%. Il metodo HH questa volta ha un FNR migliore rispetto agli altri metodi con un 11.3%, contro un 17.6% di NASH. Va un po' peggio con il FPR in cui è NASH ad ottenere i risultati migliori con un 2.6% rispetto ad un 4.1% di HH.

Dall'analisi dei grafici in figura 7.16 e 7.17 vediamo che, per NASH e HH la velocità di crescita del FNR è la stessa, con la differenza che HH si trova 6–7 punti percentuali più in basso di NASH. WT invece presenta una percentuale di falsi negativi molto alta, in generale sopra il 70%. Per quanto riguarda il FPR, NASH ha un andamento che si avvicina a quello di WT e risulta essere migliore di HH, che presenta una crescita di falsi positivi più marcata.

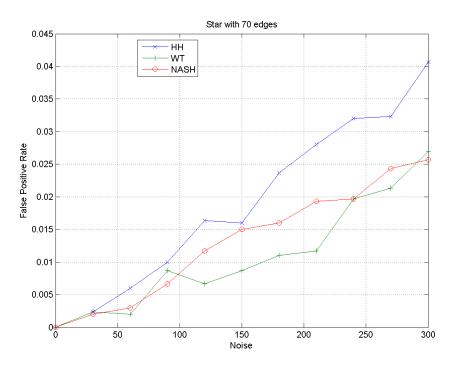


Figura 7.17: FPR dei test sul stella.

7.2.2 Forme naturali con rumore casuale

In questa sezione analizzeremo dei test effettuati su forme naturali composte da 75 edges e rumore di fondo casuale formato da 300 edges, per una percentuale segnare—rumore del 25%. Ciascun test è stato ripetuto 5 volte per poi prendere il valore di FNR e FPR medi.

Le forme naturali selezionate sono tre: banana, tamarillo e patata.

Banana

In figura 7.19 possiamo vedere i risultati dei test sulla banana in figura 7.18a. Possiamo vedere che WT anche in questo caso genera una forma che parzialmente coincide con la banana, ottenendo così un FNR relativamente alto: 37.9%. HH è il metodo che da i risultati migliori con FNR di 10.7% e FPR di 2.8%, anche se la differenza con NASH è piccola (FNR di 12.8%; FPR di 3.1%). NASH, a causa della misura di affinità di Williams e Thornber, fa fatica a chiudere la forma con curve strette per questo motivo la punta e la

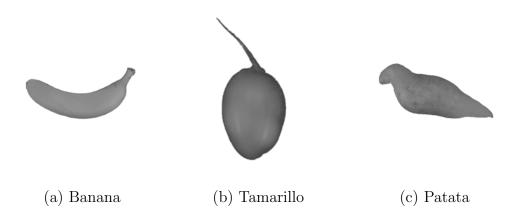


Figura 7.18: Forme naturali utilizzate per i test.

coda della banana risultano aperte, problema che invece non ha il metodo HH.

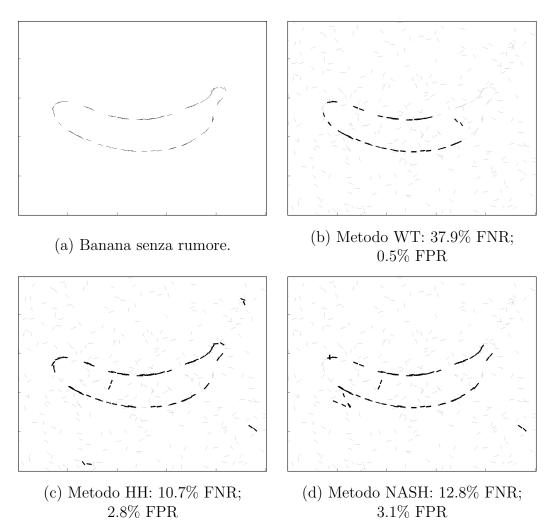


Figura 7.19: Risultati dei test sulla banana con 75 edges positivi e 300 negativi (rumore casuale).

Tamarillo

In figura 7.20 abbiamo i risultati ottenuti col tamarillo in figura 7.18b. NASH ottiene un risultato migliore rispetto agli altri metodi con FNR di 12.8% e FPR di 3.0%, anche se HH non si scosta di molto con FNR e FPR di poco peggiori di NASH (FPR di 3.5%; FNR di 13.1%). Dal momento che questa è una forma abbastanza tondeggiante WT riesce a estrarre bene il corpo del tamarillo, ma non l'apice appuntito. Per questo motivo, sebbene non vi siano falsi positivi, il FNR raggiunge il 47.7%.

