



République Algérienne démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université Ferhat Abbas Setif 1

13ème Colloque sur l'Optimisation et les Systèmes d'Information

Setif, 30 Mai - 1^{er} Juin 2016



**Actes du Treizième Colloque sur l'Optimisation et
les Systèmes d'Information - COSI'2016**
30 Mai - 01 Juin 2016, Sétif, Algérie
Université Ferhat Abbas Sétif 1

Preface

It is an honor to have been asked by Mourad Baïou to contribute a preface to COSI'2016, and a pleasure to accept.

It has been my good fortune to have been invited to three COSI's, the first in 2005 at Bejaia, the second in 2012 at Tlemcen, the third in 2014 again at Bejaia. All three of those colloquia – so, I deduce, all of the twelve of the past – had a remarkable feeling and spirit about them that I have experienced at no other scientific congress. COSI exudes a very special friendliness and earnestness, of exchange and cooperation. That of 2005 in Bejaia – when memories of the country's difficult years were still vivid and discussions on all matters continued late into the nights – will forever remain engraved in my mind. The love of Algeria, the will to cooperate with their colleagues at Algerian universities, on the part of those many Algerians who live and work and pursue research in France, is at once striking and moving. Working in a country that has the means and traditions of sustaining fundamental research they are intent on helping their fellow countrymen who are forming the next generation of Algerian scientists.

COSI'2016 will no doubt continue the same tradition: a captivating spirit, high quality plenary speakers, a constantly improving quality of contributed papers.

Please be indulgent with me – an aged veteran of research who published his first two scientific papers exactly 55 years ago and continues to be passionate about the project which I now pursue – by allowing me a few words addressed to those who are at the beginning of their research careers.

The most important decision you make is the problem you choose to work on: know *why* you wish to, *why* it is important, *why* you care intensely about it. Do not pursue a problem merely because it is said to be "open" or is suggested to you. The best course – for people working in COSI's domains – is to seek real problems in real life. Most often they are too hard, surrounded by all kinds of complex conditions that hide their mathematical essence. But they are the founts of new ideas, and a new idea is what is most rare, most important, and most likely to lead to truly interesting results.

John von Neumann [1] makes the point beautifully: "I think that it is a relatively good approximation to truth – which is much too complicated to allow anything but approximations – that mathematical ideas originate in empirics, although the genealogy is sometimes long and obscure. But, once they are so conceived, the subject begins to live a peculiar life of its own and is better compared to a creative one, governed by almost entirely aesthetical motivations, than to anything else and, in particular, to an empirical science. ... As a mathematical discipline travels far from its empirical source . . . it is beset with very grave dangers. It becomes . . . more and more purely *l'art pour l'art* . . . [It may] develop along the line of least resistance, that the stream, so far from its source, . . . will become a disorganized mass of details and complexities. In other words, at a great distance from its empirical source, . . . a mathematical subject is in

danger of degeneration.”

My greetings to you all: enjoy a productive, challenging, stimulating COSI'2016.

[1] ”The mathematician.” In J.R. Newman (ed.), *The World of Mathematics*, Simon & Schuster, 1956

Paris, May 24th, 2016

Michel Balinski ¹

¹ Michel Balinski, a Williams graduate, studied at MIT and Princeton. He has taught at Princeton, Penn, CUNY Graduate Center, Yale and SUNY, Stony Brook. Since 1982 he has been Directeur de Recherche de classe exceptionnelle, CNRS and Ecole Polytechnique, Paris, and Director of the Laboratoire d'Econométrie (1989-1999). He was awarded the Lanchester Prize in 1965, and an honorary degree in mathematics from the University of Augsburg in 2004. He is the founding editor of Mathematical Programming and a past President of the Mathematical Programming Society. Dr. Balinski is the author of Fair Representation: Meeting the Ideal of One Man, One Vote (1982, reissued 2001, with H. P. Young) and Le suffrage universel inachevé (2004), and author or co-author of some one hundred scientific articles (OR, mathematics and other journals). In 2013, the Institute for Operations Research and the Management Sciences (INFORMS) awarded him the John von Neumann Theory Prize, one of the highest honors an operations researcher can receive. His principal current interest is the theory and applications of ranking and the design of electoral systems. One of his electoral systems is used in Zürich, Switzerland.

Table of Contents

Congestion Games in Networks: Equilibrium and Dynamics	1
<i>Sylvain Sorin</i>	
Extraction Efficace des Concepts Formels ” Intéressants ”	2
<i>Sadok Ben Yahia</i>	
Les sciences de l’information au coeur de l’interdisciplinarité	3
<i>Mokrane Bouzeghoub</i>	
S’adapter pour mieux optimiser : paramétrage et contrôle des algorithmes évolutionnaires	4
<i>Frédéric Saubion</i>	
Real-time vehicles detection and counting for intelligent transportation systems	5
<i>Fatma Kerouh, Djemel Ziou and Abdenour Bouaicha</i>	
Le modèle SMASD (Système Multi-Agents de Stockage et Déstockage) alliant les deux concepts : Agent et Heuristique dans les AS/RS à convoyeur gravitationnel	17
<i>Imen Kouloughli, Pierre Castagna, Zaki Sari and Latefa Ghomri</i>	
Content-Based Dermoscopic Image Retrieval Using a Hybrid HWT-ULBP Scheme	27
<i>Khadidja Belattar and Sihem Mostefai</i>	
Hybridation d’un Algorithme Génétique Quantique et d’un Système Complexe pour le Traitement d’Images	39
<i>Safia Djemame and Mohamed Batouche</i>	
A nature-inspired routing protocol for MANET	51
<i>Sayad Lamri, Aissani Djamil and Louiza Bouallouche-Medjkoune</i>	
A Hybrid Approach Based on Metaheuristics to Solve a Multiple Sequence Alignment Problem	61
<i>Lamiche Chaabane</i>	
Some edge b-critical classes of graphs	71
<i>Mohamed Zamime, Noureddine Ikhlef Eschouf and Hacène Ait Had- dadène</i>	
Distinguishing Number of some Circulant Graphs	84
<i>Souad Slimani, Sylvain Gravier and Kahina Meslem</i>	
Une nouvelle méthode de détection et de suivi multi cibles dans un système de vidéosurveillance	95
<i>Brahim Farou, Houssam Eddine Rouabhia, Hamid Seridi and Herman Akdag</i>	

Vers une Approche Collective et Collaborative pour la Détection des Malwares	107
<i>Mohamed Belaoued and Smaïne Mazouzi</i>	
Recuit simulé guidé pour la résolution de Problème d'Affectation de Fréquences	119
<i>Lamia Sadeg, Zineb Habbas, Fatima Benbouzid-Si Tayeb, Lyes Mancera and Abdelhalim Amghar</i>	
Approche de Contrôle Distribué des Dates d'Arrivées pour Minimiser les Coûts d'Avance et de Retard dans les Problèmes d'Ordonnancement à Machine Unique.....	134
<i>Azouz Meddourene, Ahmed Kouider, Samia Ourari, Brahim BOUZOUIA and Noura ACHOUR</i>	
Mobile agents to query mobile databases	146
<i>Faiza Bouchoul</i>	
Multi-database Classification Approaches: A Literature Review	158
<i>Salim Miloudi, Sidi Ahmed Rahal and Salim Khat</i>	
Proposition d'une Approche de Médiation Sémantique dans MedPeer: Un Système d'Intégration de Sources de Données Hétérogènes Basé sur les Ontologies	170
<i>Naima Souad Ougouti, Hafida Belbachir and Amghar Youssef</i>	
Expérimentation d'une nouvelle stratégie pour le calcul du skyline sur GPU	183
<i>Hadjer Belaïcha, Lougmiri Zekri and Larbi Sekhri</i>	
Contrôle en temps de l'équation linéaire unidimensionnelle de la chaleur avec paramètre d'échelle	195
<i>Benalia Karim, Claire David and Ouakacha Brahim</i>	
Efficient combination of two lower bound functions in univariate global optimization	208
<i>Chebbah Mohammed, Ouanes Mohand, Zidna Ahmed and Le Thi Hoai</i>	
Utilisation de la méthode de descente globale pour résoudre des problèmes d'optimisation discrète.....	219
<i>Amine Ketfi-Cherif and Abdelkader Ziadi</i>	
Subefficient Solutions in multiobjective Linear programming with bounded variables.....	230
<i>Mohand Ouamer Bibi and Taous Mernache</i>	
A 'reduce and solve' algorithm for the multi-dimensional knapsack problem	242
<i>Mohamed Bachir Belaid, Abdennour Lazeb, Mahmoud Zennaki and Kaddour Sadouni</i>	

Extraction des Caractéristiques Structurelles pour la Segmentation des Chiffres Manuscrits Connectés	253
<i>Merabti Hocine, Farou Brahim, Kouahla Mohammed Nadjib and Seridi Hamid</i>	
Optimal control of parabolic PDE by a combined Adomian/Alienor model	263
<i>Nadia Amel Messaoudi, Salah Manseur and Mustapha Blidia</i>	
Optimisation de la communication multicast par équilibrage de charge ..	275
<i>Fourour Said and Lebbah Yahia</i>	

Organisation

Université Ferhat Abbas Sétif 1, Algérie

Président d'honneur

Professeur Abdel-Madjid DJENANE
Recteur de l'Université Ferhat Abbas Sétif 1, Algérie

Comité d'Organisation

Présidente

Nadjet KAMEL, Université Ferhat Abbas Setif 1, Algérie

Vice-Président

Makhlouf ALIOUAT, Université Ferhat Abbas Sétif 1

Membres

ALTI Adel, KHARCHI Samia, LAKHFIF Abdelaziz, MANSOURI Housseem, MECHTA Djamila, MEDIANI Chahrazed, TOUMI Lyazid

Comité de Pilotage

Mohamed AIDENE, Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou, Algérie
Mohand-Saïd HACID, Université de Lyon I, France
Lhouari NOURINE, Université de Clermont-Ferrand II, France
Samia OURARI, CDTA, Alger, Algérie
Jean Marc PETIT, INSA de Lyon, France
Mohamed Said RADJEF, Université de Béjaïa, Algérie
Bachir SADI, Université de Tizi-Ouzou, Algérie
Lakhdar SAIS, Univ. Lille Nord de France, France
Hamid SERIDI, Univ. du 8 mai 1945 de Guelma, Algérie
Farouk TOUMANI, Univ. Blaise Pascal - Clermont-Ferrand II, France
Rachid NOURINE, Université d'Oran 1, Algérie

Comité de Programme

Président

Mourad Baiou, CNRS-LIMOS (France)

Vice-Chairs

Amedeo Napoli (CNRS-LORIA)

Salima Benbernou (Université Paris Descartes)

Roberto Cominetti (Universidad Adolfo Ibanez, Santiago (Chile))

Hamamache Kheddouci (Université Lyon 1)

Yahya Lebbah (Université Oran 1)

Mohand-Saïd Radjef (Université de Béjaïa)

Frédéric Saubion (Université d'Angers)

Membres

Mohamed Ahmed-Nacer	USTHB (Algérie)
Rachid Ahmed-Ouamer	Université de Tizi-Ouzou (Algérie)
Meziane Aider	USTHB, Alger (Algérie)
Hacène Ait Haddadene	USTHB Alger (Algérie)
Otmane Ait Mohamed	Université Concordia (Canada)
Hassan Aït-Kaci	Université Claude Bernard Lyon 1 (France)
Zaia Alimazighi	USTHB (Algérie)
Makhlouf Aliouat	UFAS1, Sétif (Algérie)
Zibouda Aliouat	UFAS1, Sétif (Algérie)
Adel Altı	UFAS1, Sétif (Algérie)
Nadjib Badache	CERIST (Algérie)
Kamel Barkaoui	CNAM-Paris (France)
Khalid Benabdeslem	LIRIS, Lyon (France)
Moussa Benaïssa	LITIO (Oran 1)
Nacéra Benamrane	USTO Mohammed Boudiaf, Oran (Algérie)
Fatiha Bendali	LIMOS, Clermont-Ferrand (France)
Belaid Benhamou	Université d'Aix-Marseille I (France)
Djamel Benterki	UFAS1, Sétif (Algérie)
Abdelhafid Berrachedi	USTHB Alger (Algérie)
Mokrane Bouzeghoub	Université de Versailles - CNRS, Paris (France)
Mohand Ouamer Bibi	Université de Béjaïa (Algérie)
Isma Bouchemakh	USTHB (Algérie)
Mourad Boudhar	USTHB (Algérie)
Mohand Boughanem	IRIT, Toulouse (France)
Kamel Boukhalifa	USTHB (Algérie)
Brice Chardin	LIAS, ENSMA, Poitiers (France)

Bruno Cremilleux	Université de Normandie, Caen (France)
Laurent D'Orazio	Université Blaise Pascal, (France)
Fedoua Didi	Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen (Algérie)
Habiba Drias	USTHB, Alger (Algérie)
Frederic Flouvat	Université de la Nouvelle-Calédonie (France)
Pierre Fouilhoux	Université Pierre et Marie Curie - Paris 6 (France)
Patrick Gallinari	Université Pierre et Marie Curie - Paris 6 (France)
Michel Habib	Université Paris Diderot - Paris 7 (France)
Sonia Haddad	Université Panthéon-Sorbonne - Paris 1 (France)
Allel Hadjali	LIAS, ENSMA, Poitiers (France)
Said Hanafi	Université de Valenciennes (France)
Youssef Hamadi	LIX Ecole Polytechnique (France)
Hao Jin-Kao	Université d'Angers (France)
Souhila Kaci	LIRMM, Université de Montpellier II (France)
Okba Kazar	Université de Biskra (Algérie)
Omar Kermia	CDTA (Algérie)
Nacima Labadie	Université de Technologie de Troyes (France)
Philippe Lacomme	Université Blaise Pascal, Clermont Ferrand (France)
Dominique Laurent	Cergy pontoise (France)
Arnaud Lallouet	Huawei technologies Ltd, Paris (France)
Vincent Limouzy	Université Blaise Pascal, Clermont Ferrand (France)
Samir Loudni	Université de Normandie, Caen (France)
Sofian Maabout	LABRI, Université de Bordeaux 1 (France)
Philippe Mahey	LIMOS, Université Blaise Pascal, Clermont Ferrand (France)
Ridha Mahjoub	Université Paris Dauphine - Paris 9 (France)
Arnaud Mary	LBBE, Lyon (France)
Nouredine Melab	LIFL, Université de Lille 1 (France)
Engelbert Mephu	Université Blaise Pascal, Clermont Ferrand (France)
Hayet Farida Merouani	Université Badji Mokhtar, Annaba (Algérie)
Rokia Missaoui	Université de Quebec en Outaouais (Canada)
Safia Nait Bahloul	LITIO, Université d'Oran 1 (Algérie)
Mohand Ouanes	Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou (Algérie)
Brahim Oukacha	Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou (Algérie)
Hacène Ouzia	Université Pierre et Marie Curie - Paris 6, Paris (France)
Michael Rao	ENS Lyon (France)
Allaoua Refoufi	UFAS1, sétif (Algérie)
Yakoub Salhi	Université d'Artois, Lens (France)
Hanafi Said	Université de Valenciennes (France)
Yacine Sam	Université de Tours (France)
Michel Schneider	Université Blaise Pascal, Clermont-Ferrand (France)
Pierre Spiteri	INP- Toulouse (France)
Takeaki Uno	NII, Tokyo (Japon)
Rachid Zitouni	UFAS 1, Sétif (Algérie)
Djemel Ziou	Université de Scherbrooke (Canada)

Additional Reviewers

A

Amghar, Tassadit
Aridhi, Sabeur

B

Baazizi, Mohamed-Amine
Belaid, Ahror
Belaid, Mohammed Said
Bentounsi, Mehdi
Boughaci, Dalila

D

Deleplanque, Samuel
Dhifli, Wajdi
Djamal, Belkasmi

F

Fournier-Viger, Philippe

G

Ghesmoune, Mohammed

H

Hadia, Mosteghanemi

K

Kechid, Samir
Koulougli, Dalila

L

Lamprier, Sylvain
Levrat, Bernard

M

Matthieu, Basseur
Meziane, Hassina
Moungla, Hassine

R

Rodriguez, Christophe

S

Sadjia, Benkhider

Conférences invitées

Congestion Games in Networks: Equilibrium and Dynamics

Sylvain Sorin

IMJ-PRG, CNRS UMR 7586, Université Pierre et Marie Curie, France

Abstract. This talk is a survey on strategic approach to congestion. We first introduce congestion games played on networks. We then define the different notions of equilibria corresponding to the different types of players. This allows to compare the equilibria outcome as a function of the nature of the participants. We finally describe some dynamics.

Extraction Efficace des Concepts Formels Intressants

Sadok Ben Yahia

Faculté des Sciences de Tunis
Université de Tunis El-Manar

Abstract. Dans l'ère des données massives, l'alliance de la qualité avec l'efficacité pour la sélection des concepts formels intéressants serait une condition sine qua non pour une utilisation plus de l'Analyse de concepts formels. Ainsi, différentes mesures de qualité ont été proposées dont la plus difficile à calculer serait la mesure de stabilité, qui, indiquerait dans quelle mesure l'intension de ce concept est liée à la présence d'objets particuliers dans son extension.

Dans cette exposé, nous passons en revue ces mesures de qualité en mettant l'accent sur la stabilité. Ensuite, le parallèle entre le calcul de la stabilité et l'extraction des traverses minimales dans les hypergraphes est mis en exergue. Enfin, les travaux récents sur l'agrégation multi-critères pour la sélection des concepts formels intéressants sont présentés

Les sciences de l'information au coeur de l'interdisciplinarité

Mokrane Bouzeghoub

CNRS, Université Versailles (France)

Abstract. Depuis quelques années l'interdisciplinarité est devenue un mot d'ordre pour de nombreux organismes de recherche et pour les pouvoirs publics, bien que cela ne soit pas un concept nouveau ni une volonté nouvelle pour plusieurs chercheurs. La raison réside sans doute dans la complexité de plus en plus grande des nouveaux objets de recherche qui nécessitent l'intervention croisée de plusieurs disciplines. D'autres affirmeront son intérêt en terme d'efficacité ou en terme de coût. Ce qui est certain, c'est qu'il existe des thèmes de recherches qui ne peuvent progresser sans une fertilisation croisée de diverses compétences.

En tant que nouvelle discipline dérivée elle-même des mathématiques et de l'ingénierie, le domaine des STIC devient à son tour une discipline qui va irriguer aussi bien les sciences fondamentales (mathématiques, physique, chimie, biologie) que les sciences appliquées comme l'économie, l'environnement, la médecine, la sociologie, etc. Ainsi, des domaines nouveaux sont nés de ce croisement: la bioinformatique, l'astroinformatique, les humanités numériques, l'e-stanté... Cet exposé aborde, à travers le domaine des STICS, quelques enjeux de l'interdisciplinarité, ses domaines privilégiés, son organisation, sa mise en oeuvre, ses conditions de succès, sa valorisation et ses risques. A travers quelques programmes, centrés en particulier sur les big data, on montre quelques exemples de succès.

S'adapter pour mieux optimiser : paramétrage et contrôle des algorithmes évolutionnaires

Frédéric Saubion

LERIA, Université d'Angers (France)

Les algorithmes évolutionnaires constituent certainement, au sein des méta-heuristiques dites bio-inspirées, l'une des classes de méthodes les plus célèbres et ont démontré leur efficacité sur de nombreux problèmes d'optimisation, aussi bien discrets que continus. Au fil de la complexification des problématiques à résoudre, intégrant souvent des modèles hétérogènes soumis à des interactions complexes, ces approches ont donné lieu au développement d'heuristiques et de stratégies de recherche sophistiquées, faisant également appel à de possibles hybridations avec d'autres techniques de résolution. Dès lors, la conception et la mise en œuvre de tels algorithmes requièrent la prise en compte de nombreux paramètres, aussi bien en ce qui concerne leurs composants structurels que leur comportement. L'ajustement de ces paramètres constitue ainsi depuis plusieurs décennies une préoccupation majeure en algorithmique évolutionnaire. Il est en général d'usage de distinguer les approches de réglage (off-line) des approches de contrôle (on-line). Dans cette présentation, nous proposerons un survol de ces différents paradigmes, en nous intéressant en particulier à la sélection adaptative d'opérateurs de variation - composants essentiels - au cours de l'exécution de l'algorithme. Dans ce contexte, nous aborderons l'utilisation de techniques issues de l'apprentissage automatique pour améliorer le fonctionnement des algorithmes évolutionnaires, en leur permettant de mieux s'adapter au cours de leur recherche de solutions. Notons que cette question de l'ajustement de paramètres s'étend naturellement à d'autres techniques de résolution de problèmes combinatoires.

References

- [DFSS08] L. Da Costa, A. Fialho, M. Schoenauer, and M. Sebag. Adaptive operator selection with dynamic multi-armed bandits. In *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, pages 913–920, 2008.
- [ES12] A.E. Eiben and S.K. Smit. *Autonomous Search*, chapter Evolutionary Algorithm Parameters and Methods to Tune them, pages 25–38. Springer, 2012.
- [ES15] A.E. Eiben and J. Smith. *Introduction to Evolutionary Computing*. Springer, 2015. 2nd Edition.
- [Hoo12] H. H. Hoos. *Autonomous Search*, chapter Automated Algorithm Configuration and Parameter Tuning, pages 37–71. Springer, 2012.
- [LLM07] F. Lobo, C. Lima, and Z. Michalewicz, editors. *Parameter Setting in Evolutionary Algorithms*, volume 54 of *Studies in Computational Intelligence*. Springer, 2007.

Transport & Logistique

Real-time vehicles detection and counting for intelligent transportation systems

F. Kerouh^{1, 2, 3} D. Ziou⁴ and A. Bouaicha¹

¹. Institute of Electrical and Electronic Engineering, Boumerdès, Algeria

². USTHB, Laboratoire de traitement d'images et de rayonnement, Alger, Algérie

³. Centre de recherche CRASC, Oran, Algérie

⁴. Université de Sherbrooke, Québec, Canada.

f.kerouh@usthb.dz, Djemel.Ziou@USherbrooke.ca, ibouaichabdenour@gmail.com

Abstract. This paper deals with real-time vehicles detection and counting for intelligent transportation systems. The number of vehicles is estimated in real-time by analyzing videos acquired by a fixed camera placed at the roadside. The user indicates a region of interest which is linear and crosses the road. Observations over this line form time series used to detect and count vehicles. Tests performed on real videos prove the effectiveness of the proposed real-time algorithm in terms of detection and counting of vehicles.

Keywords. Intelligent transportation systems, real-time, vehicle detection and counting, video analysis, region of interest, change detection, time series.

1 Introduction

The increasing of vehicle traffics causes many problems including traffic accidents, traffic congestion, road degradation, and even emissions in terms of pollutants and greenhouse gases. Thus, considerable efforts are made to develop technologies in order to help the management of road traffic. The aim is to understand issues and improve the security on roads. To deal with underlying issues, intelligent systems have been developed in order to monitor road traffic. Such system is called Intelligent Transportation Systems (ITS). ITS include electronics, computer, and communication technologies. They can be implemented on road infrastructure, embedded in vehicles, or both [1]. Our contribution concerns vehicles detection and counting, an important component of an ITS. So far, numerous techniques for vehicles detection have been developed [1-7]. These techniques can be categorized according to the used sensor. Two common classes can be distinguished, visual-based and non-visual techniques. The non-visual techniques include various sensors such as infrared, radar, and magnetic [8]. The use of such sensors requires maintenance and replacement that could be expensive. Another drawback of using these sensors is that they have a

fixed location [8]. Vision sensors have been widely used in ITS [1-7]. However, the task is challenging due to blur [9], varying illumination, overlapping, and varying image resolution. As one of the important research topic in video monitoring-based ITS is vehicles detection and counting [1-8]. Our work deals especially with this topic. The aim is to take practical requirements into account, especially, real time and illumination changing. To fulfill these requirements, instead of analyzing the whole video frames, we propose to focus on region of interest (ROI) that represents lines crosses the road. Observations over these lines are used to detect and count vehicles. Thus instead of analyzing the whole image, just a ROI is analyzed. The video ROI analysis has the advantage of being simple, easy to implement, real time, and accurate. The rest of this paper is organized as follows. We review some related works on vehicles detection and counting in section 2. In section 3, we present our proposed approach. Tests and validation are described in section 4. In section 5, we conclude the paper.

2 Related works

A brief survey of some recent related works about vehicles detection and counting are presented in this section. P. M. Daigavan *et al.* [2] developed a non real-time system that detects and counts vehicles on highway. They achieve by using background registration technique and segmentation using morphological operator. Tests over 120 frames with constant illumination provide accuracy rate of 96%. M. Liang *et al.* [3] built a real-time system that counts the highway vehicles by applying a regression analysis. The proposed algorithm was tested on 70 minutes of low quality videos including severe occlusions. This approach has problems of background registration and shadows. In [4], a non real-time vehicle counting is achieved by finding the centroid and the distance between the marked border and the vehicle. They have tested their algorithm on 20 seconds video duration. Experimentations carried out shown that counting accuracy is about 91%. Using Harris-Stephen corner detector, N. Chintalacheruvu *et al.* [5] proposed a real-time algorithm to count vehicles. They have tested their algorithm and have found a problem of shadow and multiple vehicle occlusions. Accuracy rate is about 88%. R. Javazadeh *et al.* [6], proposed a non real-time method to count vehicles on the highways by using background subtraction, Prewitt filter, and various morphological operation. Tests on a low resolution level video provide the approximate accuracy of 88%. In [7], authors make the assumption that the camera is placed in the middle of the road. Background subtraction method and Kalman filter algorithm are used to detect and track individual vehicles throughout the detection zone. This method is not real time. Tests over 3400 frames provided a counting performance of 97%.

From the presented state of the art, different image processing techniques have been used, background subtraction, filtering, and so on. While the accuracy of some of the techniques are high [7], certain of them does not meet the desirable requirements of ITS. In fact, most of those techniques are not real-time, and they are sensitive to illumination variation [2, 4, 6, 7]. Unlike existing techniques, thanks to the use of ROI, the proposed one is real-time, robust to illumination, and easy to reproduce. No

time consuming operations such as the background detection and segmentation, which are common in the state of art, are used here.

3 Proposed approach

The proposed approach deals with vehicles detection and counting by using image processing techniques. The proposed approach has the advantage of being simple, robust against occlusion, illumination varying, and noise. Unlike most existing methods that work on the entire image and usually use background detection techniques [2, 3, 6, 7], our approach is instead, applied only on a region of interest considered as a simple line crosses the road. The ROI is provided by a professional of road monitoring instead of estimated automatically. This semi-automatic strategy is due to the fact that the estimation of ROI may not be estimated only from raw data, but it requires knowledge external to the images such as maps. In practice, obstacles and road intersections interest objects such as schools and district need to be known or estimated from images by using advanced object recognition systems. Note that, the professional of road monitoring can provide a ROI for each road lane. It allows providing more detailed statistics to improve the monitoring process and decision making. Moreover, it relaxes the constraints on the placement of ROI on the road lanes such as avoiding the obstacles. About the images, we used grey level images which can be acquired by an off-the-shelf camera operating in visible spectrum. The color is not required in this application, which makes faster the proposed technique. Moreover, the ROI is enough for the detection and counting of vehicles. Furthermore, to avoid illumination changing problems, the local binary pattern (LBP) descriptor is used. In fact, it is known that this descriptor is robust against illumination changing [10]. The proposed method consists of two main stages. The first one concerns the preprocessing step that consists of reading the current frame, converting the color frame to gray level, and finally applying the LBP descriptor. The second stage is about selecting and analyzing the ROI to detect and count vehicles. The implementation flow of proposed method for vehicle detection and counting is summarized on figure 1. Let's detail each stage.

3.1 Preprocessing

Tests are achieved over frames as soon as they are acquired from the test video. Motion is enough for the detection and the counting of vehicles, therefore color information has no added value. Rather, it makes the task complex because vehicles have different colors. Thus, grey level camera can be used. If a color camera is used instead of grey level camera, the grey level image must be estimated from the RGB color image. There exist several conversion rules depending on the information needed such as luminance and brightness. Tests were performed on several conversion rules including those of the estimation of Y of the Ycber and V of the HSV color spaces. The conclusion is that the mean of three color bands is the best conversion rule for vehicle detection and counting. The LBP is extracted from the grey level image. We used the algorithm in [10]. In figure 2, we show simulated

images with different illuminations and their LBP. We can see how the LBP is robust to illumination. A flow that summarizes the first stage steps is presented on figure 3.

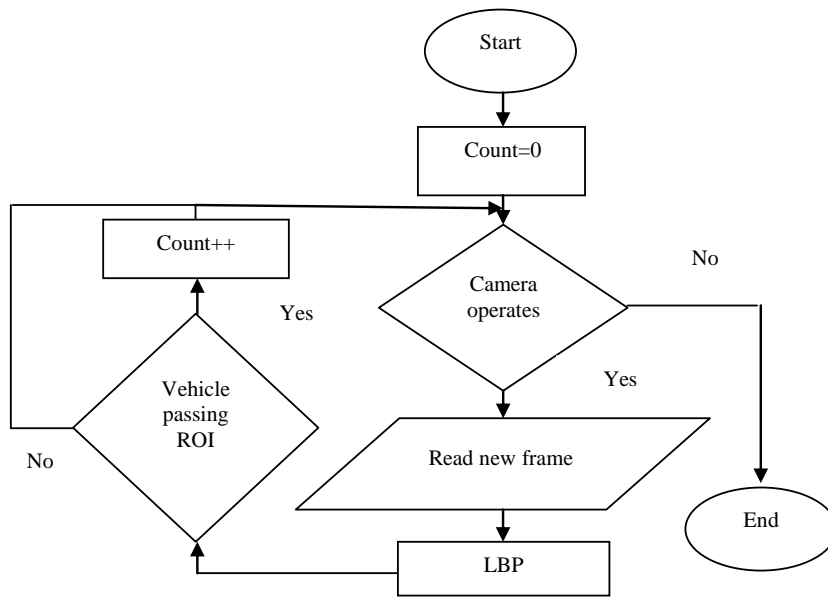


Fig. 1 Schematic flow of proposed method

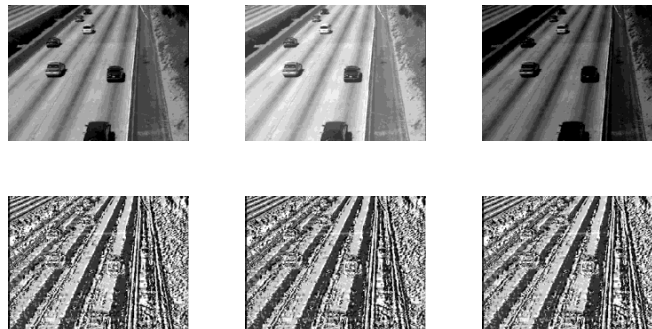


Fig. 2 Example of LBP descriptor applied on gray level image with different illuminations

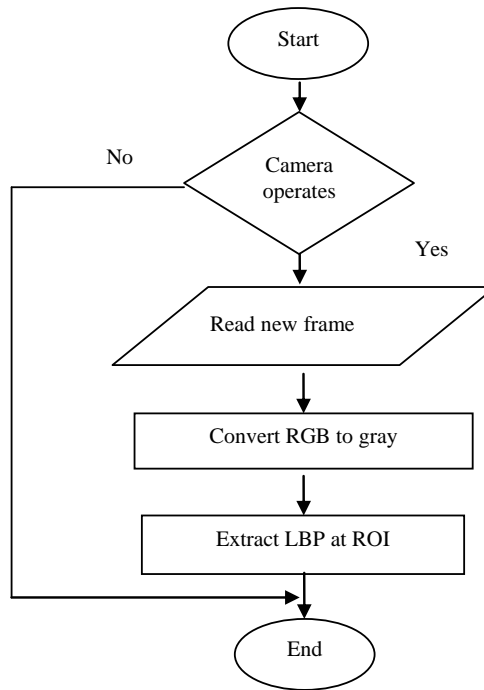


Fig. 3 Flowchart of the preprocessing.

3.2 Vehicle detection and counting

We recall that the region of interest (ROI) represents a line crosses the road. It is composed by several lines, each one is placed on a lane of the road to avoid occlusion and take into account the practical requirements. Figure 4 depicts an example of selected ROI. As illustrated, the lines composing the ROI are not collinear in order to provide more flexibility to the user and to reduce counting mistakes such as the vehicle straddling two lanes. Thus, vehicles detection and counting is achieved over each lane separately.

Let's assume that a reference lines have been recorded before. A reference line is the list of pixels of the original image on which this line is placed. An image of the road is acquired and displayed on the screen, and then the user draws those lines by using a mouse or a stylus. The pixels on the line are recorded and used for change detection. Recording the reference line and using it during the same session of vehicle detection and counting allows having close illumination conditions. When a vehicle crosses the reference line, a change of the gray level is observed. It follows that, detecting vehicles is equivalent to making decision about the change of grey level on the reference line. To do that, for each observed line, the global absolute differences between this observed line and its corresponding reference line is computed. Figure 5, depicts an example of the time series of the absolute differences over frames of the four considered ROI's of figure 4. Small peaks appear in the obtained plots. Noise and change in illumination may be the causes. These undesirable phenomena may affect the detection accuracy. To alleviate this drawback, adaptive thresholding is implemented. We conduct several experimentations in order to find an estimation rule of the used thresholds. We propose the use of two thresholds. The first one $Th1$ is



(a). Original frame

(b). Selected ROI's (black lines)

Fig. 4 Example of selected ROI on a frame.

used to detect the frame when the vehicle starts crossing the road (the green line on the figure 5) and the second one $Th2$ when the vehicle leaves the ROI (the red line on the figure 5). These thresholds need more explanations. $Th2$ is a function of $Th1$. The later depends on the video noise (the illumination change is considered as semantic noise). One can estimate the noise and define the $Th1$ computation rule. However, the definition of a useful rule is not easy because the noise estimator may be highly biased. Thanks to the fact that the ratio of the peak due to noise and the peak due to vehicles is low, the frame rate per second (FPS) of a video can be used instead. Indeed, we expect that the noise is high when the FPS is high for the off-the-shelf cameras. In other words, $Th1$ depends also on the used camera. More precisely, experimentations show that the following estimation rules of the thresholds are useful:

$$Th1 = k * FPS \quad (1)$$

$$Th2 = Th1/2 \quad (2)$$

The parameter k depends on the used camera. As it will be shown in the next section, this parameter is the same for cameras having close signal to noise ratio. Consequently, fixing the parameter k can be done one which means that the proposed approach is easy to reproduce. The thresholding operation is summarized as follow. Let us consider the reference ROI (ref). We select for each current frame the ROI (fr). The absolute difference $D = \sum_{j=1}^N |Ref(j) - fr_i(j)|$, where N stands for the length of the ROI, is computed. The vehicle is detected while D is greater than the threshold $Th1$ and it is counted if it is decreased less than $Th2$. Figure 6 shows the flow chart of the second stage.

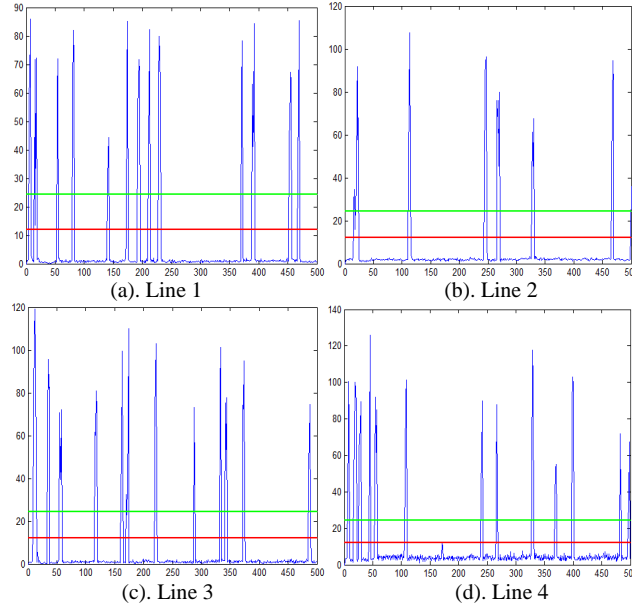


Fig. 5 The time series of the absolute differences computed on the four frames in Fig 4. The green line is Th1 and the red one for Th2.

4 Tests and validation

To evaluate the performance of the proposed approach, tests were performed on four RGB videos acquired by using three different of-the-shelf cameras. The test videos contain occlusion, illumination changing, and noise. An example of illumination changing is depicted on figure 7. Figure 8 (a), (b), (c), and (d) shows one frame of each video. As it can be observed, the illumination is not the same in these videos. The physical features of the four videos are summarized on Table.1.

The considered ROI for each one is presented on figure 9. We recall that, the user indicates the ROI which is linear and crosses the road. In fact, the ROI's were selected to ensure the best scores of vehicle detection and counting. After many tests, we have found that the best location for ROI is when it is inside the lane and its length is not too small. This is to avoid the problem of vehicle occlusions and recounting. In order to illustrate such issue, we present some examples on figure 10 when the ROI's are selected far from the camera. We can see clearly the occlusion caused by the choice of the position of ROI. Trial-and-errors allow setting the parameter k in Eq. 1 to 1.1618 for the four ROI videos acquired by three different cameras. Figure 11 presents the number of vehicles per lane, displayed in real time on the video. The accuracy in terms of detection and counting is in table 2. The obtained scores for the third and the fourth video are lower than the two others. This is due to saccades of the camera caused by wind during the video acquisition. Overall, more than 98 % of

vehicles were detected. Thus, the proposed approach is promising. The algorithm is implemented in C++ running on processor intel 2.1 GHz. Even if the program is not optimized, the algorithm running time is about 25 frames per second.

5 Conclusion

In this paper, we present a real-time video analysis-based approach for the detection and the counting of vehicles on a road. The camera placed on roadside watches the floor from height. Unlike the existing methods, our approach is applied only on a region of interest formed by lines placed on the road instead. Thus, avoiding background detection techniques allows deriving real-time approach. We show that the observation of grey level on a line is enough for the detection of vehicle and could lead inferring more knowledge for traffic road monitoring.

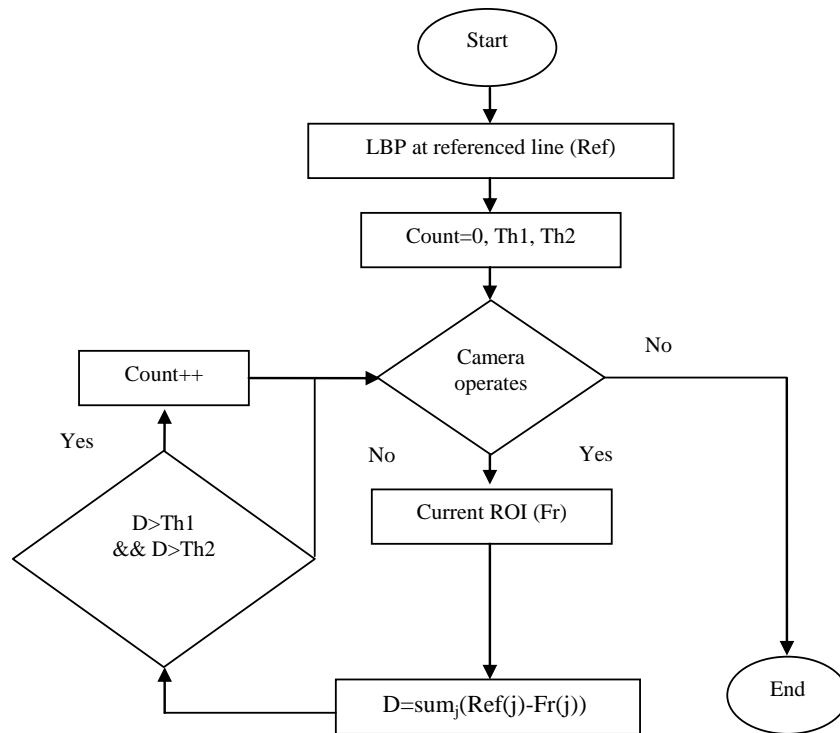


Fig. 6 Flow chart summarizes the detection and counting stage.



Fig. 7 Example of illumination variation in test videos.



a). The first test video.

b). The second test video.



c). The third test video.

d). The fourth test video.

Fig. 8 Examples of frames from the test videos.

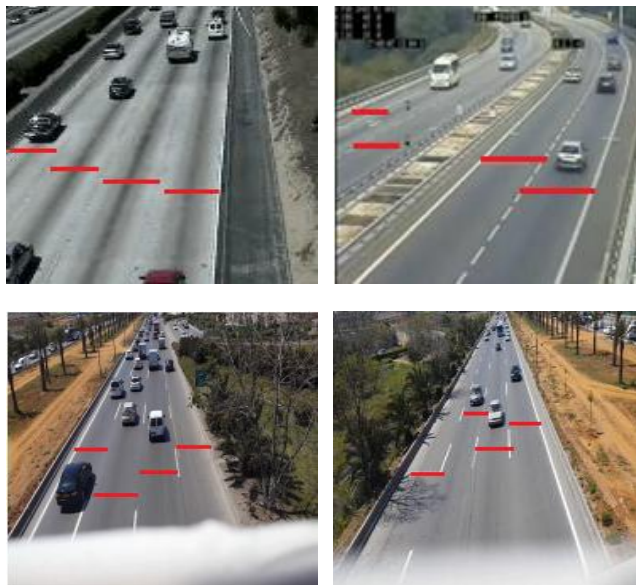


Fig. 9 Selected ROI's for the four considered videos (Lines have been enhanced for the display purpose).