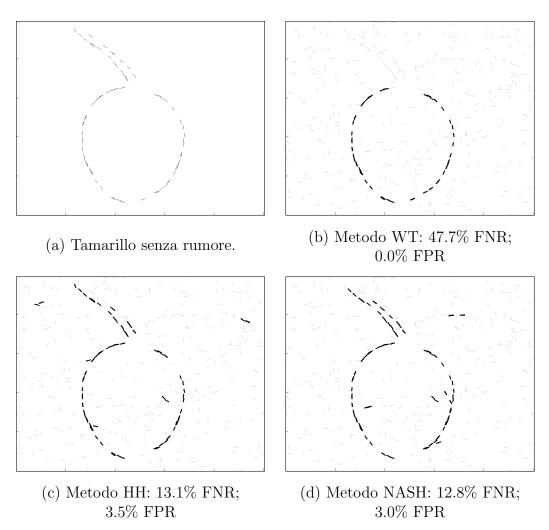


Figura 7.20: Risultati dei test sul tamarillo con 75 edges positivi e 300 negativi (rumore casuale).

Patata

L'ultimo test di questa sezione prende in considerazione la forma di una patata. Come possiamo vedere in figura 7.21 WT riesce ad estrarre abbastanza bene il contorno della forma, anche se ha una percentuale di falsi negativi abbastanza alta con il 41.1%; il FPR invece come al solito è molto basso, 0.2%. Anche HH e NASH riescono a delineare abbastanza bene il contorno della patata con un FNR di, rispettivamente, 11.7% e 15.1% e un FPR di 3.5% e 2.5%.

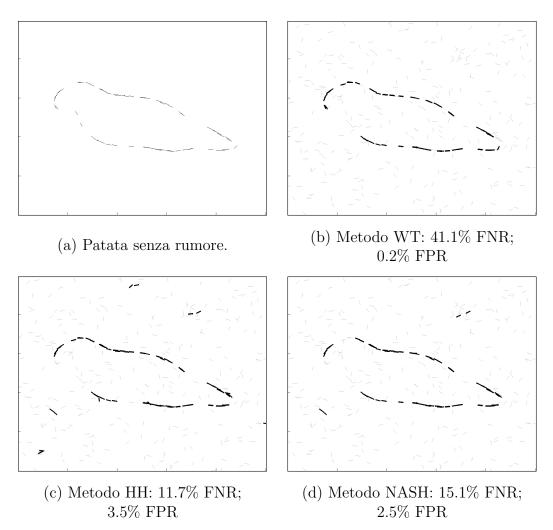


Figura 7.21: Risultati dei test sulla patata con 75 edges positivi e 300 negativi (rumore casuale).

7.2.3 Forme naturali con pattern di sfondo

Vediamo ora una serie di test effettuati sulle stesse forme naturali dei test precedenti, sempre composte da 75 edges, ma anziché avere del rumore di fondo casuale, abbiamo un pattern di sfondo da cui estraiamo 300 edges. Anche in questo caso ciascun test è stato ripetuto 5 volte per poi prendere il valore di FNR e FPR medi. Il pattern di sfondo utilizzato è quello in figura 7.22.



Figura 7.22: Pattern utilizzato per i test.

Banana

In figura 7.23 abbiamo i test condotti sulla banana con pattern di sfondo. Se confrontiamo questi risultati con quelli ottenuti nei test con rumore casuale, vediamo che HH peggiora sensibilmente passando ad un FNR del 20.3% e un FPR del 8.9%; NASH viceversa mantiene buoni risultati con un FNR del 9.1% e un FPR del 6.0% risultando il migliore dei tre metodi; WT invece continua a estrarre solo una parte della forma ottenendo un FNR del 44.8% e un FPR del 0.2%.