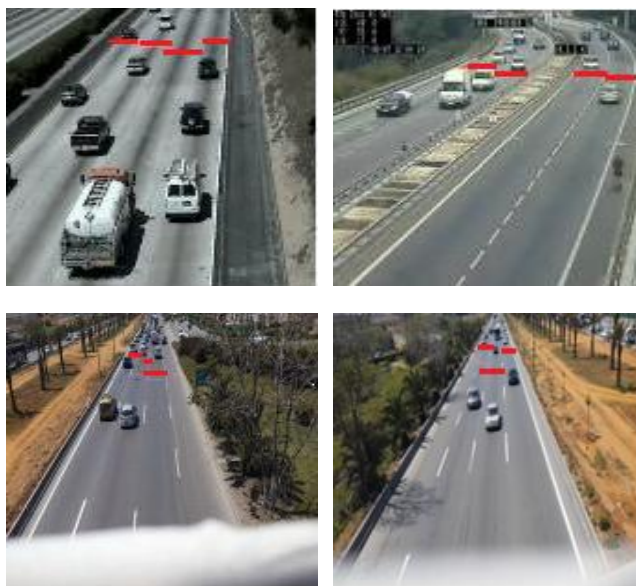


Fig. 10 Illustration of occlusion effect on the selection of ROI when the camera is far.



Fig. 11 Example of final vehicle detection counting system

Table 1. Different settings of the four test videos.

The video settings	Test video1	Test video2	Test video3	Test video4
Frame rate	25	14.999	30	30
Number of frames	750	500	878	1071
High	240	240	720	720
Width	320	320	1280	1280
Duration	30 seconds	33.3356 seconds	29.7012 seconds	36.1273seconds

Table 2. Vehicles detection and counting accuracy rate

The test video	Ground truth	Testing count	Accuracy rating
1	44	44	100%
2	45	45	100%
3	43	41	95.35%
4	62	60	96.77%

Aknowledgement

The work was supported by the Algerian PNR program. It is a part of the project entitled « Conception et réalisation d'une plateforme d'Informations Géographiques pour l'étude et la gestion des villes algériennes ».

References

1. H. Emami, M. Fathy, and K. Raahemifar.: Real-time vehicle make and model recognition based on hierarchical classification. *International Journal of Machine learning and computing*. Vol 4, N°4, 142--145 (April 2014).
2. P. M. Daigavan and P. R. Baja.: Real time vehicle detection and counting method for unsupervised traffic video on highways, *International Journal of Computer Science and Network Security*. Vol 10, N°8, 112--117 (August 2010).
3. M. Liang, X. Huang, Ch. Chen, X .Chen, and A. Tokuta.: Counting and Classification of Highway Vehicles by Regression Analysis. *IEEE Transaction on Intelligent Transportation Systems*. Vol 16, N°5, 2878--2888 (October 2015).
4. S. A. Meshram and A. V. Malviya.: Traffic Surveillance by Counting and Classification of Vehicles from Video using Image Processing. *International journal of Advanced Research in Computer Science and Management Studies*. Vol 1 issue 6, 169--175 (November 2013).
5. N. Chintalacheruvu and V. Muthukumar.: Video based vehicle detection and its application in Intelligent Transportation Systems. *Journal of Transportation Technologies*, 305--314 (October 2012).
6. R. Javadzadeh, E. Banihashemi, and J. Hamidzadeh.: Fast Vehicle Detection and Counting Using Background Subtraction Technique and Prewitt Edge Detection. *International Journal of Computer science and Telecommunications*. Vol 6, Issue 10, 8--12 (November 2015).
7. H. Rabi.: Vehicle Detection and Classification for Cluttered Urban Intersection. *International Journal of Computer Science Engineering and Applications*. Vol.3, No.1, 37--47 (February 2013).
8. M. C. Narhe and M. S. Nagmod.: Vehicle Counting using Video Image Processing. *International Journal of Computing and Technology*. Vol 1, Issue 7, pp358--362 (August 2014).
9. F. Kerouh and A.Serir.: An adaptive deblurring method based on a Multiplicative Multiresolution Decomposition. *Europeen workshop on vision and image processing*, 88—93 (juin 2013).
10. T. Maenpaa.: The local binary pattern approach to texture analysis- extensions and applications. *Dissertation, Acta Univ Oul C 187, University of Oulu* (2003).

Le modèle SMASD (Système Multi-Agents de Stockage et Déstockage) alliant les deux concepts : Agent et Heuristique dans les AS/RS à convoyeur gravitationnel

Imen Kouloughli^{1,1}, Zaki Sari¹, Latefa Ghomri¹,
Pierre Castagna²

¹ Laboratoire de Productique de Tlemcen, BP 230 Faculté de Technologie, Université de Tlemcen, Algérie

² Institut de Recherche en Communications et Cybernetique de Nantes, 1 Rue de la Noe 44321 Nantes Cedex 03, France

{kouloughli_imen}@hotmail.com, {zaki_sari, ghomrilatefa}@yahoo.com,
{Pierre.Castagna}@univ-nantes.fr

Résumé. Dans ce travail nous nous intéressons au stockage et au déstockage de produits dans un AS/RS (Automated Storage Retrieval System) à convoyeur gravitationnel ; la technique choisie est celle des SMA (systèmes multi-agents). Pour le stockage et le déstockage d'une liste de produits ; le choix de la meilleure combinaison de ces deux types de règles (règles de stockage et règles de déstockage) est primordial ; ceci dans le but de ranger au mieux le magasin et dans les plus brefs délais. Le système a été perçu comme étant un SMA : système multi agents ; où les agents produits communiquent des informations les concernant telles que leur couleur, leur distance par rapport à la station de sortie... Ceci ayant pour objectif le choix du meilleur produit à déstocker c'est-à-dire dans les plus brefs délais.

Mots clés: AS/RS à convoyeur gravitationnel, stockage/déstockage, combinaison de règles, SMA, temps de déstockage.

1 Introduction

Les systèmes automatisés de stockage/déstockage (Automated Storage/Retrieval System, AS/RS) permettent de manipuler, stocker et déstocker des matériaux avec précision, exactitude et célérité sous un certain degré d'automatisation (MHI, 1977). Ils se composent d'une série de racks de stockage desservis par des allées où circulent une machine de stockage/déstockage (S/R) et d'une ou plusieurs stations d'entrée/sortie référencées sous le nom de station de dépôt/livraison (P/D). Les AS/RS permettent d'améliorer la productivité dans des organismes de fabrication et de distribution, de diminuer le coût de stock, d'améliorer le cheminement des matériaux et la gestion de ressources, ils ont une grande flexibilité d'interfaçage avec d'autres composantes des FMS (Flexible Manufacturing System) tels que : les systèmes de transport, de contrôle, ...etc. Ils peuvent fournir des charges de tous genres (outils, matériaux, palettes, produits, support ...) avec des temps de réponse rapide pour entretenir les demandes de fabrication, d'entreposage, et des applications de distribution. En plus, ils ont une utilisation minimale d'espace.

Plusieurs types d'AS/RS ont été développés : Les AS/RS à charge unitaire, les AS/RS multi allées, les AS/RS à racks glissants, les AS/RS à mini charge ou à charge réduite, les AS/RS à carrousel, les AS/RS à personne embarquée, les AS/RS à étagères profondes, les AS/RS à convoyeur gravitationnel... Dans ce travail, nous nous intéressons aux AS/RS à convoyeur gravitationnel.

Plusieurs travaux ont été réalisés dans le cadre des AS/RS ; Azzouz et al., (2001a) ont appliqué la méthode de Branch and Bound à l'optimisation des dimensions d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel. Dans (Azzouz 2001b) l'auteur a fait une optimisation des dimensions d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel pour un temps de cycle minimum. Dans un autre travail (Azzouz et al., 2001c) une synthèse sur l'optimisation des dimensions d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel a été faite. Gaouar (Gaouar, 2004) a proposé une heuristique pour améliorer les performances d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel.

Les auteurs, dans (Sari, 2003) et (Sari et al., 2005), ont considéré les AS/RS à convoyeur gravitationnel, pour lesquels ils ont développé une expression mathématique continue du temps de cycle.

Des travaux ont été réalisés dans le domaine des systèmes multi-agents appliqués à l'industrie.

L'auteur dans (Reguieg 2010) propose une approche basée sur l'élaboration d'un protocole de coordination pour une architecture multi-agents réalisée dans la plateforme Jade. Le modèle proposé consiste principalement en cinq composantes : Agent Ressource (AR), Agent Interface(AI) ,Agent Superviseur (AS), Data Manager Agent (DMA) ,et l'Agent Coordinateur (AC).Le protocole de coordination assure les échanges de messages entre les agents ainsi que qu'il leur offre des comportements prédéfinis .Le contexte de notre approche est la gestion de production dynamique ce qui nécessite des interactions entre les agents pour résoudre des problèmes d'allocation de ressource ,de gestion de conflits ,et une meilleure réaction lors d'une panne de ressource .L'agent coordinateur (AC) est doté d'un mécanisme d'apprentissage .L'apprentissage de l'AC facilite la prise de décision pour le système de production et requiert moins de temps d'exécution ce qui libère l'agent AC pour des éventuels traitements et rend le système rapide ,flexible et plus réactif.

L'auteur dans (Moyaux,2001) traite la manière dont les SMA pourraient aider à la gestion de la production, de la distribution et des stocks ; il se base sur l'approche DDP(Demand Driven Production and Distribution) pour étudier comment les SMA pourraient résoudre le principal problème de cette approche :la centralisation des décisions .A cet effet les SMA et la planification distribuée ont été présentés .Une réflexion a été menée sur les architectures multi-agents et les types d'interactions inter-agents aptes à permettre la planification de la production ,du stockage et de la distribution dans une chaîne logistique .

Une nouvelle approche a été proposée dans (Gazdar ,2008) ; baptisée COSAH (COntainer Stacking via multi-Agent approach and Heuristic method) qui permet de simuler, résoudre et optimiser l'espace de stockage disponible pour manier les départs et les arrivées des conteneurs dans un port fluvial ou maritime. Les résultats obtenus, présentés et illustrés, montrent l'efficacité de COSAH en particulier, et d'une méthode d'optimisation heuristique distribuée alliant les deux concepts : Agent et Heuristique, en général.

Dans cet article, nous proposons une nouvelle technique dédiée au stockage et déstockage automatisés SMASD (Système Multi-Agents de Stockage et Déstockage) ;

dont le but sera de réduire en permanence le temps de déstockage d'une liste de produits.

2 AS/RS à convoyeur gravitationnel

Un AS/RS à convoyeur gravitationnel est composé d'un seul rack profond contenant un certain nombre de casiers équipés chacun d'un convoyeur gravitationnel incliné. Un casier comporte plusieurs emplacements, chaque emplacement est destiné au stockage d'un seul produit. Le système comporte deux machines : une sur la face avant du rack destinée au stockage des produits, et une autre sur la face arrière du rack pour le déstockage des produits. Les deux faces du rack sont reliées par un convoyeur de restockage, incliné dans le sens inverse des racks. Les produits sont stockés par la machine de stockage d'une face du rack, glissent le long du convoyeur gravitationnel jusqu'à atteindre le premier emplacement vide du casier. La figure 1 ci après représente un AS/RS à CG.

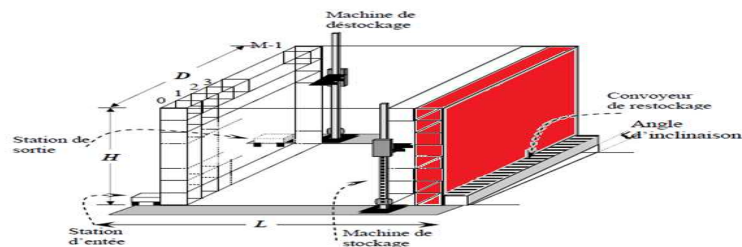


Fig. 1. Configuration et composants d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel

Dans notre système nous nous contentons d'étudier le stockage et déstockage des produits dans un rack à une seule rangée de casiers ce qui signifie que la longueur du rack L sera égale à 1, H qui représente la hauteur du rack sera égale à 35. La profondeur D c.à.d. le nombre de couches sera de 46.

Les actions de stockage et déstockage se passeront de la même manière pour les autres rangées du rack.

3 Le simulateur Netlogo

NetLogo est un environnement de modélisation programmable permettant de simuler des phénomènes naturels et sociaux. Il a été créé par Uri Wilenski en 1999 et son développement est poursuivi de manière continue par le Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling.

NetLogo convient tout particulièrement à la modélisation de systèmes complexes évoluant au cours du temps.

4 Description du modèle SMASD

Le modèle SMASD (Système Multi-Agents de Stockage et Déstockage) est composé d'un rack formé de dix neuf casiers ; dix huit pour stocker les produits et un consacré au restockage.(figure 2)

A chaque type de produit a été attribuée une couleur ; Dans notre modèle nous avons utilisé 140 couleurs.

Notre système a été conçu comme étant un système multi agents réactifs ou il existe des agents produits (agents tortues sous Netlogo) qui se déplacent suivant la règle « Si action alors Réaction » ; en communiquant leur distances par rapport à la station de sortie (qui est considérée comme un agent patch sous Netlogo).Ceci dans le but de minimiser au maximum le temps de déstockage des produits.

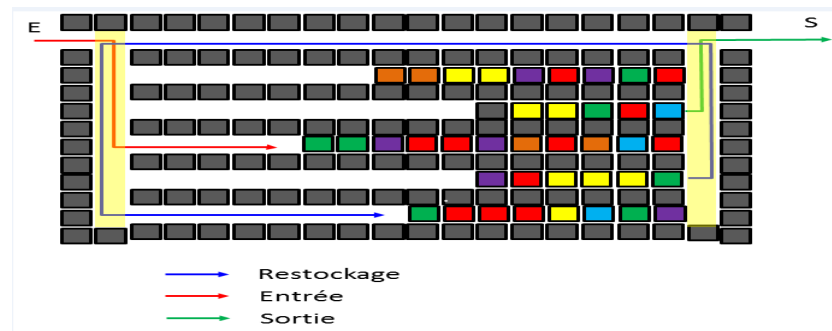


Fig. 2. Principe de fonctionnement du modèle SMASD

4.1 Les principales actions dans SMASD

La procédure Preparer dans la figure qui suit permet d'effacer tous les agents turtles qui existent ;Init permet de mettre le rack dans l'état initial adéquat .

Si par exemple nous mettons EnregisterEtatMagasin à True et que nous faisons des actions de stockage et/ou de déstockage ; si nous appuyons sur Init c'est le dernier état du magasin qui sera mis en place comme état initial.

L'input box « RegleS » nous permettra de choisir parmi les règles stockage possibles celle que l'on souhaite appliquer ; de la même manière

l'input box « RegleD » nous permettra de choisir parmi les règles déstockage possibles celle que l'on souhaite appliquer.(Figure 3)

En combinant deux de ces règles la ; nous lancerons la simulation en faisant appel à la procédure Sim. Cela signifie qu'on aura comme entrée un fichier texte que nous

avons appelé « D.txt » : un fichier qui contient la liste des couleurs des produits que l'on souhaite déstocker.

Suivant la règle « RegleD », nous déstockerons cette liste de produits et par la suite nous restockerons des produits de même type (de même couleur) suivant la règle de stockage « RegleS ».

Nous calculerons le temps nécessaire pour déstocker cette liste de produits et puis nous arrangeons l'état du magasin en restockant des produits de même type à chaque fois ; nous vérifierons si au bout d'un certain temps (que nous fixons) le temps de déstockage diminue au fur et à mesure qu'on range le magasin selon la règle de stockage RegleS.

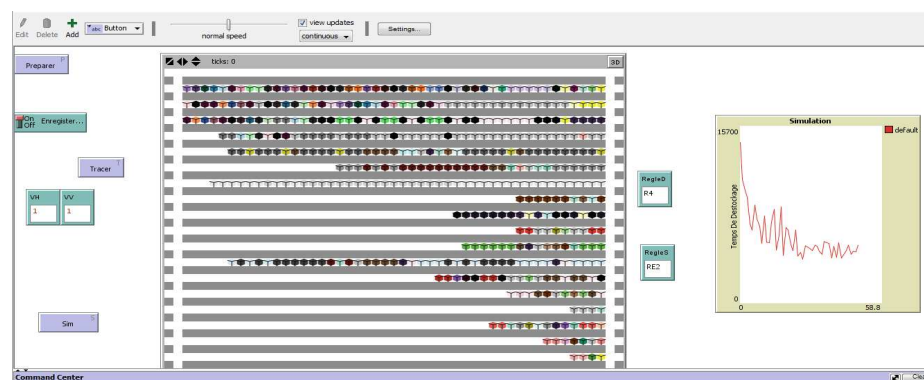


Fig. 3. Interface principale de SMASD

4.2 Les règles de stockage

Dans notre programme nous avons défini trois règles de stockage.

La règle de stockage RE1 :

RE1 qui correspond au stockage aléatoire ; d'où l'utilisation de la fonction prédéfinie de Netlogo , elle retourne un nombre aléatoire entier compris entre 0 et 17.

La règle de stockage RE2 :

Cette règle permet de stocker un produit dans le casier qui contient au minimum un produit du même type, sinon on stocke dans un casier vide.

La règle de stockage RE3 :

La règle RE3 permet de stocker un produit dans le casier qui contient le minimum de produits de ce type. Ceci dans le but de varier au maximum le contenu de chaque casier.

4.3 Les règles de déstockage

La règle de déstockage R1 :

Cette règle teste s'il existe un produit de la même couleur que celui que l'on souhaite déstocker dans la première couche ; s'il en existe plusieurs elle choisit le plus proche de la station de déstockage ; s'il n'en existe aucun elle passe à la seconde couche ...

La règle de déstockage R2 :

Dans cette règle nous avons choisi de découper notre rack en quarts carrés ; nous parcourons le premier, si on ne trouve pas le bon produit à déstocker dans le premier carré ; on passe au second...

La règle de déstockage R3 :

Nous recherchons tout d'abord tous les produits du même type que celui que l'on souhaite déstocker ; nous calculons juste après la distance qu'il y a entre le produit et la station de sortie (ceci en traçant une ligne droite entre les deux points). On choisit le produit ayant la distance minimale.

La règle de déstockage R4:

Cette règle tient compte du nombre de produits qu'il y a avant celui que nous souhaitons déstocker mais aussi de la distance qu'il y a entre ce dernier et la station de sortie.

4.4 Temps de déplacement de la machine de déstockage :

Il nous a semblé intéressant et adéquat de schématiser et mesurer le temps de déplacement de la machine de déstockage.

Il faut donc calculer le temps des déplacements horizontaux de la machine de déstockage mais aussi celui des déplacements verticaux.

L'emplacement de repos de la machine de déstockage a été choisi juste à côté de la station de sortie.

<p>/* r : représente le numéro de couche ou est situé le produit */ $A = (r - 1) * 4$ /*v : représente l'abscisse du produit à déstocker */ $B = (22 - v) * 4 * r$ $\text{TempsDestoc} = A + B + \text{TempsDestoc}$</p>

5 Résultats obtenus et interprétations

Nous mesurons le temps de déplacement moyen de la machine de déstockage ; en partant à chaque fois d'un état initial du magasin.

Chaque courbe dans ce qui suit modélise cinquante temps de déplacement de la machine de déstockage (puisque il y a cinquante itérations dans la boucle Repeat de la procédure Sim).

Nous nous sommes contentés de calculer cinquante temps de déplacement, car cela a suffi pour avoir des résultats intéressants et interprétables. Cependant ce nombre peut être augmenté.