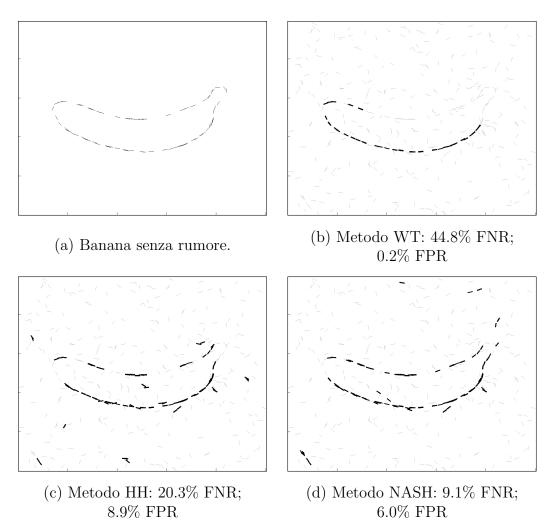


Figura 7.23: Risultati dei test sulla banana con 75 edges positivi e 300 negativi (pattern di sfondo).

Tamarillo

Se analizziamo i risultati in figura 7.24, ottenuti sul tamarillo con pattern di sfondo, possiamo notare come NASH sia il metodo che fornisce i risultati migliori con un FNR del 19.5% e un FPR del 6.7%. Come per la banana, anche in questo caso il metodo HH risente del rumore di fondo non casuale, ottenendo un FNR del 24.5% e un FPR del 12.4%. I risultati forniti invece da WT rimangono all'incirca gli stessi che avevamo nel test con rumore casuale, con un FNR del 50.4% e un FPR del 0.7%; anche in questo caso infatti la

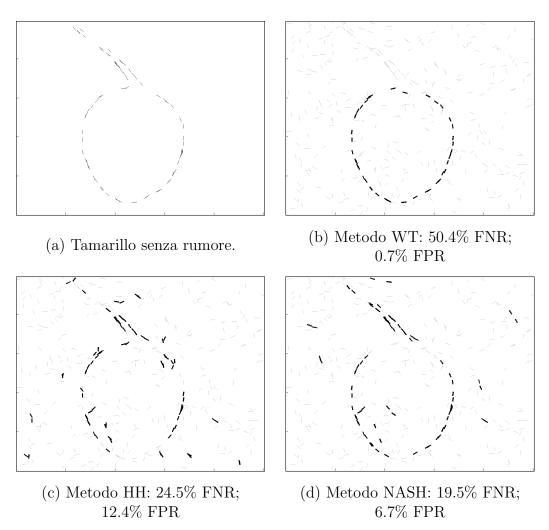


Figura 7.24: Risultati dei test sul tamarillo con 75 edges positivi e 300 negativi (pattern di sfondo).

sua tendenza è stata di estrarre solo il corpo del tamarillo che ha una forma circolare.

Patata

Con quest'ultimo test consideriamo la forma di una patata. Dalla figura 7.21 vediamo che WT riesce ad estrarre abbastanza bene il contorno della forma e rispetto al caso con rumore casuale, abbiamo che entrambi gli indici subiscono un lieve rialzo con un FNR del 45.4% e un FPR del 0.8%. NASH

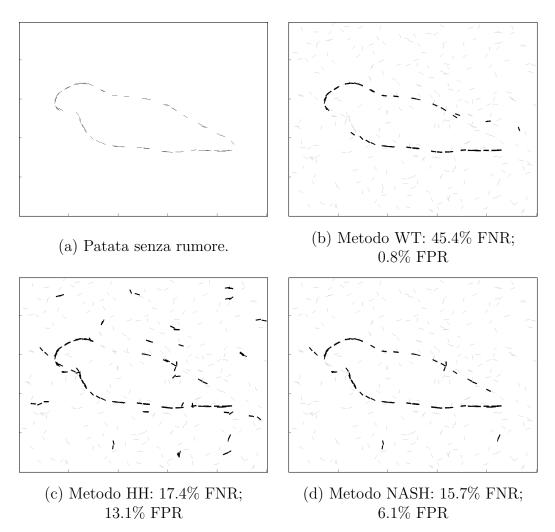


Figura 7.25: Risultati dei test sulla patata con 75 edges positivi e 300 negativi (pattern di sfondo).

riesce a delineare la forma della patata molto meglio di HH in quanto è meno influenzato dal contorno delle foglie sullo sfondo. NASH ottiene un FNR del 15.7% e un FPR del 6.1%. HH invece ottiene un FNR del 17.4% e un FPR del 13.1%.

7.2.4 Casi reali

Abbiamo voluto verificare il comportamento dei diversi metodi su immagini reali. Abbiamo estratto gli edges attraverso l'edge detector e applicato un

filtro in modo da avere una loro distribuzione uniforme nell'immagine, per evitare di avere edges concentrati sul rumore a discapito della forma.