Les vitesses horizontale et verticale de la machine S/R sont représentées par des variables globales dans l'interface principale de notre programme, on peut changer leurs valeurs à n'importe quel moment. Nous leur attribuons par exemple la valeur 1. Etat initial du magasin E0

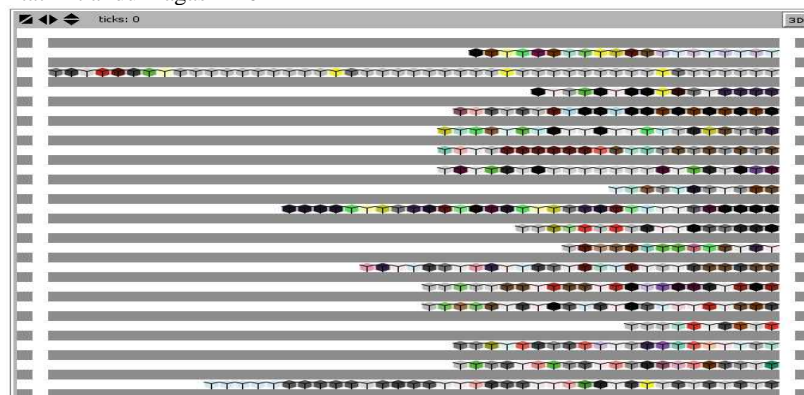


Fig. 4. Etat initial du rack

Nous avons choisi l'état initial du magasin E0 avec un taux de remplissage presque égal à 48% (Figure 4). Nous appliquons les règles de stockage et de déstockage en partant de cet état là. Nous procédons au déstockage d'une liste de produits que nous définissons.

Le tableau qui suit résume les résultats obtenus :

Tableau 1. Le temps moyen de déstockage obtenu en combinant deux règles.

REGLE DE STOCKAGE	RE1	RE1	RE1	RE1	RE1	RE2	RE2	RE2	RE2	RE2	RE3	RE3	RE3	RE3	
REGLE DE DESTOCKAGE	R1	R2	R3	R4	R5	R1	R2	R3	R4	R5	R1	R2	R3	R4	R5
TEMPS MOYEN DE DEPLACEMENT DE LA MACHINE DE DESTOCKAGE	32382.88	39636.5	42178.24	37618.24	43958	8998.4	13989.36	13813.12	5906.72	6089.52	11479.76	8810.72	8882	10275.92	7216.8

5.1 Interprétation des résultats :

Règle de stockage RE1

- Il est clair que le temps de déplacement de la machine de déstockage se basant sur un stockage aléatoire (RE1) a donné des résultats médiocres comparés à ceux obtenus en appliquant des règles de stockage.

Règle de stockage RE2

- Après combinaison de la règle de stockage RE2 avec les différentes règles de déstockage : R1, R2, R3, R4 et R5, nous avons constaté que le temps minimal de déstockage obtenu correspond à la combinaison (RE2, R4) ceci s'explique par :

La règle RE2 minimise la variation de type de produits dans un même casier ceci permet de trouver le produit à déstocker dans les premières couches.

La règle R4 calcule la moyenne entre le nombre de produits à restocker et la distance directe entre le produit à déstocker et la station de sortie.

Plus le nombre de couches est réduit, plus la distance directe entre le produit à déstocker et la station de sortie est petite et plus le nombre de produits se trouvant avant le produit à déstocker diminue ce qui explique l'obtention du meilleur temps de déstockage pour la combinaison (RE2, R4).

Règle de stockage RE3

La meilleure combinaison obtenue est (RE3, R5) car le temps de déstockage dépend de deux critères : la distance que doit parcourir la machine de déstockage pour récupérer le produit à déstocker mais avant cela du nombre de produits que nous devrions restocker avant de pouvoir accéder au bon produit.

Ces deux critères sont en fait les fondements sur lesquels est basée la règle de déstockage R5.

De plus RE3 maximise la variation de produits dans chaque casier ce qui fait que le produit à déstocker peut être n'importe où dans le rack (possible qu'il soit dans les derniers casiers du rack ou même dans les dernières couches) c'est pourquoi les rôles des distances horizontale et verticale que doit parcourir la machine de déstockage et du nombre de produits à restocker entrent en jeu.

R5 est la règle de déstockage qui devrait donner de bons résultats de manière générale (peu importe la règle de stockage utilisée) ; seulement dans certains cas d'autres règles de déstockage qui ne marchent pas toujours (avec n'importe quel stockage) donnent de meilleurs résultats. En d'autres termes le choix de la meilleure règle de déstockage dépend de certains critères dont : l'état initial du rack, du taux de remplissage du rack mais aussi de la manière dont le rack est rangé (la règle de stockage utilisée).

6. Conclusion

Dans cet article, nous avons conçu notre propre modèle, que nous avons baptisé « SMASD ».

La nouveauté et l'originalité de ce modèle réside dans la fusion de deux techniques minutieusement choisies et adaptées aux AS/RS à convoyeur gravitationnel.

Nous avons tout d'abord mis en place une stratégie de stockage (règles de stockage) et de déstockage (règles de déstockage). nous choisissons la meilleure combinaison de ces règles ; ceci dans le but de ranger le mieux possible notre magasin.

Ensuite nous avons perçu notre AS/RS à convoyeur gravitationnel comme étant un SMA (système multi agents) ; ou ces derniers sont des agents autonomes en interaction ; ils se communiquent des informations les concernant telles que leur type, leur distance par rapport à la station de sortie ...

La fusion des deux a permis une complémentarité visant un meilleur rangement du rack.

Nos perspectives seront de reconsidérer le même système ; mais cette fois ci en mettant plus en évidence la communication entre les agents c'est-à-dire en suivant un langage dédié aux SMA « ACL : Langage de Communication entre Agents ». Pour cela nous utiliserons une plateforme spécifique nommée Jade.

Références

1. ALLEN, S. L., A selection guide to AS/R systems. *Industrial Engineering*, 24 (3), 28--31, (1992)
2. Material Handling Institute, Inc., Considerations for planning and installing an automated storage/retrieval systems, AS/RS Document- 100 7M, (1977)
3. Azzouz A.,(a) Sari Z., Ghouali N., La méthode Branch and Bound appliquée à l'optimisation des dimensions d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel , Conférence internationale sur la productique, Alger, 9-11 juin (2001)
4. Azzouz A.,(b) Optimisation des dimensions d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel pour un temps de cycle minimum, Thèse de magister, Université de Tlemcen Algérie, (2001)
5. Azzouz A.,(c) Sari Z., Ghouali N., Une synthèse sur l'optimisation des dimensions d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel , Conférence internationale sur la conception et la production intégrée, Fès, 24-26 octobre (2001)
6. Gaouar N., Amélioration des performances d'un AS/RS à convoyeur gravitationnel, Thèse de magister, Université de Tlemcen Algérie, (2004)
7. Sari Z., Saygin C., Ghouali N., « Travel-time models for flow-rack automated storage and retrieval systems », *International journal Advanced Manufacturing Technology*, vol. 25, 979—987,(2005)
8. Reguieg S, « Elaboration d'un protocole de coordination dans un SMA pour la gestion de production dynamique : vers une approche décentralisée », Thèse de magister, Université d'Oran, (2010)
9. Moyaux T., « Comment les SMA pourraient aider à la gestion de la production, de la distribution et des stocks », Rapport d'un cours, Université Laval, (2001)
10. Gazdar M., Optimisation Heuristique Distribuée du Problème de Stockage de Conteneurs dans un Port, Thèse de doctorat, école centrale de Lille, (2008)

Images

Content-Based Dermoscopic Image Retrieval Using a Hybrid HWT-ULBP Scheme

Khadidja Belattar and Sihem Mostefai

Computer Science Department, College of NTIC,
Constantine University 2,
25000 Constantine, Algeria

{khadidja.belattar,sihem.mostefai}@univ-contantine2.dz

Abstract. Feature extraction is a crucial stage for Content-Based Dermoscopic Image Retrieval (CBDIR). However, the derived features might not be a powerful discriminator as they are sensitive to the specific imaging process (lighting, orientation, scale, etc) which radically alters dermoscopic image retrieval results. In this paper, we derive the Uniform Local Binary Patterns (ULBP) in multiresolution representation (Haar Wavelet Transform; HWT). The proposed approach has been evaluated in terms of Mean Average Precision, Mean Average Recall and retrieval time on a database of 176 pigmented skin lesion images, belonging to benign and melanoma cases. Experimental results indicate that the CBDIR performances are significantly improved by using hybrid HWT-ULBP scheme.

Keywords: Content-Based Dermoscopic Image Retrieval, Uniform Local Binary Patterns, Haar Wavelet Transform

1 Introduction

Recent imaging technologies allowed physicians to collect a large number of digital images in dermatology domain for diagnosis purposes. The latter can be achieved through an automatic Content-Based Image Retrieval technology [1]. Developing a reliable method for Content-Based Image Retrieval from Dermoscopic skin lesion image databases;(CBDIR) is a very important research topic. In fact, dermoscopy [2] is the most common modality used in dermatology, since it increases the sensibility and specificity of diagnosis, compared to naked eye examination.

In a typical diagnosis process, a dermatologist frequently needs to label an unknown skin disease represented with a skin image. He can then submit that image to a CBDIR system which identifies the relevant cases that are correctly labeled from a known database. In this way, he can improve the quality of skin lesion diagnosis using the CBDIR system as a second opinion.

Hence, the CBIR system requires the analysis of the actual visual content [3] of skin lesion images. The performances of a CBDIR system depends strongly on : the type of features that describe the image content and the similarity measure used to compare a query image against a given database.

In this paper, we focus our attention on feature extraction by considering the Local Binary Patterns (LBP) for CBDIR. This has several attractive properties: it is considered as a powerful discriminator that is low in computational complexity, it has less sensitivity with respect to illumination conditions than many descriptors, is invariant to changes in gray level, and does not need a prior tricky skin lesion segmentation process as proposed in [4]. It also makes a good choice for encoding fine details.

Motivated by this, we propose a new CBDIR approach that combines local with global methods for texture feature extraction, namely: the Uniform Local Binary Patterns (ULBP) and Haar Wavelet Transform (HWT).

Our aim is to improve the mean average precision, mean average recall of image retrieval and reduce the response time by extracting ULBP histogram from low frequency sub-band (LL_1) of pigmented skin lesions images (benign, melanoma). The remainder of this paper is organized as follows. In Sect. 2, we shade light on feature extraction and image descriptor matching in CBDIR by giving a state of the art in this field. In Sect. 3, we detail the proposed CBDIR scheme using a hybrid ULBP-HWT scheme. In Sect. 4, we report experimental results on a dataset of 176 pigmented skin lesion images. In Sect.5, we provide concluding remarks and a few directions for future research.

2 Feature Extraction and Descriptor Matching in CBDIR

A skin image content might reflect the clinical, morphological parameter and biological components (melanin and hemoglobin) [5] applied by physicians towards automated diagnosis of skin diseases [6]. While choosing feature descriptors for CBDIR we have several choices to begin with. The most vital features describing clinical aspect of the skin lesion are color and texture. Bosman et al. [7] derived the average colors of healthy and lesion skin for retrieving similar lesions. The image retrieval process is based on K-Nearest Neighbor search and Euclidean distance. Another work in that class of approaches is that of Ballerini et al. [8] in which they used color mean, covariance matrix and texture co-occurrence matrix calculations to find similar lesions. The matching of query and database images descriptors is achieved by using weighted sum of Bhattacharyya and Euclidean distances. Color moments (mean and variance) of the skin lesion have also been used for characterization of the skin lesion color [9], while the lesion boundary is represented by simple shape features, moment invariants and Fourier features. The most relevant images with respects to the query image are retrieved based on the Euclidean distance measure. In [10], the authors calculated the local color features by estimating the covariance matrix and histogram analysis of color channels. Moreover, evaluating the statistical parameters of gray-level co-occurrence matrix of the lesions has also been considered in this work. Baldi et al. [11] performed a retrieval method based on reduced resolution multiple scatter-plots/color ratio and co-occurrence matrices of a set of dermoscopic images. They employed weighted Bhattacharyya and Euclidean distances for measuring the similarity between the query image and the dermoscopic im-

ages signatures. An Independent Component Analysis scheme has been applied in [12] to learn Gabor texture features and also to evaluate the presence of the differential structures specific to dermoscopic images. In a previous work [13], we presented a comparative study of different similarity measures for CBDIR. They represent a skin lesion as a set of extracted local features. This includes color histograms, color correlograms, color moments, texture Gabor wavelet and wavelet moments. The retrieval process was performed using twelve similarity measures. In addition to these, simple LBP operator based on statistical feature distribution has proved to be efficient in skin lesion classification [14]. Its efficiency originates from the detection of different micro patterns (edges, points, constant areas, etc).

All of these methods used global or local clinical feature extraction method. However, the skin lesion images are not always clear, but can sometimes also show irregular shadings and highly saturated regions. Therefore, retrieval performances can decrease when extracting the skin lesion features. Moreover, the clinical feature extraction step can lead to increased processing time.

To overcome these problems, we propose a new CBDIR system. The proposed method combines Haar wavelet-based global features and ULBP-based local features. The matching of query and database image histograms is achieved by using Bhattacharya similarity distance.

3 The Proposed Approach

As outlined in the chart of Fig.1, the proposed approach evolves in two phases:

- Dataset building (off-line) phase
- Query processing (on-line) phase

In the off-line phase, we decompose each dermoscopic skin lesion image of database into low-high frequency sub bands. This decomposition is based on the first level Haar Wavelet Transform. Next, we extract the ULBP from low frequency (LL_1) sub-band. The database skin lesion images are represented by ULBP-HWT normalized histograms.

Similarly in the online phase, a query image is represented by using ULBP-HWT normalized histogram. The query histogram is compared with the those of the database using Bhattacharya similarity distance. The top similar images are given to the user.

Each of these steps is detailed in the following section.

3.1 Haar Wavelet Decomposition

In recent years, the Haar wavelet transform [15] emerged in the field of dermatology. Haar wavelets transform is the simplest and the fastest wavelet transformation method. It captures frequency and location information of the input in $O(n)$ operations.

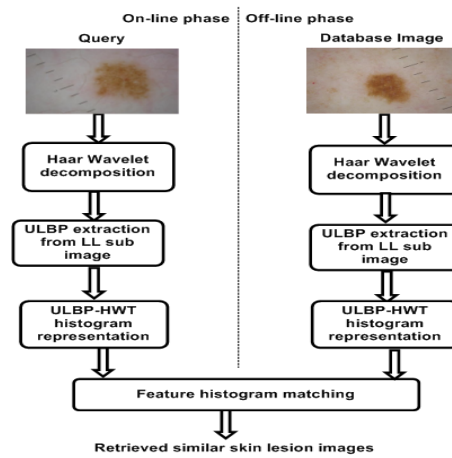


Fig. 1. The proposed approach

The Haar wavelet applies a pair of low-pass and high-pass filters to image decomposition first in image columns and then in image rows independently. As a result, it produces four sub-bands as the output of the first level Haar wavelet. The four sub-bands are LL_1 , HL_1 , LH_1 and HH_1 . The low-frequency sub-band LL_1 (approximate coefficients) can be further decomposed into four sub-bands LL_2 , HL_2 , LH_2 and HH_2 at the next coarser scale. LL_i is a reduced resolution corresponding to the low frequency part of the image. The other three sub-bands HL_i , LH_i and HH_i are the high frequency (detailed coefficients) parts in the vertical, horizontal, and diagonal directions, respectively.

Since LL_1 sub-band of the first level Haar wavelet represents the original skin lesion image with a reduced resolution and preserves the texture skin lesion information, we kept this sub-band in the next stage of the proposed approach. Fig.2 illustrates the first level Haar wavelet decomposition.

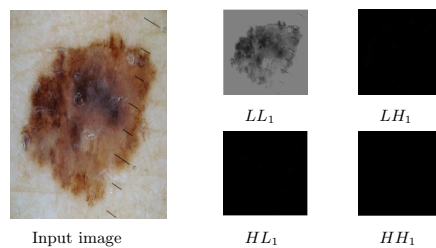


Fig. 2. First level Haar wavelet decomposition

3.2 ULBP Extraction

We characterize the spatial structure of local skin lesion image texture through LBP operator [16], that is, by definition, invariant against any monotonic transformation of the gray scale. LBP operator is derived by defining texture T in a local neighborhood of a monochrome texture image as the joint distribution of the gray levels g_c and $g_p(p = 0, \dots, P - 1)$ image pixels:

$$T = t(g_c, g_0, \dots, g_{P-1}) . \quad (1)$$

where gray value g_c corresponds to the gray value of the center pixel of the local neighborhood and $g_p(p = 0, \dots, P - 1)$ correspond to the gray values of P equally spaced pixels on a circle of radius $R(R > 0)$ that form a circularly symmetric neighbor set.

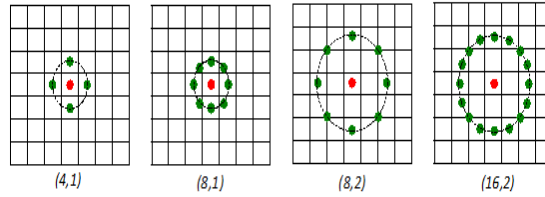


Fig. 3. Four circularly symmetric neighborhood sets (green) around a central pixel (red)

To achieve Gray-Scale invariance, we subtract, without losing information, the gray value of the center pixel (g_c) from the gray values of the circularly symmetric neighborhood $g_p(p = 0, \dots, P - 1)$, giving:

$$T = t(g_c, g_0 - g_c, g_1 - g_c, \dots, g_{P-1} - g_c) . \quad (2)$$

Assuming g_c is independent of $g_p - g_c$, we can factorize Equation (3)

$$T \approx t(g_c)t(g_c, g_0 - g_c, g_1 - g_c, \dots, g_{P-1} - g_c) . \quad (3)$$

$t(g_c)$ describes the overall luminance of the image, which is unrelated to local image texture and, consequently, does not provide useful information for texture analysis, so we ignore it:

$$T \approx t(g_c, g_0 - g_c, g_1 - g_c, \dots, g_{P-1} - g_c) . \quad (4)$$

Equation (4) records the occurrences of various patterns in the neighborhood of each pixel in a P -dimensional histogram. Signed differences $g_p - g_c$ are not affected by changes in mean luminance; hence, the joint difference distribution is invariant against gray-scale shifts. We achieve invariance with respect to the

scaling of the gray scale by considering just the signs of the differences instead of their exact values:

$$T \approx t(s(g_0 - g_c), s(g_1 - g_c), \dots, s(g_{P-1} - g_c)) . \quad (5)$$

Where $s(x) = \begin{cases} 1 & , x \geq 0; \\ 0 & , x < 0 . \end{cases}$ By assigning a binomial factor 2^P for each sign $s(g_p - g_c)$, we transform Equation(5) into a unique $LBP_{P,R}$ number that characterizes the spatial structure of the local image texture:

$$LBP_{P,R} = \sum_{p=0}^{P-1} s(g_p - g_c) 2^p . \quad (6)$$

We have observed that dermoscopic patterns [17] are fundamental properties of texture, covering the most part of the skin lesion. They are dermoscopic structures, including pigment network, dots, globules, streaks, vascular structures,...etc. These structures can be detected by uniform patterns of LBP. The term uniform refers to the uniform appearance of the local binary pattern, i.e., there are a limited number of transitions or discontinuities in the circular presentation of the pattern. The most frequent uniform binary patterns correspond to primitive microfeatures, such as edges, corners, and spots; hence, they can be regarded as feature detectors.

Formally, the uniform patterns are defined as the number of spatial transitions (bitwise 0/1 changes) in the pattern.

$$LBP_{P,R}^{u2} = \begin{cases} \sum_{p=0}^{P-1} s(g_p - g_c) 2^p, & \text{if } U(LPR_{P,R}) \leq 2; \\ P + 1 & , \text{otherwise} . \end{cases} \quad (7)$$

Where $U(LPR_{P,R}) = |s(g_{P-1} - g_c) - s(g_0 - g_c)| + \sum_{p=0}^{P-1} |s(g_p - g_c) - s(g_{p-1} - g_c)|$ Equation (7) assigns a unique label to each of them corresponding to the number of "1" bits in the pattern, while the non uniform patterns are grouped under the miscellaneous label $(P + 1)$.

So, our scheme extracts $ULBP$ operator from LL_1 sub-band of the original skin lesion input image.

3.3 ULBP-HWT Histogram Representation

In the representation stage, we compute and normalize the histogram of the combined ULBP-HWT feature.

3.4 Feature Matching

As final stage, we match the ULBP-HWT histogram of the query image against those of the database image. This matching is accomplished by using the most

used similarity function in CBDIR, which is Bhattacharya distance [3]. The latter is defined as follows:

$$d_b(H, K) = 1/8(\mu_h + \mu_k)^T \left[\frac{C_h + C_k}{2} \right]^{-1} (\mu_h + \mu_k) + 1/2 \ln \frac{\frac{C_h + C_k}{2}}{\sqrt{|C_h||C_k|}} . \quad (8)$$

Where μ_h, μ_k are the mean vectors, C_h and C_k represents the covariance matrices of the query and database image respectively. The top k similar images with respect to the image query are given to the user.

4 Experimental Results and Discussion

Data Description. The proposed system has been tested on the database of 176 dermoscopic images of pigmented skin lesions containing 88 malignant cases (confirmed melanomas) and 88 benign lesions [4]. All images were furnished by several dermatologists using a Heine Delta 20 dermoscope equipped with a digital camera (SONY W120).

The performances of a CBDIR system are evaluated in terms of Mean Average Precision (MAP), Mean Average Recall (MAR) and retrieval time.

$$Precision = \frac{No. of relevant images retrieved}{No. of retrieved images} * 100(\%) . \quad (9)$$

$$Recall = \frac{No. of relevant images retrieved}{No. of relevant images in the database} * 100(\%) . \quad (10)$$

$$MAP_f(Q) = 1/Q \sum_{j=1}^Q AP_{jf}(\%) . \quad (11)$$

$$MAR_f(Q) = 1/Q \sum_{j=1}^Q AR_{jf}(\%) . \quad (12)$$

Where: Q is a set of 30 random queries sampled from the datasets, $AP_{j,f}$, $AR_{j,f}$ are Average Precision (Average Recall) for query j with respect to the feature descriptor f respectively, for first $K(10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80)$ images retrieved.

We also considered a returned image as relevant if it describes the same disease as the query image.

In the first experiment, we tested the proposed approach on some skin lesion images of bad quality. We artificially produced bad quality skin lesion images in Adobe Photoshop by controlling the contrast and illumination, as shown in Fig.4.

We computed the similarity distance between the original images and bad quality ones, as shown in Table 1.

In overall view, the CBDIR-based ULBP-HWT was less affected by the changes

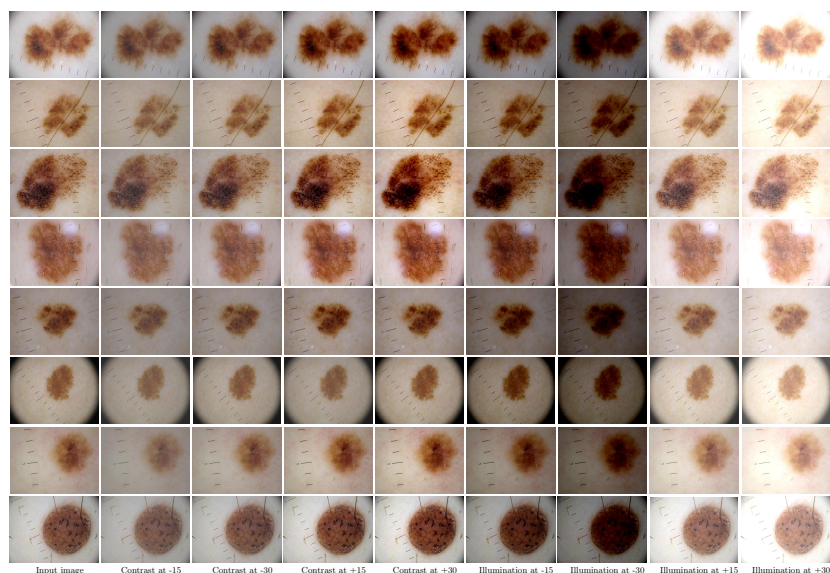


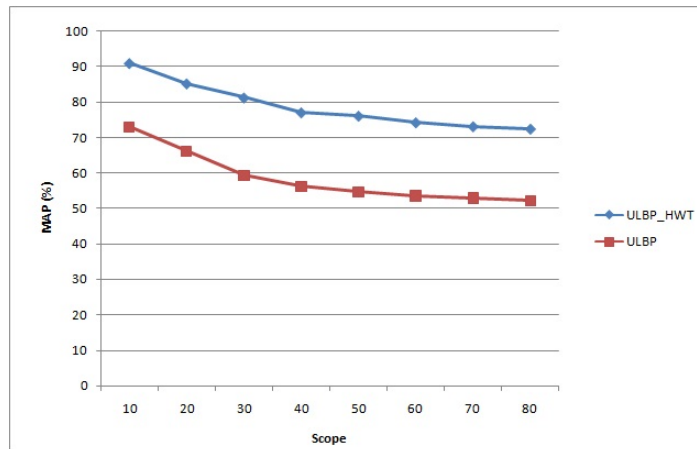
Fig. 4. Examples of artificially saturated and illuminated images

Table 1. The robustness of the proposed method in terms of contrast and illumination factors

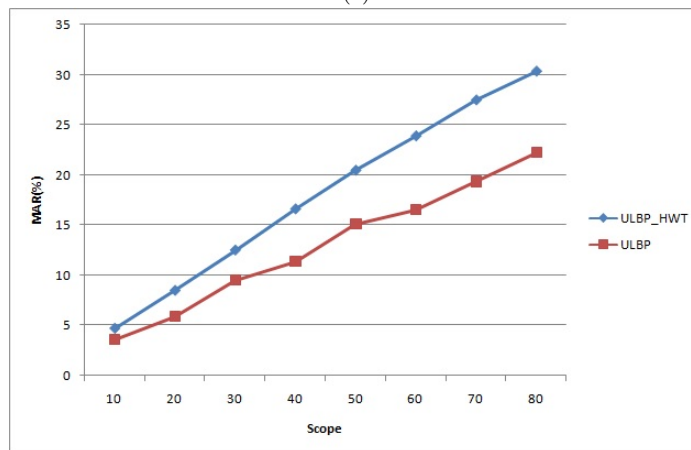
Features	Images	Contrast				Illumination			
		-30	-15	15	30	-30	-15	15	30
ULBP-HWT	Image1	0.0000038	0.0000043	0.000017	0.000017	0.0072	0.0371	0.0046	0.0046
	Image2	0.0000031	0.0000001	0.0000054	0.0000122	0.00015	0.0055	0.0000046	0.036
	Image3	0.0000056	0.00000067	0.0000101	0.0000031	0.0078	0.072	0.0000015	0.031
	Image4	0.00000154	0.000011	0.000018	0.000051	0.0000028	0.0124	0.00000019	0.0724
	Image5	0.000023	0.0000089	0.000031	0.000031	0.0011	0.0092	0.00000016	0.000017
	Image6	0.00000017	0.0000067	0.0000053	0.000042	0.0078	0.0351	0.0000002	0.0012
	Image7	0.00000079	0.00000018	0.0000045	0.00001	0.000052	0.0053	0.000017	0.016
	Image8	0.00000088	0.000029	0.0000068	0.000023	0.00028	0.0378	0.00000012	0.27
ULBP	Image1	0.00024	0.0028	0.000059	0.000007	0.1026	0.1495	0.0829	0.0237
	Image2	0.00016	0.0022	0.0004	0.0017	0.0412	0.3535	0.0051	0.01
	Image3	0.00019	0.0024	0.0000022	0.0034	0.0708	0.28	0.0126	0.04
	Image4	0.00027	0.0032	0.00049	0.0025	0.0209	0.232	0.026	0.035
	Image5	0.00018	0.002	0.00049	0.00049	0	0.19	0.0033	0.0112
	Image6	0.00014	0.0023	0.0012	0.00015	0.022	0.3516	0.008	0.0178
	Image7	0.00023	0.0031	0.00043	0.0027	0.0756	0.222	0.0039	0.0086
	Image8	0.00026	0.0033	0.00021	0.0011	0.012	0.2713	0.0051	0.0343

of contrast and illumination than the CBDIR-based ULBP because it combines Haar wavelet-based global features and ULBP-based local features.

In the second experiment, we assess the CBDIR performances. Fig 5.a and 5.b illustrate the *MAPs* and *MARs* plots of the proposed CBDIR approach. From the obtained curves, we clearly see that the proposed approach (*ULBP-HWT*) outperforms, in terms of *MAP* and *MAR*, the basic ULBP image retrieval approach for the first *K* (10, 20,30,40,50,60,70,80) retrieved images. This result is mainly due to the Haar wavelet decomposition.



(a)



(b)

Fig. 5. Performance comparison of CBDIR. (a) MAP, (b) MAR

Table 2 report the Average Retrieval Time (*ART*) of CBDIR approaches for the first K (10,20,30,40,50,60,70,80) retrieved images over 30 queries selected randomly. Both systems have been developed in MatlabR2013a on a Core i7, 2.20 GHz processor 4702 MQ.

Table 2. Retrieval time comparison of CBDIR approaches

ART(s)	CBDIR using ULBP	The proposed approach
scope=10	0.2729	0.2594
scope=20	0.4975	0.4856
scope=30	0.7761	0.7582
scope=40	1.0160	0.9987
scope=50	1.3272	1.2858
scope=60	1.5789	1.5142
scope=70	1.9490	1.9072
scope=80	2.4315	2.3643

The proposed approach yields the shortest computation time for CBDIR for all scopes. This is explained by the fact that CBDIR approach using a hybrid HWT-ULBP computes efficiently the ULBP operator on LL_1 sub-band with reduced resolution.

Comparing the obtained results with those reported in [13], the retrieval *MAP* and *MAR* of developed scheme are better than that of proposed system (S1) in [13], as presented Fig 6.

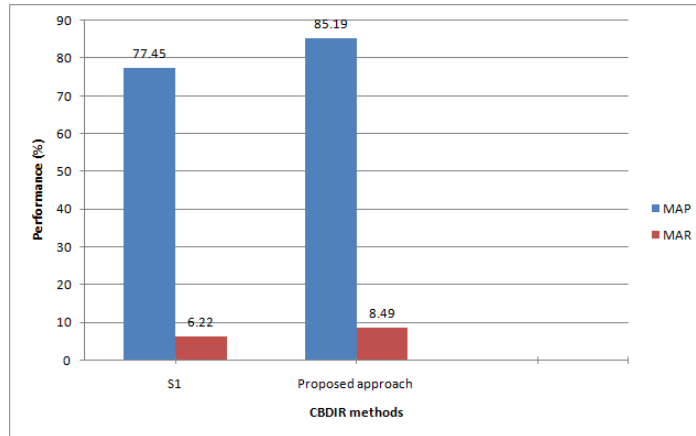


Fig. 6. Performance comparison of CBDIR methods

In that scheme, the retrieval time costs 0.5625 s. It represents the skin lesion using color histogram, color auto-correlogram, color moments, Gabor wavelet and wavelet moments. Thus, S1 could not achieve higher performances (MAP, MAR and retrieval time) in retrieving most similar images. Our proposed method for CBDIR overcomes these limits by employing Haar wavelet-based global features and ULBP-based local features. This combination is invariant to changes in contrast and illumination conditions, is more effective and efficient compared against the the work proposed in [13] and the basic ULBP image retrieval approach. Furthermore, it avoids the segmentation of the skin lesion, which is time consuming and prone to errors.

5 Conclusion

In this work, we have presented an hybridized approach named HWT-ULBP for CBDIR. The proposed approach computes the ULBP normalized histogram from low frequency sub-band of first level Haar wavelet transform. It also uses Bhattacharya distance for histogram matching of the query and database images. The performance evaluation was done on database of 176 pigmented skin lesion images, belonging to benign and melanoma cases. The proposed CBDIR method using a hybrid HWT-ULBP outperformed other existing CBDIR methods.

A possible future work is to increase the recall of the proposed approach so as to achieve a tradeoff between retrieval precision and recall.

References

1. Choraś, R.S.: Content-Based Image Retrieval-A Survey. In: Saeed, K., Pejaś, J., Mosdorf, R. (eds) *Biometrics, Computer Security Systems and Artificial Intelligence Applications*. pp. 31-44. Springer, US (2006)
2. Ali, A., Deserno, T.M.: A systematic Review of Automated Melanoma Detection in Dermatoscopic Images and its Ground Truth Data. In: *Proceedings of SPIE, Medical Imaging 2012: Image Perception, Observer Performance, and Technology Assessment*. San Diego, California, USA (2012)
3. She,A., Liu, Y., Damatoa, A.: Combination of Features from Skin Pattern and ABCD Analysis for Lesion Classification. *Skin Research and Technology* 13, 25-33 (2007)
4. Wazaefi, Y., Paris, S., Fertil,B.: Contribution of a Classifier of Skin Lesions to the Dermatologist's Decision. In: *the 3rd IEEE International Conference on Image Processing Theory, Tools and Applications (IPTA)*, pp. 207-211. IEEE Press, Istanbul, Turkey (2012)
5. Amelard, R., Glaister, J., Wong, A., Claus, D.A.: Melanoma Decision Support using Lighting-Corrected Intuitive Feature Models. In: Scharcanski, J., Celebi, M.E. (eds) *Computer Vision Techniques for the Diagnosis of Skin Cancer*, pp. 193-219. Springer-Verlag Berlin Heidelberg (2013)
6. Okuboyejo, D.A., Olugbara, O.O., Odunaike, S.A.: Automating Skin Disease Diagnosis Using Image Classification. In: *Proceedings of the World Congress on Engineering and Computer Science 2013 Vol II WCECS 2013*, pp. 23-25. San Francisco, USA (2013)

7. Bosman, H.J., Petkov, N., Jonkman, M.F.: Comparison of Color Representations for Content Based Image Retrieval in Dermatology. *Skin Research and Technology*, 16,109-113 (2010)
8. Ballerini, L., Li, X., Fisher, R.B., Rees, J.: query-by-example content based image retrieval system of non-melanoma skin lesions. In: *Proceedings of the First MICCAI International Conference on Medical Content-Based Retrieval for Clinical Decision Support*, pp. 31-38. London, UK (2009)
9. Arani, M.N., Ghassemian H.: A Hierarchical Content-Based Image Retrieval Approach to Assisting Decision Support in Clinical Dermatology. *Iranian journal of Electrical and Computer Engineering* 9, 23-33(2010)
10. Rahman, Md., Desai, B.C., Bhattacharya, P.: Image Retrieval Based Decision Support System for Dermatoscopic Images. In *Proc. of 19th Sym. IEEE CBMS*, pp. 285-290. IEEE Press, Salt Lake City, UT (2006)
11. Baldi, A., Murace, R., Dragonetti, E., Manganaro, M., Guerra, O., Bizzi, S., Galli, L., Definition of an Automated Content-Based Image Retrieval (CBIR) system for the Comparison of Dermoscopic Images of Pigmented Skin Lesions. *BioMedical Engineering OnLine*, 1-8(2009)
12. Trojan, N.: CBIR-based Dermatology Diagnostic Assistant. Thesis report, Monash University (2004)
13. Belattar, K., Mostefai, S.: Similarity measures for content-based dermoscopic image retrieval: A comparative study. In: *the 1 st International Conference on New Technologies of Information and Communication*, pp. 1-6. IEEE Press, Mila, Algeria (2015)
14. Gonzalez-Castro, V., Debayle, J., Wazaefi, Y., Rahim, M., Gaudy, C., Grob, J.J., Fertil, B.: Automatic Classification of Skin Lesions using Geometrical Measurements of Adaptive Neighborhoods and Local Binary Patterns. In: *International Conference on Image Processing (ICIP 2015)*, pp.1722-1726. IEEE Press, Quebec City, Canada (2015)
15. Chang, C.C., Chuang, J.C., Hu, Y.S.: Similar Image Retrieval Based On Wavelet Transformation. *International Journal Of Wavelets, Multiresolution And Information Processing* 2,111-120 (2004)
16. Ojala, T., Pietikäinen, M., Maénpaéa, T.: Multiresolution Gray-Scale and Rotation Invariant Texture Classification with Local Binary Patterns, *IEEE Trans. On Pattern Analysis and Machine Intelligence* 24, 971-987 (2002)
17. Sez, A., Acha, B., Serrano, C.: Pattern Analysis in Dermoscopic Images. In: Scharcanski, J., Celebi, M.E. (eds) *Computer Vision Techniques for the Diagnosis of Skin Cancer*, Series in BioEngineering, pp. 23-48. Springer-Verlag Berlin Heidelberg (2013)

Hybridation d'un Algorithme Génétique Quantique et d'un Système Complexe pour le Traitement d'Images

Safia Djemame¹ Mohamed Batouche²

¹ Département Informatique, Faculté des Sciences, Université Ferhat Abbes, Sétif1,
Algérie

s_djemame@yahoo.fr

² Département Informatique fondamentale et ses applications, Université
Constantine 2, Algérie

mcbatouche@gmail.com

Résumé Dans ce papier, les auteurs présentent une nouvelle approche pour la détection de contours basée sur le "Quantum Genetic Computing" et les systèmes complexes. L'idée principale est d'utiliser l'automate cellulaire (AC) comme système complexe pour modéliser l'image, et l'algorithme génétique quantique comme stratégie de recherche pour l'optimisation. L'automate cellulaire est une grille de cellules qui opèrent en parallèle et interagissent localement avec leurs voisins utilisant des règles de transition simples et produisant une structure globale exhibant de nouvelles structures. Le problème avec les automates cellulaires est de trouver, parmi un large ensemble de règles de transition, le sous-ensemble qui mène à l'effet attendu, dans notre cas, la détection de contours. Pour aborder ce problème difficile, les auteurs proposent l'utilisation d'un algorithme génétique quantique (QGA) pour faire évoluer l'automate cellulaire. La configuration finale de l'AC est une image segmentée en contours. L'efficacité et la faisabilité de QGA sont démontrées par des résultats visuels et quantitatifs. La comparaison avec l'algorithme génétique conventionnel (CGA) est faite. Les expériences montrent que l'efficacité de QGA est significativement meilleure que son homologue conventionnel (CGA). Les résultats obtenus sont encourageants et prometteurs.

1 Introduction

Le Quantum Computing (QC) est une science interdisciplinaire émergente qui a induit une recherche intensifiée dans la dernière décennie. QC est basé sur les principes de la mécanique quantique comme la représentation en *qubit* et la *superposition d'états*. QC est capable de traiter un grand nombre d'états en parallèle, il apporte une nouvelle philosophie à l'optimisation, en regard des concepts qui lui sont inhérents [Williams 1998]. Le premier algorithme quantique a été proposé par [Shor 1994] pour la factorisation de nombres. Grover 1996 a proposé un algorithme quantique pour la recherche aléatoire dans les bases de données.

Des chercheurs ont essayé d'adapter quelques propriétés du Quantum Computing dans les algorithmes classiques. Depuis la fin des années 1990, l'hybridation du calcul quantique et des algorithmes évolutionnaires s'est avérée être une solution efficace pour traiter des problèmes complexes. Dans ce contexte, l'algorithme génétique quantique (QGA) a prouvé son efficacité pour la résolution de problèmes d'optimisation Han et al 2002 , Han et al 2003 , Draa et al 2005. QGA peut assurer l'équilibre entre exploration et exploitation plus facilement que l'algorithme génétique classique. D'autre part, il peut explorer l'espace de recherche avec un nombre d'individus réduit pour obtenir une solution globale en un temps minimal Han et al 2004. QGA est aussi caractérisé par la représentation des individus, la taille de la population, la fonction de fitness et la dynamique de la population.

En plus de la mutation et du croisement, un nouvel opérateur incluant le concept d'interférence introduit par Narayanan et al 1996 est aussi utilisé. QGA présente plusieurs avantages : une petite taille de population, la vitesse de convergence, une grande aptitude à l'optimisation globale, et une bonne robustesse.

L'intérêt de ce travail est double :

D'une part, nous proposons une nouvelle approche combinant le puissant principe de Quantum Computing avec un système complexe : l'automate cellulaire, pour traiter le problème de la détection de contours. A notre connaissance, il n'existe pas dans la littérature des travaux combinant automate cellulaire et QGA, pour résoudre le problème de la détection de contours.

QGA a été efficacement introduit pour résoudre des problèmes d'optimisation combinatoire Han 2000, optimisation de fonctions Wang et al 2013. En Bio-informatique, QGA est exploité pour prédire les nouvelles séquences de protéines Laib et al 2006. Dans notre domaine d'intérêt, le traitement d'images, il existe très peu de travaux traitant les tâches de traitement d'images par QGA. Zhang 2011 propose un algorithme génétique quantique pour la segmentation d'images basé sur l'entropie maximale. Dans Talbi et al 2007 les auteurs exposent un algorithme génétique quantique pour la segmentation multi-objective avec la stratégie Split/Merge. Casper et al 2013 présentent des algorithmes de clustering pour la segmentation d'images.

D'autre part, l'usage de QGA comme stratégie de recherche dans un large espace de règles de transition a donné une solution efficace au problème difficile qui consiste à trouver le sous-ensemble de règles qui mène à la fonction désirée. Des techniques pour automatiser la recherche des règles ont été proposées.

Sipper 1997 a appliqué des règles évolutionnaires pour exécuter des tâches simples, Rosin 2006 a introduit l'algorithme SFFS pour faire évoluer un AC qui effectue des tâches de traitement d'images. Slatnia et al 2007 et Kazar et al 2011 ont utilisé l'algorithme génétique classique pour faire évoluer un automate cellulaire pour la détection de contours. Dans Batouche 2009, l'émergence inversée et un algorithme génétique sont combinés pour le filtrage d'images.