Abbiamo preso in considerazione due immagini: la prima raffigurante un deltaplano e la seconda un elefante.

Deltaplano

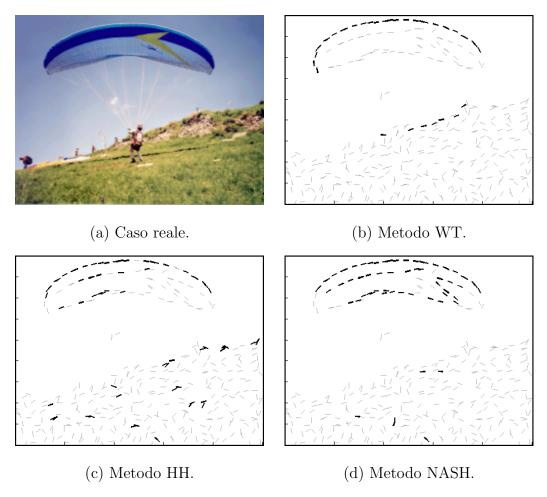


Figura 7.26: Immagini dei risultati sul caso reale del deltaplano.

Vediamo il test del deltaplano in figura 7.26. La forma che subito risalta all'occhio umano è quella del deltaplano, mentre l'erba forma un gruppo di edges rumorosi. Il metodo WT come già visto diverse volte riesce ad estrarre una forma più o meno circolare dall'immagine. Il metodo HH estrae

qualche edge del deltaplano in più rispetto a WT, ma estrae anche diversi edges rumorosi. NASH invece riesce ad estrarre discretamente il deltaplano limitando i FPR a pochissimi edges.

Elefante

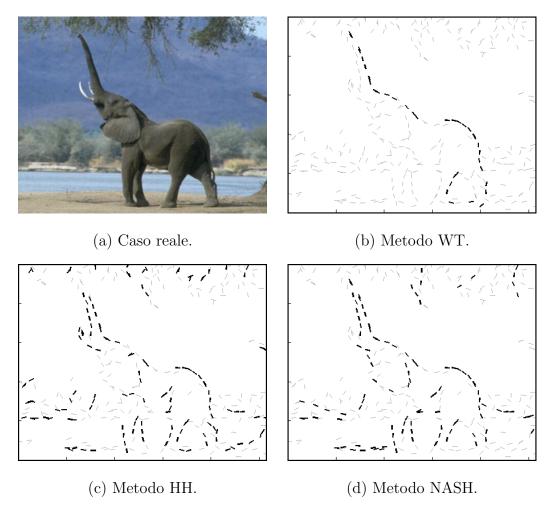


Figura 7.27: Immagini dei risultati sul caso reale dell'elefante.

Il secondo caso reale è quello dell'elefante in figura 7.27. La forma principale è quella dell'elefante in primo piano, mentre lo sfondo, a differenza del caso precedente, crea un rumore meno caotico e più regolare; se guardiamo infatti i rami dell'albero in alto, questi formano sequenze di edges quasi lineari, inoltre è abbastanza delineato il contorno del fiume. WT è abile ad

estrarre solo edges dell'elefante che formano una curva abbastanza morbida, evitando il rumore, ma come già visto in tutti gli esempi di questa tesi, non considera gran parte della forma. HH riesce ad estrarre meglio l'elefante e anche il contorno del fiume, ma assieme a questo estrae anche diversi edges rumorosi. NASH delinea bene l'elefante e rispetto a HH riesce anche a chiudere la testa dell'elefante, con proboscide ed orecchie; inoltre il rumore estratto, rispetto ad HH, è composto da sequenze di edges lineari più lunghe, che possiamo notare in particolar modo sui rami dell'albero.

7.2.5 Alcune note sulla misura di affinità

Tutti i test visti finora hanno considerato l'applicazione del nostro approccio alla misura di affinità di Williams e Thornber, ma vogliamo ribadire il fatto che il nostro metodo è indipendente dalla misura che si decide di adottare. Abbiamo fatto confronti anche col metodo di Herault e Horaud per fare vedere che in generale misure asimmetriche possono portare a risultati migliori rispetto a misure simmetriche. Tuttavia avremmo potuto benissimo applicare il nostro approccio anche direttamente alla misura di Herault e Horaud, ottenendo così risultati paragonabili a quelli ottenuti da loro. In

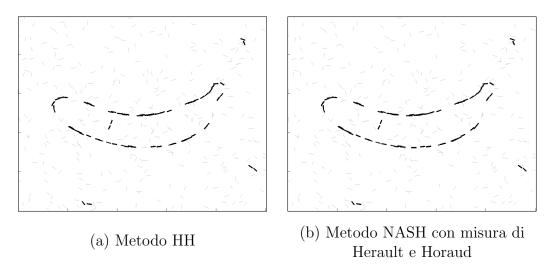


Figura 7.28: Test sulla banana del metodo di NASH applicato alla misura di Herault e Horaud

figura 7.28 abbiamo riproposto il test in figura 7.19, in cui il metodo HH

Capitolo 7. Nuova tecnica per il problema della salienza

dava risultati migliori, per mostrare che, utilizzando la misura di Herault e Horaud, avremmo ottenuto una salienza paragonabile alla loro.

Capitolo 8

Conclusioni

In questa tesi abbiamo presentato un nuovo approccio al clustering che funziona sia con misure di affinità simmetriche che asimmetriche. Il problema viene gestito come fosse un gioco in cui c'è una competizione tra gli elementi per l'appartenenza ad un gruppo. I gruppi vengono così formalizzati in equilibri di Nash che possiamo raggiungere mediante le dinamiche di replicazione.

Abbiamo voluto poi sperimentare la potenzialità e la versatilità di questo metodo risolvendo due problemi importanti che possiamo vedere come casi particolari di clustering: Maximum Clique Problem e il problema della salienza.

Nei capitoli 4 e 5 abbiamo visto come questo approccio innovativo possa essere utilizzato per l'enumerazione di cliques massimali e come, con opportuni accorgimenti, possiamo riuscire a risolvere il problema MCP. In particolare abbiamo proposto due nuovi metodi, RTAH ed RHE. Il primo effettua la ricerca di cliques massime analizzando la traiettoria di convergenza delle dinamiche e i test condotti con questo metodo mostrano come sia in grado di ottenere, su diverse istanze di grafo, risultati migliori rispetto ad altri metodi quali ARH e CBH, e in particolare rispetto a quelli basati sulle dinamiche di replicazione. Il secondo invece, che utilizza la tecnica di enumerazione di cliques, ha dato risultati ottimi in particolare con famiglie di grafi difficili come i "keller" e i "san".

Nei capitoli 6 e 7 abbiamo invece visto un'applicazione del nostro metodo al problema della salienza utilizzando una misura di affinità asimmetrica introdotta da Williams e Thornber. Gli esperimenti condotti su immagini sintetiche, naturali e reali hanno dimostrato che il nostro approccio ottiene risultati migliori rispetto ad altri metodi in letteratura che si basano su misure di affinità simmetriche o esplicitamente progettati per far uso di affinità asimmetriche. In particolare facciamo notare che se paragoniamo il nostro metodo al metodo WT, dove entrambi utilizzano la stessa misura di affinità, vediamo che i risultati ottenuti sono decisamente migliori su quasi tutti i test condotti.

Quindi per concludere possiamo considerare questo nuovo approccio basato sulla teoria dei giochi un ottimo strumento per la risoluzione di problemi di clustering anche in situazioni in cui la misura di affinità non soddisfa proprietà metriche.

8.1 Sviluppi futuri

Questa tesi lascia aperte diverse strade per ricerche future. Iniziando dalla parte di tesi che si occupa del Maximum Clique Problem, abbiamo sperimentalmente visto che analizzando la traiettoria di convergenza delle dinamiche riusciamo ad ottenere quasi sempre clique di dimensione maggiore rispetto all'equilibrio cui la dinamica tenderebbe, ma non abbiamo fornito una giustificazione teorica. Inoltre sarebbe interessante vedere se è possibile combinare questo risultato con l'algoritmo ARH.

Per quanto riguarda il teorema 11 di enumerazione di clique massimali, abbiamo dimostrato che se $\mathbf{x} \in \Delta^{ESS}$, e sono rispettate la altre ipotesi del teorema, allora \mathbf{x} è il vettore caratteristico di una clique non ancora enumerata; tuttavia noi riteniamo che si possa dimostrare che se \mathbf{x} è asintoticamente stabile, allora \mathbf{x} è il vettore caratteristico di una clique non ancora enumerata.