Même si ces algorithmes ont obtenu de bons résultats, ils demeurent coûteux et ne conviennent pas à des problèmes plus diversifiés Kudo et al 2000. Ce domaine reste ouvert à la recherche, on essaie d'y apporter une contribution en

proposant l'usage de l'algorithme génétique quantique comme stratégie de recherche pour trouver les règles d'un AC dans un grand espace, afin de réaliser une détection de contours. L'algorithme proposé dans ce papier tire profit des capacités de QGA à explorer un large espace de recherche et sa convergence rapide, et la puissance de l'automate cellulaire pour modéliser l'image efficacement et extraire le sous-ensemble de règles qui réalise la détection de contours.

Le reste du papier est organisé comme suit : en section 2, on introduit les concepts de base de l'algorithme génétique quantique. En section 3, on expose l'approche proposée pour extraire des contours sur une image utilisant l'algorithme génétique quantique et l'automate cellulaire. En section 4, les résultats expérimentaux, visuels et numériques sont présentés. En section 5, une comparaison entre l'algorithme génétique conventionnel et l'algorithme génétique quantique est réalisée, les résultats expérimentaux sont montrés. Finalement, une conclusion et des perspectives futures sont exposés en section 6.

2 Généralités sur le Quantum Genetic Computing

L'origine du Quantum Computing remonte au début des années 80 quand Richard Feynman a observé que les effets mécaniques du quantique ne peuvent pas être simulés efficacement sur un ordinateur. Durant la dernière décennie, le Quantum Computing a attiré un grand intérêt et a induit de larges recherches, il s'est avéré plus puissant que la programmation classique. D'autre part, le Quantum Computing a pour principale qualité le parallélisme, qui réduit considérablement la complexité algorithmique. Cette capacité de traitement parallèle peut être exploitée pour résoudre des problèmes d'optimisation qui requièrent l'exploration de larges espaces de solutions.

Le qubit Hey 1999 est la plus petite unité d'information stockée dans un ordinateur quantique à 2 états. Contrairement au bit classique qui a 2 valeurs possibles : 0 ou 1, un qubit sera la superposition de ces 2 valeurs. L'état d'un qubit peut être représenté par la notation de Dirac :

$$|\psi\rangle = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle \quad (1)$$

où α et β sont des nombres complexes qui spécifient la probabilité d'amplitude correspondant à chaque état.

$|0\rangle$ et $|1\rangle$ représentent respectivement les valeurs classiques des bits 0 et 1. Lorsqu'on mesure l'état d'un qubit, on peut obtenir '0' avec une probabilité $|\alpha|^2$ et on peut obtenir '1' avec une probabilité $|\beta|^2$.

$$|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1 \quad (2)$$

Un système de m -qubits peut représenter 2^m états simultanément. Un ordinateur quantique peut traiter toutes ces valeurs en parallèle. Lors de l'observation d'un état quantique, il converge vers un état unique parmi les autres

Narayanan 1999 .. Un algorithme quantique consiste à appliquer successivement une série d'opérations quantiques sur le système. Les opérations quantiques sont

réalisées avec des circuits et des portes quantiques. Il est important de souligner que la conception d'algorithmes quantiques n'est pas chose aisée. Jusqu'à présent il n'existe pas de machine quantique capable d'exécuter les programmes quantiques Layeb 2010..

2.1 Principes de l'Algorithme Génétique Quantique

Un algorithme génétique quantique (QGA) est un algorithme génétique où les individus manipulés sont des chromosomes quantiques. La représentation des chromosomes est basée sur le concept de qubit, et dotée d'opérations quantiques. Cela induit que les opérations génétiques classiques (croisement, mutation) seront totalement redéfinies pour s'adapter à la nouvelle représentation des chromosomes.

La structure de QGA est décrite dans l'algorithme suivant :

Algorithme génétique quantique
Q($t=0$) est une population de chromosomes quantiques à la génération t .
P(t) est un ensemble de solutions binaires à la génération t .
DEBUT
Génération aléatoire de la population initiale des chromosomes quantiques.
Répéter jusqu'à la convergence :
* Générer P(t) par mesure de Q(t)
* Evaluer P(t)
* Sauvegarder la meilleure solution b
* mise à jour de Q(t) par interférence quantique
* $t \leftarrow t + 1$
FIN

2.2 Codage des Chromosomes Quantiques

Un chromosome quantique est une chaîne de n qubits, qui forment un registre quantique. La table 1 montre la structure du chromosome quantique.

2.3 La Mesure des Chromosomes

Dans le but d'exploiter efficacement la superposition des états dans un qubit, on a besoin de faire une lecture pour chaque bit. Cette opération conduit à extraire un chromosome binaire à partir d'un chromosome quantique. Le but est de permettre l'évaluation de la population d'individus, en fonction des chromosomes binaires extraits (voir table 2.)

La fonction de mesure est donnée par le pseudo-code suivant :

Fonction mesure

Soient q un qubit et 'mesure' sa fonction de mesure.

q est défini par $|\psi\rangle = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle$ où $|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1$

DEBUT

$r =$ prendre r aléatoirement dans $[0,1]$

Si $r > \alpha^2$ alors retourner 1

Sinon retourner 0

Finsi

FIN

Chaque solution binaire est évaluée pour donner la valeur de fitness. Dans l'étape suivante, un ensemble de chromosomes quantiques est mis à jour par application de quelques portes quantiques, utilisant les solutions binaires et la meilleure solution trouvée. Il existe plusieurs types de portes quantiques : porte Not, porte Controlled Not, porte de Hadamard, porte par rotation. Le choix de la porte quantique se fait en accord avec le type de problème traité.

3 L'Approche Proposée

Le problème qu'on se propose de traiter est la détection de contours sur images. Dans cette optique, les auteurs proposent l'utilisation d'un système complexe pour modéliser l'image : l'automate cellulaire (AC). Il a été utilisé efficacement en traitement d'image, mais il présente un réel problème : la génération des règles de transition est laborieuse et lente.

On va décrire comment QGA est utilisé pour faire évoluer l'AC afin de réaliser une détection de contours sur images. Les images en entrée de l'AC sont des images couleur, mais dans un souci de simplicité, elles seront binarisées, de sorte que l'état de sortie d'un chromosome binaire sera 0 ou 1. Les cellules ont 2 valeurs possibles : blanc ou noir. Chaque cellule a 8 voisins (voisinage de Moore). L'automate cellulaire prend en entrée l'image originale et donne après quelques itérations l'image finale. Travailler avec des images binaires implique que toutes les combinaisons possibles du voisinage donnent 2^8 configurations possibles ou règles. Après élimination des symétries, le nombre de règles diminue à 51 Rosin 2006. L'application de ces règles séparément sur un pixel central noir, puis sur un pixel central blanc donne 102 règles. Le problème consiste à extraire parmi cet ensemble, le sous-ensemble de règles capables de réaliser l'effet attendu, sachant que le nombre de toutes les combinaisons possibles est de l'ordre de $5 * 10^8$.

Dans cette optique, on applique l'algorithme QGA comme suit :

L'algorithme emploie un nombre réduit de chromosomes quantiques, chaque chromosome est une chaîne de 102 qubits, représentant l'espace de recherche. Initialement, tous les qubits ont pour valeur $\frac{1}{\sqrt{2}}$ (table 3). La fonction de mesure (voir paragraphe 2.3) est appliquée sur les chromosomes quantiques pour extraire des chromosomes binaires classiques, qui représentent la valeur de sortie de la règle de l'AC. L'étape suivante consiste à évaluer ces solutions. Chaque chromosome binaire est exécuté sur l'image originale, pour générer l'image résultat,

cette image est comparée à une image de référence pour déterminer sa fitness, en se basant sur une fonction de mesure d'erreur. Dans cet algorithme, trois fonctions de mesure d'erreur sont utilisées : Root Mean Square Error (RMSE), Hamming distance (HD) et Structural Similarity Index (SSIM). L'opération suivante consiste à mettre à jour les chromosomes, avec l'interférence quantique. Un chromosome quantique est mis à jour en utilisant une porte de rotation $U(\theta)$, définie comme suit :

$$U(\theta) = \begin{pmatrix} \cos(\theta) & -\sin(\theta) \\ \sin(\theta) & \cos(\theta) \end{pmatrix} \quad (3)$$

où θ est l'angle de rotation. Cette étape a pour effet de faire converger le chromosome vers la valeur la plus ajustée. Dans l'étape suivante, la meilleure solution de la population est sélectionnée, si cette solution est meilleure que la meilleure solution stockée précédemment, elle remplace alors cette dernière. La valeur du i -eme qubit (α_i, β_i) est mise à jour comme suit :

$$\begin{pmatrix} \alpha_i' \\ \beta_i' \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos(\theta_i) & -\sin(\theta_i) \\ \sin(\theta_i) & \cos(\theta_i) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \alpha_i \\ \beta_i \end{pmatrix} \quad (4)$$

Les paramètres utilisés dans ce problème sont montrés dans la table 4. x_i et b_i sont les i -eme bits de x et b (b est la meilleure solution). La valeur de $\Delta\theta_i$ a un effet sur la vitesse de convergence, mais si elle est trop grande, les solutions peuvent diverger ou converger prématurément vers un optimum local. Le signe $s(\alpha_i, \beta_i)$ détermine la direction de convergence vers un optimum global. La table de correspondance est utilisée comme stratégie de rotation des portes quantiques.

L'étape suivante est la mise à jour des meilleures solutions locale et globale. A la fin du processus itératif, le meilleur contour obtenu et la meilleure fitness sont montrés.

4 Résultats Expérimentaux

Les expériences ont été menées sur 200 images du benchmark de Berkeley (BSDS) qui fournit pour chaque image sa réplique segmentée tracée par un expert humain. La taille de la population est 50 individus. La mesure de performance de l'algorithme a relevé la meilleure valeur trouvée après 100 générations. La figure 1 montre les résultats de l'algorithme proposé sur 3 images de BSDS : Oiseau, Chinoise et Montagne. Il est clair que l'algorithme QGA produit de bons contours, en comparaison avec l'image vérité terrain, et avec un filtre de détection de contours connu : Canny. Les fonctions de Fitness utilisées sont : la distance de Hamming (HD), Root Mean Square Error (RMSE), et Structural Similarity Index (SSIM).

La distance de Hamming (HD) relève le nombre de pixels différents entre 2 images. La fitness F est alors calculée comme suit :

$$F = \frac{1}{1 + HD} \quad (5)$$

L'erreur RMSE est calculée selon la formule de l'équation (6) :

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{MN} \sum_{r=0}^{M-1} \sum_{c=0}^{N-1} [E(r, c) - O(r, c)]^2} \quad (6)$$

où $O(r, c)$ est l'image originale (dans notre cas l'image de référence), $E(r, c)$ est l'image résultat obtenue (le résultat de QGA).

L'index SSIM entre 2 images x et y est défini par : Wang et al. 2002

$$SSIM(x, y) = \frac{(2\mu_x\mu_y + C_1)(2\sigma_{xy} + C_2)}{(\mu_x^2 + \mu_y^2 + C_1)(\sigma_x^2 + \sigma_y^2 + C_2)} \quad (7)$$

où $\mu_x, \mu_y, \sigma_{xy}, \sigma_x^2, \sigma_y^2$, sont respectivement la moyenne de x , la moyenne de y , la variance de x , la variance de y , et la covariance de x et y . Selon Wang et al. 2004, C_1 est initialisé à $(0.01 * 255)^2$ and $C_2 = (0.03 * 255)^2$.

La table 5 montre la meilleure valeur de fitness obtenue pour les 3 images illustrées en figure 1. Pour chaque image, l'algorithme QGA et le filtre de Canny sont testés, avec les 3 fonctions fitness : distance de Hamming, RMSE et SSIM. Pour Canny, une seule itération est suffisante pour récupérer le résultat de la fitness. L'algorithme QGA est testé sur 25 exécutions, avec respectivement 20,40, et 100 itérations.

5 Comparaison entre QGA et CGA

Dans ce paragraphe, une comparaison visuelle et numérique entre les résultats de QGA et l'algorithme génétique classique (CGA) Kazar et al 2011 est faite. CGA est un processus évolutionnaire pour extraire des règles de détection de contours. Il se base sur un algorithme génétique qui fait évoluer un AC sur plusieurs générations afin de réaliser la meilleure détection de contours.

Dans la suite, on travaille sur les mêmes images utilisées dans Kazar et al 2011. QGA est appliqué sur ces images. L'image originale, l'image de référence, les résultats de CGA et QGA sont illustrés dans la figure 2, qui montre clairement les performances de QGA. Le résultat de QGA est visiblement meilleur, l'algorithme a permis d'extraire les contours de l'image originale avec une nette précision. Les résultats visuels sur les 2 images montrent que QGA donne un meilleur effet que CGA, la continuité des contours est plus forte, alors que CGA produit des résultats discontinus, et inclue de faux contours.

5.1 Résultats Numériques

Les expériences ont été réalisées sur plusieurs images, pour les deux algorithmes : CGA et QGA. La taille de la population pour l'algorithme génétique conventionnel est 100. Les probabilités de mutation et croisement sont fixées respectivement à 0.65 et 0.05 respectivement. La taille de la population de QGA est 10. On a collecté les meilleurs solutions sur 2000 itérations, et 25 exécutions.

Les résultats expérimentaux ont démontré que les performances de QGA sont largement supérieures à CGA. QGA donne de bons résultats même avec un petit nombre d'individus (10 chromosomes quantiques). QGA peut chercher des solutions dans le voisinage de l'optimum après un nombre d'itérations réduit, en comparaison avec CGA. La figure 3 montre la progression de la valeur moyenne de la meilleure fitness au cours de 2000 générations pour QGA et CGA. Il est clair que QGA dépasse beaucoup CGA en termes de rapidité de convergence et résultats finaux. Au début du graphique de BFV, CGA montre une lente convergence. Après 50 générations, CGA maintient un taux de convergence constant, alors que QGA affiche, dès le début du graphique, une meilleure rapidité de convergence que CGA. Ceci est dû à sa large capacité de recherche et d'exploration. Dès le départ, les deux algorithmes ont affiché un taux de convergence croissant mais CGA a maintenu une augmentation presque constante. Ceci est dû essentiellement à la convergence prématurée dont souffre l'algorithme génétique conventionnel, contrairement à QGA qui s'approche du voisinage de l'optimum global après 100 générations, la meilleure fitness est alors atteinte. Pour l'algorithme CGA, la meilleure valeur de fitness est 0.98, elle est atteinte après 1500 générations. Au delà de ce seuil, aucune amélioration n'est constatée. Les expérimentations démontrent l'efficacité et l'applicabilité de QGA. En particulier, la figure 3 montre l'excellente capacité de recherche globale et la supériorité de convergence de QGA par rapport à CGA.

5.2 Complexité Algorithmique

De plus, les algorithmes quantiques ont généralement la capacité de minimiser la complexité algorithmique, sur les ordinateurs classiques. On peut faire une comparaison simple entre la complexité globale de QGA et celle de CGA pour estimer la réduction de complexité qu'on peut atteindre. Avec QGA, la complexité globale est de l'ordre de $O(N)$, N est la taille de la population (Evaluation + Interférence). Pour un CGA classique, la complexité est souvent de l'ordre de $O(N^2)$ (Evaluation + Sélection + Croisement + Mutation). En conséquence, nous concluons que ce résultat est très intéressant, vu que la complexité algorithmique a été nettement réduite, à devenir presque linéaire.

6 Conclusion

Dans ce papier, on a présenté un nouvel algorithme qui traite la détection de contours. Un système complexe puissant, l'automate cellulaire, modélise l'image. Un algorithme génétique quantique est utilisé pour explorer le large espace de recherche, formé par les règles de transition de l'AC, optimiser le processus, et extraire efficacement les règles qui réalisent une bonne détection de contours. Les résultats obtenus montrent que l'algorithme QGA est de loin, plus performant que son homologue classique. L'originalité de ce travail réside essentiellement dans la combinaison de ces trois concepts : le Quantum Computing, l'algorithme génétique, et l'automate cellulaire. La motivation essentielle est de tirer profit

du parallélisme inhérent à QGA, durant l'exploration de l'espace de recherche, avec une efficacité maximale. Les expérimentations montrent que QGA est très prometteur pour l'optimisation de larges espaces de recherche, tout en conservant l'équilibre entre efficacité et performances. L'algorithme QGA a prouvé son efficacité et son adaptabilité dans le domaine de traitement d'images. Sa convergence vers la meilleure solution est rapide, et il a une bonne capacité de recherche globale. Un nombre réduit de chromosomes quantiques suffisent pour étudier le problème. L'usage de l'interférence quantique offre un outil puissant qui renforce la stabilité durant la recherche. Dans les perspectives futures, on pourrait envisager d'explorer les conséquences du changement des angles de rotation, du nombre de chromosomes, ...et leur impact sur les performances de l'algorithme.

Références

- [Batouche 2009]Batouche M., Meshoul S., and Al Hussaini A., Image processing using quantum computing and reverse emergence. *Int. J. Nano and Biomaterials*, Vol. 2, Nos. 1/2/3/4/5, pp.136–142, 2009.
- [Casper et al 2013]Casper E., Hung C. , Quantum modeled clustering algorithms for image segmentation, *Progress in intelligent computing and applications*, Volume 2, number 1, pp 1–21, 2013.
- [Draa et al 2005]Draa A., Talbi H., and Batouche M., A quantum-inspired genetic algorithm for solving the N-queens problem, *in the Proceeding of the 7th International Symposium on Programming and Systems*, pp.145–152, 2005.
- [Grover 1996]Grover L. , A Fast quantum mechanical algorithm for database search, *in Proceedings of 28th Annual ACM Symposium on the Theory of Computing*, USA, pp. 212–221, 1996.
- [Han 2000]Han K., Genetic Quantum Algorithm and Its application to Combinatorial Optimization Problem, *in Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation*, USA, pp. 1354-1360, 2000.
- [Han et al 2002]Han K-H., and Kim J-H, Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization, *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 6, No. 6, pp.580–593, 2002.
- [Han et al 2003]Han K-H., and Kim J-H, On setting the parameters of quantum-inspired evolutionary algorithm for practical applications, *The 2003 Congress on Evolutionary Computation*, Vol. 1, pp.178–194, 2003.
- [Han et al 2004]Han K-H., and Kim J-H, Quantum-inspired evolutionary algorithms with a new termination criterion, He gate and two-phase scheme, *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 8, No. 2, pp.156–169, 2004.
- [Hey 1999]Hey T., Quantum computing : an introduction, *Computing and Control Engineering Journal*, pp. 105–112, 1999.
- [Kazar et al 2011]Kazar O. and Slatnia S., Evolutionary cellular automata for image segmentation and noise filtering using genetic algorithms, *Journal of applied computer science and mathematics*, no. 10(5)/ Suceava, 2011.
- [Kudo et al 2000]Kudo M., and Sklansky J., Comparison of algorithms that select features for pattern classifiers, *Pattern Recognition journal*, Vol. 33, pp.25–41, 2000.

- [Laboudi et al. 2012]Laboudi Z., Chicky S., Comparison of genetic algorithm and quantum genetic algorithm, *The International Arab Journal of Information Technology*, Vol. 9, No. 3, May 2012, pp 243-249, 2012.
- [Laïb et al 2006]Laïb, A., Meshoul S., Batouche M., Multiple sequence alignment by quantum genetic algorithm, *Proceeding of the 20 th international conference on parallel and distributed processing*, pages 311-318, 2006.
- [Layeb 2010]Layeb A. A Quantum Inspired Particle Swarm Algorithm for Solving the Maximum Satisfiability Problem. *IJCOPI* Vol. 1, No. 1, pp. 13-23, 2010.
- [Narayanan et al 1996]Narayanan A. and Moore M., Quantum-inspired genetic algorithms, *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, pp.61–66, 1996.
- [Narayanan 1999]Narayanan A., Quantum computing for enginners, *in Proceedings of the 1999 Congress on Evolutionary Computation*, pp. 2231-2238, 1999.
- [Rosin 2006]Rosin A., Training cellular automata for image processing, *IEEE Transactions on Image Processing*, Vol. 15, No. 7, pp.2076–2087, 2006.
- [Shor 1994]Shor P., Algorithms for quantum computation : discrete logarithms and factoring, *in Proceedings of the 35th Annual Symposium on the Foundation of Computer Sciences*, NM, pp. 20-22, 1994.
- [Sipper 1997]Sipper, M. (1997) The evolution of parallel cellular machines toward evolware, *Biosystems*, Vol. 42, pp.29–43, 1997.
- [Slatnia et al 2007]Slatnia S., Batouche M., Melkemi K.E , Evolutionary Cellular Automata Based-Approach for Edge-Detection *International workshop on Fuzzy Logic and Applications*, WILF 2007, vol LNAI 4578, pp. 404-411, 2007.
- [Talbi et al 2007]Talbi H., Batouche M., Draa A., A quantum inspired evolutionary algorithm for multiobjective image segmentation , *International journal of computer, information, systems and control engineering*, vol 1, No 7, pp 1951– 1956, 2007.
- [Wang et al. 2002]Wang, Z., Simoncelli, E.P., and Bovik, A.C., Multi-scale structural similarity for image quality assessment, *in Proc. 37th IEEE Asilomar Conf. On Signals, Systems and Computers*, Pacific Grove, CA, Nov. 09-12, 2002.
- [Wang et al. 2004]Wang Z., Bovik A.C, Sheikh H.R. and Simoncelli E.P., Image Quality Assessment : From Error Visibility to Structural Similarity, *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 13, no. 4, pp. 600-612, 2004.
- [Wang et al 2013]Wang H., Liu J., Zhi J., and Fu C. The improvement of Quantum genetic algorithm and its application on function optimization, *Mathematical problems in engineering*, volume 2013, article ID 730749, 2013.
- [Williams 1998]Williams, C.P. and Clearwater, S.H., Explorations in Quantum Computing, *Springer Verlag*, Berlin, Germany, 1998.
- [Zhang 2011]Zhang J., Zhou J., Kun H. and Gong M. An improved quantum genetic algorithm for image segmentation, *Journal of computational information Systems*, volume 11, pp 3979-3985, 2011.

Table 1. Structure d'un chromosome quantique

α_0	α_1	α_2	...	α_n
β_0	β_1	β_2	...	β_n

Table 2. Extraction d'un chromosome binaire

Chromosome Quantique

α_0	α_1	α_2	α_3	α_4	α_5	...	α_n
β_0	β_1	β_2	β_3	β_4	β_5	...	β_n

↓ *Mesure*

0	1	1	0	0	1	...	1
---	---	---	---	---	---	-----	---

Chromosome Binaire

Table 3. Mesure de chromosome

$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$...	$\frac{1}{\sqrt{2}}$
$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	β_3	$\frac{1}{\sqrt{2}}$	$\frac{1}{\sqrt{2}}$...	$\frac{1}{\sqrt{2}}$

↓ *Mesure*

0	1	1	0	0	1	...	1
---	---	---	---	---	---	-----	---

Chromosome Binaire

Table 4. Table de correspondance pour la rotation des portes quantiques

x_i	b_i	$f(x) >= f(b)$	$\Delta\theta_i$	$s(\alpha_i, \beta_i)$			
				$\alpha_i \beta_i > 0$	$\alpha_i \beta_i < 0$	$\alpha_i = 0$	$\beta_i = 0$
0	0	False	0.005π	-	+	±	±
0	0	True	0.005π	-	+	±	±
0	1	False	0.08π	-	+	±	±
0	1	True	0.005π	-	+	±	±
1	0	False	0.08π	+	-	±	±
1	0	True	0.005π	+	-	±	±
1	1	False	0.005π	+	-	±	±
1	1	True	0.005π	+	-	±	±

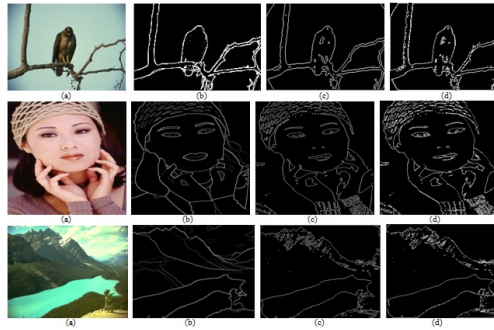


Figure 1. Résultats visuels de QGA et comparaison (a) Image Originale (b) Vérité terrain (c) Contour de Canny (d) Contour de QGA

Table 5. Meilleures valeurs de Fitness pour les 3 images

Image	iterations	QGA			CANNY		
		F	SSIM	RMSE	F	SSIM	RMSE
Oiseau	20	$2.07e^{-4}$	0.9977	0.2767	$4.56e^{-4}$	0.9765	0.3042
	40	$2.12e^{-4}$	0.9971	0.2742	-	-	-
	100	$1.98e^{-4}$	0.9966	0.2735	-	-	-
Chinoise	20	$1.94e^{-4}$	0.9985	0.2482	$3.87e^{-4}$	0.9716	0.2751
	40	$1.77e^{-4}$	0.9984	0.2484	-	-	-
	100	$1.68e^{-4}$	0.9976	0.2479	-	-	-
Montagne	20	$1.59e^{-4}$	0.9992	0.2005	$3.22e^{-4}$	0.9632	0.2483
	40	$1.62e^{-4}$	0.9987	0.2132	-	-	-
	100	$1.45e^{-4}$	0.9979	0.2014	-	-	-

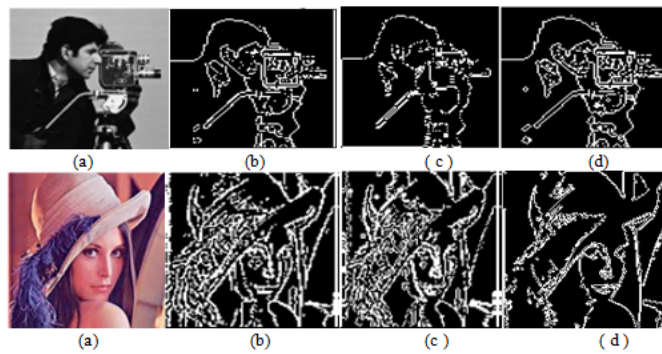


Figure 2. Détection de contours pour les images Cameraman et Lena (a) Image Originale (b) Image de référence (c) Contour produit par CGA (d) Contour produit par QGA

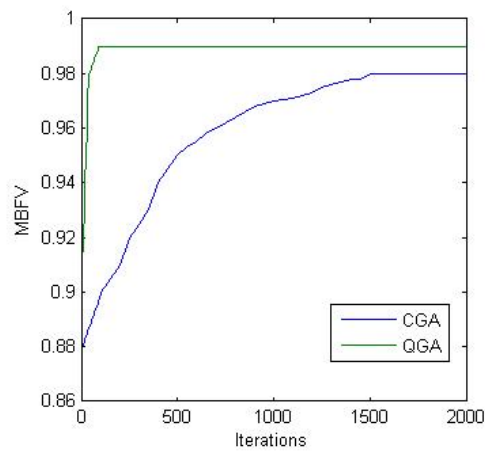


Figure 3. Evolution de la valeur de la meilleure fitness (BFV) pour les algorithmes CGA et QGA au cours des itérations

Intelligence Artificielle I

A nature-inspired routing protocol for MANET

Lamri SAYAD^{1,2}, Djamil AISSANI¹, Louiza BOUALLOUCHE-MEGJKOUNE¹,

¹ Unité de recherche LAMOS, Faculté des sciences exactes, Université de Bejaia,
06000 Bejaia, Algeria

¹ Département d'Informatique, Faculté des Mathématiques et d'Informatique, Université de
Msila, 28000 Msila, Algeria

Siad_lamri@yahoo.fr

Abstract. This paper aims to show that techniques inspired from nature can solve routing issue in MANET. Thus, a new intelligent routing protocol for mobile ad hoc networks using a bio-inspired approach is described. The proposed routing protocol mimics processes that happen in the natural river systems, particularly, the actions that water drops perform in the rivers. It is observed that a river often finds good paths among lots of possible paths in its ways from a source to a destination. We mimic this behavior to design a new routing protocol for MANETs called Intelligent Routing for MANets (IRMAN). Further simulation results demonstrate that IRMAN is able to perform better results in terms of packet delivery and end-to-end delay in comparison with AODV. The achievement in this paper has certain reference value to the further study of using intelligent methods such as nature-inspired techniques to solve routing issue in MANETs.

Keywords: Mobile Ad Hoc Network, routing, nature inspired algorithm.

1 Introduction

Since the advent of mobile ad hoc networks, routing was one of the most critical issues that attracted more and more researchers. Routing is defined as the process of switching packets a pair of nodes along a certain path within the network. The routing in this network is highly complex because of the highly dynamic topology, thus a number of dedicated protocols have been proposed.

Many works have been conducted and proposed with the purpose of designing new techniques and protocols. This includes DSDV [1], AODV [2], DSR [3], OLSR [4], TORA [5], and ZRP [6]. These routing protocols can be classified into three types: proactive (table driven routing protocols) [1,4], reactive (on-demand routing protocols) [2,3], and hybrid routing protocols [6]. In proactive routing protocols, each node maintains a route to each of the other nodes in the network. The nodes would need to exchange routing updates periodically to maintain up-to-date information. In reactive protocols, nodes find a route to the destination only when needed. Hybrid routing protocols combine both proactive and reactive routing frameworks. Each node would maintain routing tables and would only offer routes to a destination that is within a certain maximum hop-count (zone radius) from the source node.

Bio-inspired techniques are being intensely studied for application in communication network routing. The potential advantages of using these kinds of algorithms against classical ones are extremely compelling. These models based on the collective behavior observed in natural, biological and physical systems such as ants, bees, rivers, termites, etc. Bio-inspired based routing can enhance the overall performances of the network including end-to-end delay, packet delivery ratio and routing overhead. Examples of bio-inspired techniques successfully used to enhance routing in MANETs are Ant Colony Optimization [7-9], Artificial Bee Colony Optimization [10], Genetic Algorithm [11], and Particle Swarm Optimization [12]. It is in this context that this paper focuses on applying a computational intelligent approach [13] to MANET routing. This technique has been successfully applied to many benchmark problems such as the traveling salesman problem (TSP) [14], and the multiple knapsacks problem [15]. A detailed description the technique is given in section 3.

Our goal, when designing IRMAN, is to confirm the ability of such methods inspired from nature to perform well in MANET routing. Therefore, the main contributions of this paper are to:

- Propose a new intelligent hybrid routing protocol for MANET.
- Adapt an existing computational intelligent method to the routing problem.

The remainder of this work is organized as follows. Section 2 presents the most relevant work in the area. Section 3 briefly describes the used method and then a description of the proposed routing protocol is detailed in Section 4. Simulation results are discussed in Section 5. Finally, Section 6 concludes the paper pointing out some future works.

2 Previous works

Research in bio-inspired algorithms has revealed great matching properties with communication networks routing. Therefore some algorithms have been proposed for wired networks. Most popular of these is Antnet proposed by Gianni Di Caron ad Marco Dorigo. Getting inspirations from this popular Antnet a lot of research gave birth to more routing protocols.

Günes and al. have proposed another Ant Colony based Routing protocol called ARA [22]. The routing table entries in ARA contain pheromone values for the choice of a neighbor as the next hop for each destination. The pheromone values in the routing tables decay with time and the nodes enter in a sleep mode if the pheromone in the routing table has reached a lower threshold. Route discovery in ARA is performed by two kind of mobile agents: forward ants and backward ants. During route discovery, the forward and backward ant packets characterized by unique sequence numbers to prevent duplicate packets, are flooded through the network by the source and destination nodes, respectively. The forward and backward ants update the pheromone tables at the nodes along the path from the source and destination nodes respectively.

AntHocNet [30] is a hybrid routing protocol proposed by Caro et al. It is a hybrid protocol consisting of both reactive and proactive components. Nodes do not maintain

routes to all possible destinations at all the times and generate mobile agents only at the beginning of a data session. The mobile agents search for multiple paths to the destination and these paths are set up in the form of pheromone tables indicating their respective quality. During the course of the data session, the paths are continuously monitored and improved in a proactive manner.

Genetic Algorithms (GA) have, also, been used to solve routing issue in MANETs. Therefore, authors in [31] proposed to use GA with immigrants and memory schemes for dynamic shortest path routing in MANETs. Routes are encoded as potential solutions containing integers (nodes' IDs).

It consists, first, of initializing the population of solutions. It starts looking a random path from s to r by randomly selecting a node $v1$ from $N(s)$, the neighborhood of s . Then, it randomly selects a node $v2$ from $N(v1)$. Solutions are evaluated using a fitness function. Genetic operators are, then, applied to these potential solutions to improve paths qualities.

Another promising metaheuristic approach that has been successfully applied to many optimization problems is Artificial Bee Colony Optimization (ABC). Authors in [32] have introduced BeeAdHoc, an energy efficient routing algorithm for MANETs inspired by the foraging principles of honey bees. BeeAdHoc is a reactive source routing algorithm. It uses four kinds of agents, scouts, foragers, packers and swarms. The goal of packers is to find a forager for their data packet. However, scouts are launched from a source node s to a destination node d in order to discover new routes. Foragers are responsible of transporting data packets to their destinations. Simulation results obtained in [32] show that nodes in BeeAdHoc consume significantly less energy as compared to DSR, AODV, and DSDV.

Many other protocols have been designed; an interested reader is referred to relevant survey papers [16-21].

3 Background

Intelligent Water Drop (IWD) is swarm-based optimization algorithm which has been inspired by natural rivers and how they find almost optimal paths to their destination. These near optimal or optimal paths follow the natural river system and the actions and reaction that take place between water drops in the river. Each water drop possesses the following two proprieties:

1. $S(IWD)$: the amount of soil.
2. $V(IWD)$: the moving velocity.

Let consider $\Delta S(i, j)$ the amount of soil carried by a water drop IWD when moving from position i to next position j . It is calculated as follows:

$$\Delta S(i, j) = \frac{a_s}{b_s + c_s * time(i, j; v(IWD))} \quad (1)$$

Where: a_s, b_s and c_s are parameters of the algorithm.

And $time(i, j; v(IWD))$ is the time needed to traverse from i to j when moving with a velocity of $v(IWD)$.

This amount is removed from the path (equation 2).

$$S(i, j) = (1 - \rho) * S(i, j) - \rho * \Delta S(i, j) \quad (2)$$

Where ρ is a parameter of the algorithm.

In the same time, IWD velocity is updated according to the equation (3).

$$V(IWD, t + 1) = V(IWD, t) + \frac{a_v}{b_v + c_v * S(i, j)} \quad (3)$$

Where a_v , b_v and c_v are positive values.

The next position is selected from all the neighbors according to :

$$P(i, j) = \frac{f(S(i, j))}{\sum_{k \in neighbors(i)} f(S(i, k))} \quad (4)$$

Where i is the current node, $neighbors(i)$ represents neighbors list of node i , and

$$f(S(i, j)) = \frac{1}{\varepsilon + g(S(i, j))} \quad (5)$$

This approach has been demonstrated to be effective in solving several optimization problems like TSP in [14], Robot Path Planning [26, 27], Vehicle Routing Problem [28], optimal data aggregation tree in wireless sensor networks [29], and multi-objective job shop scheduling [30].

4 Proposition

The proposed routing protocol IRMEN mimics the behavior described in the previous section. The routing table used by IRMAN at each node contains the following information:

- *destination_id*,
- *Next_hop*,
- *Soil_amount*,
- *delay*.

IRMAN consists of two phases:

- route discovery
- route maintenance

4.1 Route discovery

When a node s needs to send a data packet to a destination d and no route is available, it selects the link with less soil. Algorithm of selecting next hop is given below.

```

Algorithm 1: Select next hop

If (No route is available to  $d$ )
Begin
    Launch a route discovery to  $d$ ;
    return;
End

Min = MaxValue
Next_hop = -1
For each neighbor  $n$  of  $s$  with a route to  $d$  do
Begin
    If( $S(n) < Min$ )
    Begin
        Min =  $S(n)$ 
        Next_hop =  $n$ 
    endIf
    end
return Next_hop
    
```

If no route is available to destination d , a route discovery process is launched. During this phase, a FIWD packet is broadcasted from the source node until the destination node. Nodes' IDs, reached times are memorized by the FIWD along its path. When arrived at the destination node, the FIWD packet is destroyed and a BIWD packet is generated. The BIWD traverses the same nodes but in the reverse way. Its goal is to establish a route or multiple routes for every visited node i , and to initialize soil amount for all traversed links (i, j) . The value of soil amount $s(i, j)$, is given by equation 8:

$$s(i, j) = delay_d(i, j) \quad (8)$$

Where $delay_d(i, j)$ is the end-to-end delay between current node i and destination node d when choosing j as the next hop.

A. Route maintenance

During this phase, routes between each couple of nodes s and d are updated. Periodically, a FIWD packet is sent from node s to d . FIWD play the role of water drops and contains the same proprieties as in real world. A node i receiving a PFIWD chooses j as the next hop for this packet according to a probability $P_d(i, j)$:

$$P_d(i, j) = \frac{f(s(i, j))}{\sum_{k \in neighbors} f(s(i, k))} \quad (9)$$

$$\text{Where } f(soil(i, j)) = \frac{1}{\varepsilon + s(i, j)} \quad (10)$$

While traveling, FIWD performs the following tasks:

- It maintains the values of soil amount of every traversed link. The dropped value is given by equation (11).

$$\Delta soil(i, j) = \frac{a_s}{b_s + c_s * g(i, j)} \quad (11)$$

$$\text{Where : } g(i, j) = \left(\frac{s(i, j)}{v(IWD)}\right)^2 \quad (12)$$

- It updates its velocity

$$v(IWD) = v(IWD) + \Delta v(i, j) \quad (13)$$

$$\text{Where } \Delta v(i, j) = \frac{a_v}{b_v + c_v * s(i, j)} \quad (14)$$

The role of BIWD is to update delay between current node and destination node, to be used next time by FIWD.

5 Simulations and Discussion

To evaluate the performance of the proposed protocol, we have used the network simulator NS2. The obtained results were, then, compared to those obtained using, AODV, an existing routing protocol for MANETs.

5.1 Simulation parameters

Table 1 summarizes a list of all essential parameters and their values used during all simulations (unless specified otherwise, all parameters use values specified in Table 1).

Parameter	Values
Simulation time	200 Seconds
Simulation area	1000 m * 1000 m
Number of nodes	40
Pause time	20 Seconds
Max Speed	15 m/s
Transmission Radius	250 m
Number of CBR sources	10
Packet transmission rate	1 packet / s
Packet size	512
Physical layer	IEEE 802.11
Mobility model	RWP

Table 1 Simulation Parameters

5.2 Results

The goal of these simulations is to explore how the two protocols will perform under various mobility scenarios. Node mobility is reflected with varying: (1) Pause Time (from 600 seconds until 0 second), or (2) node speed (between 5 m/s and 25 m/s). A smaller pause time indicates a more dynamic network topology. The results are shown in Figures from 1 to 4.

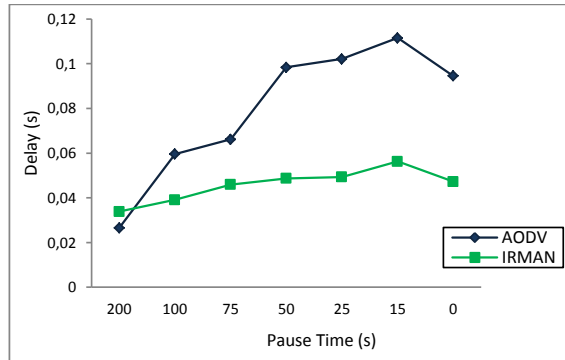


Figure 1 Delay under various pause times

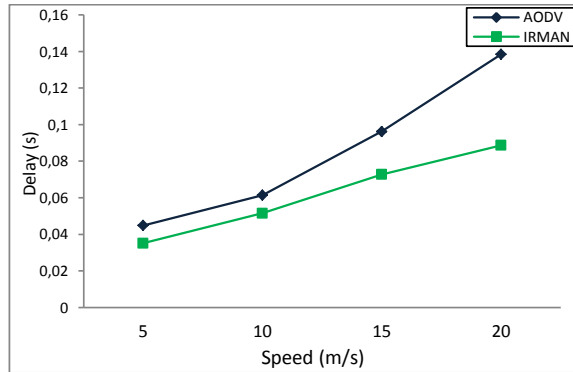


Figure 2 Delay under various speed values

Figure 1 demonstrates that end-to-end delay is proportional to the mobility degree. However, when Pause time is less than 10 seconds, delay decreases. It is observed in figure 2 that IRMAN performs better with high speeds.