Nella parte di tesi relativa alla salienza, abbiamo evidenziato il problema che, se la matrice di affinità non consente di avere gruppi altamente coesi, il supporto del punto di equilibrio delle dinamiche di replicazione non è facilmente individuabile. Noi abbiamo proposto una tecnica per farlo senza

Capitolo 8. Conclusioni

chiudere la matrice, ma sarebbe secondo noi più opportuno riuscire a trovare un modo per effettuare una chiusura che dia comunque buoni risultati, o riuscire a trovare una misura di affinità in cui le figure sono formate da gruppi di edges altamente coesi.

Bibliografia

- [1] L. R. Williams and K. K. Thornber, "A comparison of measures for detecting natural shapes in cluttered backgrounds," *International Journal of Computer Vision*, vol. 34, pp. 81–96, 2000.
- [2] V. Roth, J. Laub, M. Kawanabe, and J. M. Buhmann, "Optimal cluster preserving embedding of nonmetric proximity data," *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 25, pp. 1540–1551, 2003.
- [3] D. W. Jacobs, Q. Weinshall, and Y. Gdalyahu, "Classification with non-metric distances: Image retrieval and class representation," *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, vol. 22(6), pp. 583–600, 2000.
- [4] J. Maynard Smith, Evolution and the theory of games. Cambridge University Press, 1982.
- [5] M. Pelillo and M. Pavan, "A new framework for pairwise clistering and segmentation," 2003.
- [6] T. S. Motzkin and E. G. Strauss, "Maxima for graphs and a new proof of a theorem of Turán," *Canad. J. Math.*, vol. 17, pp. 533–540, 1965.
- [7] L. E. Gibbons, D. W. Hearn, P. M. Paradalos, and M. V. Ramana, "Continuous characterizations of the maximum clique problem," *Math. Oper. Res.*, vol. 22, pp. 754–768, 1997.
- [8] M. Pelillo and A. Jagota, "Feasible and infeasible maxima in quadratic program for maximum clique," J. Artif. Neural Networks, vol. 2, pp. 411–420, 1995.
- [9] I. M. Bomze, "Evolution towards the maximum clique," *J. Global Optim.*, vol. 10, pp. 143–164, 1997.
- [10] I. M. Bomze, M. Budinich, M. Pelillo, and C. Rossi, "Annealed replication: A new heuristic for the maximum clique problem," *Discr. appl. Math.*, vol. 121, pp. 27–49, 2002.

BIBLIOGRAFIA

- [11] S. Busygin, "A new trust region technique for the maximum weight clique problem." submitted to Special Issue of Discr. appl. Math.: Combinatorial Optimization, 2002.
- [12] L. E. Gibbons, D. W. Heam, and P. M. Pardalos, Cliques, Coloring, and Satisfiability: Second DIMACS Implementation Challenge, ch. A continuous based heuristic for the maximum clique problem, pp. 103– 124. Johnson, D. S. and Trick, M., 1996.
- [13] M. Pelillo and A. Torsello, "Payoff-monotonic game dynamics and the maximum clique problem," tech. rep., Università Ca' Foscari di Venezia, 2005.
- [14] L. Hérault and R. Horaud, "Figure—ground discrimination: A combinatorial optimization approach," IEEE TRANSACTIONS ON PAMRN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE, vol. 15, 1993.
- [15] L. R. Williams and D. W. Jacobs, "Stochastic completion fields: a neural model of illusory contour shape and salience," *ICCV*, 1995.
- [16] L. R. Williams and K. K. Thornber, "Analytic solution of stochastic completion fields," *Biological Cybernetics*, vol. 75, pp. 141–151, 1996.

Ringraziamenti

Un ringraziamento al mio relatore prof. Marcello Pelillo ed, in particolare, al mio correlatore dott. Andrea Torsello per la disponibilità e il prezioso aiuto che mi hanno dato nel redigere questa tesi.

Un grazie va alla mia famiglia, ai miei genitori in particolar modo, per avermi aiutato e sostenuto moralmente ed economicamente in questi anni di studio.

Un profondo ringraziamento anche alla mia ragazza per l'affetto che mi dimostra ogni giorno e per l'appoggio che mi ha dato in quest'ultimo periodo.

Ringrazio infine i miei amici per i momenti di svago e divertimento trascorsi assieme.