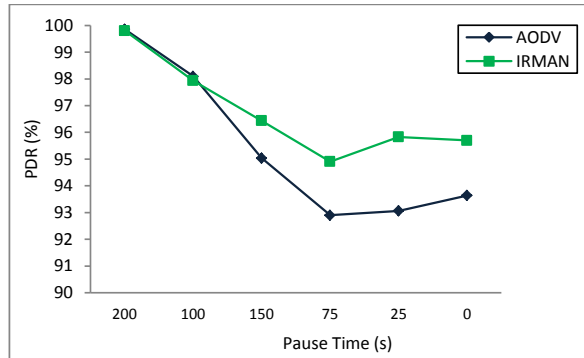


Figure 3 PDR under various pause times

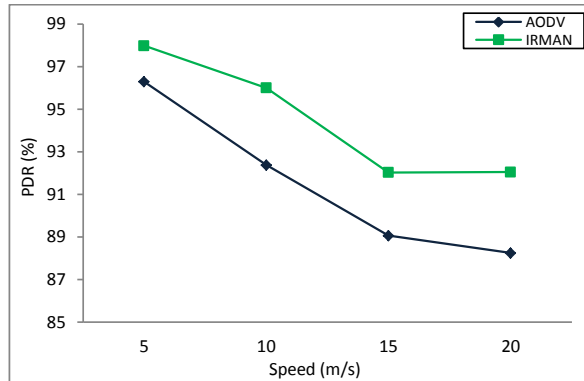


Figure 4 PDR under various speed values

Figures 3 and 4 show the results of packet delivery ratio when varying pause time and speed respectively. These results confirm those obtained in Figures 1 and 2

6 Conclusion

In this paper, a new concept for routing in MANETs based on a nature-inspired method, called IWD, has been proposed. It is inspired from the interactions observed between the water drops and the river bed. We have adapted this method to routing issue. The use of this kind of technique was motivated by observations of the problem characteristics in MANETs. The proposed scheme has been implemented under NS2 environment and has been compared to AODV. Simulation results showed the protocol's effectiveness in terms of high delivery ratio, lower end-to-end delay compared with AODV.

As future work, we expect to add QoS constraints to support QoS mechanism. Another identified potential perspective is to reduce overhead by using an efficient route error management.

References

1. Perkins C., Bhagwat P. Highly Dynamic Destination-Sequenced Distance-Vector Routing (DSDV) for Mobile Computers. ACM SIGGCOM Computer Communication Review, 24(4), 234-244, 1994.
2. Perkins C.E., Royer E.M., Das S.R. Ad Hoc On-Demand Distance Vector (AODV) Routing. In: Proceedings Of IEEE Workshop on Mobile Computing Systems and Applications, pp. 90-100, 1999.
3. Johnson D.B. and Maltz D.A. Dynamic Source Routing in Ad Hoc Wireless Networks. In T. Imielinski and H. Korth (eds.), Mobile Computing, Kluwer, pp. 153–181, 1996.
4. Clausen T., Jacquet P. et al. Optimized Link State Routing Protocol (OLSR). Network working group. RFC3626. 2003.
5. V. Park and S. Corson. Temporally-Ordered Routing Algorithm (TORA) Version 1 Functional Specification. Internet draft, draft-ietf-manet-tora-spec-00.txt, 1997.
6. HAAS Z. J., PEARLMAN M.R., SAMAR P. The zone routing protocol (ZRP) for ad hoc networks. draft-ietf-manet-zone-zrp-04. txt, 2002.
7. Dorigo M., Maniezzo V. and Colomi A. Ant System: Optimization by a colony of cooperating agents, IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics - Part B, Vol. 26, No. 1, pp. 29-41, 1996.
8. Dorigo M., Caro G. D. and Gambardella L. M. Ant algorithms for discrete optimization, Artificial Life, Vol. 5, No. 2, pp. 137-172, 1999.
9. DORIGO M., BIRATTARI M. Ant colony optimization. In : Encyclopedia of Machine Learning. Springer US, pp. 36-39, 2010.
10. Karaboga D. An idea based on honey bee swarm for numerical optimization. In Technical Report-TR06, Erciyes University, Engineering Faculty, Computer Engineering Department. 2005.
11. Srinivas M., Patnaik L. M. Genetic algorithms: A survey. Computer, Vol. 27, No 6, pp. 17–26. 1994.
12. Kennedy J., Eberhart R. C. Particle swarm optimization. In Proc. IEEE International Conference on neural networks, Vol. 4, pp. 1942–1948, 1995.
13. S.H. Hamed. Optimization with the Nature-Inspired Intelligent Water Drops Algorithm, Evolutionary Computation. Wellington Pinheiro dos Santos (Ed.), 2009.
14. S.H. Hamed. Problem solving by intelligent water drops. In: Proceedings of the IEEE Congress on Evolutionary Computation, Singapore, pp. 3226–3231, 2007.
15. S.H. Hamed. Intelligent water drops algorithm: A new optimization method for solving the multiple knapsack problem. International Journal of Intelligent Computing and Cybernetics, Vol.1, No. 2, pp. 193–212, 2008.
16. Laura Rosati, Matteo Berioli, Gianluca Reali. On ant routing algorithms in ad hoc networks with critical connectivity, Ad Hoc Networks Vol. 6, pp. 827–859, 2008.
17. Muddassar Farooq and Gianni A. Di Caro. Routing Protocols for Next Generation Networks Inspired by Collective Behaviors of Insect Societies: An Overview. Book Chapter, Blum C., Merkle D. (Eds.), Swarm Intelligence: Introduction and Applications, Springer, Natural Computing Series, p. 101-160, 2008.
18. Frederick Ducatelle, Gianni A. Di Caro and Luca M. Gambardella. Principles and applications of swarm intelligence for adaptive routing in telecommunications networks. Swarm Intelligence, Vol. 4, No. 3, pp. 173-198, 2010.

19. Gurpreet Singh, NeerajKumar, AnilKumarVerma. Ant colony algorithms in MANETs: A review. *Journal of Network and Computer Applications*, Vol. 35, No. 6, pp. 1964–1972, 2012.
20. Michael Meisel, Vasileios Pappas, Lixia Zhang. A taxonomy of biologically inspired research in computer networking. *Computer Networks*, Vol.54, No. 6, pp. 901–916, 2010.
21. Sudarshan D Shirkande and Rambabu A Vatti. ACO Based Routing Algorithms for Ad-hoc Network (WSN,MANETs):A Survey. *International Conference on Communication Systems and Network Technologies (CSNT 2013)*, pp. 230-235, 2013.
22. Gunes M., Sorges U., Bouazizi I. ARA - the ant colony based routing algorithm for MANETs. In: *Proceedings ICPP Workshop on Ad Hoc Networks IWAHN*, pp. 79-85, 2002.
23. Caro G.D., Ducatelle F., Gambardella L. AntHocNet: an ant-based hybrid routing algorithm for mobile ad hoc networks. In: *Proceedings of Parallel Problem Solving from Nature-PPSN VIII*, pp. 461-470, 2004.
24. Shengxiang Yang, Hui Cheng, and Fang Wang. Genetic Algorithms With Immigrants and Memory Schemes for Dynamic Shortest Path Routing Problems in Mobile Ad Hoc Networks. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics-Part C: Applications and Reviews*, Vol. 40, No. 1, 2010.
25. Wedde H.F., Farooq M., al. BeeAdHoc : An Energy-Aware Scheduling and Routing Framework. Tech. rep., pg439, LSIII, School of Computer Science, University of Dortmund, 2004.
26. Haibin Duan, Senqi Liu, and Xiujuan Lei. Air Robot Path Planning Based on Intelligent Water Drops. *International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN 2008)*, pp. 1397-1401, 2008.
27. Soheila Salmanpour, Hesam Omranpour, Hodayun Motameni. An Intelligent Water Drops algorithm for solving robot path planning problem. *14th IEEE International Symposium on Computational Intelligence and Informatics (CINTI 2013)*, 2013.
28. Iman Kamkar, Mohammad-R. Akbarzadeh-T, and Mahdi Yaghoobi. Intelligent Water Drops a new optimization algorithm for solving the Vehicle Routing Problem. In : *IEEE International Conference on Systems Man and Cybernetics (SMC 2010)*, pp. 4142-4146, 2010.
29. D. Chinh Hoang R. Kumar S. Kumar Panda. Optimal data aggregation tree in wireless sensor networks based on intelligent water drops algorithm., *IET Wireless Sensor Systems*, Vol.2, No. 3, pp. 282–292, 2012.
30. S.H. Niu,S.K.Ong n, A.Y.C.Nee. An improved intelligent water drops algorithm for solving multi-objective job shop scheduling. *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, Vol. 26, pp. 2431–2442, 2013.

A Hybrid Approach Based on Metaheuristics to Solve a Multiple Sequence Alignment Problem

Lamiche Chaabane¹

¹ Department of Computer Science, Mohamed Boudiaf University,
Algeria
Lamiche07@gmail.com

Abstract. In this research work, a novel adaptive hybrid method called PSOTS for solving multiple sequence alignment (MSA) problem is proposed. The developed approach is based on two metaheuristics: particle swarm optimization (PSO) algorithm and tabu search (TS) technique. In our approach, PSO is exploited in global search, but it is easily trapping into local optimum and may lead to the premature convergence. TS is incorporated as local improvement approach to overcome local optimum problem and intensify the search in local regions to improve solution quality. Numerical results on BaliBASE benchmark have shown the effectiveness of the proposed method and its ability to achieve good quality solutions comparing to those given by other existing methods.

Keywords: hybrid method; multiple sequence alignment; PSO; TS; BaliBASE benchmark

1 Introduction

Multiple sequence alignment (MSA) is a pre-processing tool in the subsequent analyses of protein families. It has been identified as one of the challenging tasks in bioinformatics [1]. It allows comparison of the structural relationships between sequences by simultaneously aligning multiple sequences and constructing connections between the elements in different sequences. The input set of query sequences, are assumed to have an evolutionary relationship. The main problem in MSA is its exponential complexity with the considered input data set. These alignments may be used to identify profiles or hidden models that may be used to acquire knowledge for distantly related members of the family sequences, newly discovered sequences, and existing sequence databases [2].

Finding the optimal alignment of a set of sequences is known as a NP-complete problem [3]. It is classified as a combinatorial optimization problem [4], which is solved by using computer algorithms. These algorithms lead to represent, to process, and to compare genetic information to determine evolutionary relationships among living beings [3].

At present, the iterative and stochastic algorithms have been increasingly used to solve the MSA problem. These approaches can improve the multiple sequence alignment through a series of iterations until the solution doesn't become better any

longer. They include genetic algorithm (GA) [5], simulated annealing algorithm (SA) [6], particle swarm optimization (PSO) [7], GA-ACO algorithm [8], Ant Colony Algorithm [9], tabu search (TS) [10] and so on. The disadvantage is that metaheuristics do not guarantee optimal solutions, but solutions generated can be very close to optimal solution in a reasonable processing time.

In this study, we propose an hybrid approach called PSOTS algorithm to solve the MSA problem. The developed model is the combination between both PSO algorithm and tabu search technique.

The remainder of the paper is organized as follows: section II presents a brief review of the researches related to the proposed framework. In section III, both PSO and TS concepts are described. In section IV, our proposed PSOTS algorithm is explained in detail. In section V, the simulation results are provided. Finally, the study is conclude in section VI.

2 Related Research

A brief review of some related works in the multiple sequence alignment field using iterative methods is presented in this section. Rias *et al.* [10] presented a tabu search algorithm to align multiple sequences. The framework of his work consists to implement the adaptive memory features typical of tabu searches in order to obtain multiple sequences alignment where the quality of an alignment is measured by the COFFEE objective function. In [11], the authors presented an approach to the MSA problem by applying genetic algorithm with a reserve selection mechanism to avoid premature convergence in GA. A better results are obtained compared with those produced by classical GA.

In Ref. [12], the authors proposed a novel approach to multiple sequence alignment based on Particle Swarm Optimization (PSO) to improve a sequence alignment previously obtained using Clustal X. The authors in [13] proposed an algorithm based on binary PSO algorithm to address the multiple sequence alignment problem. Simulation results using SP score measure and nine BaliBASE tests case showed that the proposed BPSO algorithm has a superior performance when compared to ClustalW and SAGA algorithms.

An artificial bee colony algorithm for solving MSA problem is introduced in [14]. In Ref. [15], V. Cutello *et al.* presented an immune inspired algorithm (IMSA) to tackle the multiple sequence alignment problem using ad-hoc mutation operators. Experimental results on BALIBASE v.1.0 show that IMSA is superior to PRRP, CLUSTALX, SAGA, DIALIGN, PIMA, MULTIALIGN and PILEUP8. In [16], simulated annealing technique was applied to solve MSA problem using a set of DNA benchmarks of HIV virus genes of human and simian.

In Ref. [17], the authors proposed a hybrid algorithm using a GA and cuckoo search algorithm to improve multiple sequence alignment. The obtained results are compared with ClustalW by using five different datasets. Recently, an efficient method by using multi-objective genetic algorithm (MSAGMOGA) to discover optimal alignments is proposed in [18]. Experiments on the BALiBASE 2.0 database

confirmed that MSAGMOGA obtained better results than MUSCLE, SAGA and MSA-GA methods..

3 Preliminaries

In this section we describe the different components of our proposed genetic algorithm that is chosen to solve SMTWT problem :

3.1 Particle Swarm Optimization (PSO)

Particle swarm optimization (PSO) is a population-based stochastic optimization algorithm proposed for the first time by Kennedy and Eberhart [19], inspired by bird flocking and fish schooling. The problem is tackled by considering a population (particles), where each particle is a potential solution to the problem. Initial positions and velocities of the particles are chosen randomly. In the commonly used standard PSO, each particle's position is updated at each iteration step according to its own personal best position and the best solution of the swarm. The evolution of the swarm is governed by the following equations:

$$V^{(k+1)} = w.V^{(k)} + c_1.rand_1.(pbest^{(k)} - X^{(k)}) + c_2.rand_2.(gbest^{(k)} - X^{(k)}) \quad (1)$$

$$X^{(k+1)} = X^{(k)} + V^{(k+1)} \quad (2)$$

where:

X is the position of the particle,

V is the velocity of the particle,

W is the inertia weight,

$pbest$ is the best position of the particle,

$gbest$ is the global best position of the swarm,

$rand_1, rand_2$ are random values between 0 and 1,

c_1, c_2 are positive constants which determine the impact of the personal best solution and the global best solution on the search process, respectively,

k is the iteration number.

Concerning the stopping condition, generally PSO algorithm terminates when the maximum number of iterations $nb_{maxiter}$ is reached. In addition, all parameters of PSO algorithm are determined experimentally in order to have a good compromise between the convergence time of the algorithm and the final solution quality.

3.2 Tabu Search Optimization

Tabu search (TS) was invented by Glover in 1986 [20], and has been used to solve a wide range of hard optimization problems. TS starts with a random solution and evaluate the fitness function for the given solution. Then all possible neighbors of the given solution are generated and evaluated. TS has two main features: (1) the capability to avoid local optimization. TS uses a tabu list (TL) to memory the better local neighbors which have been searched and will be neglected; (2) the capability to

find better resolution. TS uses an aspiration rule to exploit a prohibited resolution. During a situation that all the resolution in the TL is prohibited, the aspiration can make the whole search processing continue.

4 Proposed Method

In PSO algorithm, particles always chase the current overall optimal point and history optimal point found heretofore. Then the particle speed closes to 0 quickly and can not escape from local minimum. In order to avoid earliness convergence, the algorithm must escape from local minimum and search in other solution space, until solve overall optimal solution. TS algorithms accept a worse solution, it has the ability of escaping from local optimal solution and increase the diversity of PSO. The new developed hybrid technique, called PSOTS consists in a strong cooperation of PSO and TS, it makes full use of the exploration ability of PSO and the exploitation ability of TS and offsets the weaknesses of each other.

In our MSA problem, this cooperation consists do divide the whole initial population generated randomly into two populations : TS-population and PSO-population when the first one is exploited using TS algorithm to obtain local best solution for each particle, the second one is treated by PSO algorithm to guide global search. The “pbest”, “gbest” particles and the tabu list are updated after the combined population is constructed. The detailed steps are listed as follows:

PSOTS Pseudo-code

Step 1 : Initialize the population randomly;

Step 2 : Evaluate each particle's fitness function f ;

Step 3 : Halve the population randomly to

generate *PSO-population* and *TS-population*

Step 3.1 : Update *PSO-population* using PSO algorithm;

Update the position and velocity of each particle.

Step 3.2 : Update *TS-population* using TS algorithm

Each particle searches the local best

solution

Step 4 Combine *PSO-population* and *TS-Population* and update “pbest”, “gbest” particles and *TL*

Step 5 : Repeat Step 2-Step 4 until the termination criterion was met.

Step 6 : Output the result.

4.1 PSO components of MSA problem

Data Representation: in our adapted PSO algorithm, a particle will correspond to a sequence alignment. An alignment is then represented as a set of vectors, where each vector specifies the positions of the gaps for one of the sequences to be aligned. Thus, a coordinate of the particle corresponds to a sequence to be aligned, and is represented with a vector of size s , where s is the maximum allowed number of gaps, which may be different for each sequence. Therefore, a set of n sequences to be aligned correspond to an n -dimensional search space.

Swarm Initialization: the size of the swarm (i.e., the number of particles) is determined by the user. Additionally, the length of the alignment has a minimum value given by the length of the largest sequence, and a maximum length given, for instance, as twice the length of the largest sequence. The initial set of particles is generated by adding gaps into the sequences at random position, thus all the sequences have the same length L (the typical value of L is 1.4 times of the longest sequences) [21].

Scoring Function: the global alignment score is based on the score of the alignment of each pair of sequences. Thus each sequence should be aligned with the every other sequence. In general, the score assigned to each particle (alignment) is the sum of the scores (SP) of the alignment of each pair of sequences.

The score of each pair of sequences is the sum of the score assigned to the match of each pair of symbols, which is given by the substitution matrix. This matrix includes all the possible symbols, including the gap and the related penalization.

The score of a multiple alignment is then:

$$Score(A) = \sum_{i=1}^{k-1} \sum_{j=i+1}^k S(A_i, A_j)$$

where the $S(A_i, A_j)$ is the alignment score between two aligned sequences A_i and A_j .

Particle Move: in the PSO algorithm each particle moves towards the leader at a speed proportional to the distance between the particle and the leader. In this paper, this distance will be measured as the proportion of gaps that do not match in the sequences, according to the formula :

$$Distance = \frac{\text{matching gaps}}{\text{total gaps}}$$

To move particles towards the leader, an operator similar to the crossover operator from genetic algorithms is used [21]. It consists to select a crossover point which divides the alignment into two segments, and then a segment of the particle is replaced with a segment from the leader. This replacement is achieved removing from the particle the gaps that are in the segment, and then adding the gaps from the leader's segment.

The pseudo-code of PSO algorithm is :

PSO Pseudo-code

- Step 1 :** Generate a set of initial particles randomly;
- Step 2 :** Determine the leader particle *gbest*
- Step 3 :** Repeat until the termination criterion is met
 - Step 3.1 :** Measure distance between *gbest* and every particle
 - Step 3.2 :** Move every particle towards *gbest*
 - Step 3.3 :** Determine the leader particle *gbest*
- Step 4 :** Output the result.

4.2 TS components of MSA problem

Cost Function: Each multiple sequence alignment algorithm has its own cost function for the alignment of sequences. In our study a cost function used is the same one of that used in PSO algorithm.

Initial Solution: The generation of an initial solution is an important step towards getting a final improved alignment. In our developed method, a technique used to generate the initial solution it is the same one described in PSO algorithm components.

Neighborhood Generation Mechanism: Basically, all the move sets are related to change the positions of the gaps ('-') or amino acids in the sequences to generate a new candidate. The proposed move mechanism to generate neighbors is called LocalShuffle operator, it works as follows : firstly, picks a random amino acid from a randomly chosen sequence in the alignment and checks whether one of its neighbors is a gap. If this is the case, the algorithm swaps the selected amino acid with a gap neighbor. If both neighbors are gaps then one of them is picked randomly.

Tabu List: The size of the tabu list (TLL: tabu list length) is one of the important features of tabu search. It is its ability to avoid being trapped in local optima. The size of a tabu list can affect the search performance. Although a longer list may prevent cycling, it requires more scanning and may limit the search domain.

To avoid this problem, in our proposed approach we chose a varying tabu list size during the search as follows: starting by an initial TLL , if there is no improvement of the current solution after a certain number of consecutive iterations, the length is increased in order to insert other possible solutions from the search space. Whereas this length is decreased to allow an intensified searches. This size may be modified to $TLL + X$ or $TLL - X$ during the search process and X is fixed experimentally.

Aspiration Criteria: In our approach we choose the simplest and most commonly used aspiration criterion, allows a tabu move when it results in a solution with an objective value better than that of the current best-known solution. The main goal of this idea is to reduce the probability of missing good solutions.

The pseudo-code of our TS is given below :

Pseudo-code of TS algorithm

Begin

Step 0: Generate an initial alignment A_{INIT} .

Initialize $ITMAX, N_s$

Set $TL \leftarrow \phi$

Step 1: Set the current alignment $A_{CURR} = A_{INIT}$ and the best alignment $A_{BEST} = A_{INIT}$.

Step 2: Iterate the following steps for $ITMAX$ iterations

Step 2.1: Generate N_s neighboring alignments

A_i ($i=1,2 \dots, N_s$) of A_{CURR}

Step 2.2: Select the best test alignment

If it is non-tabu or it is a tabu alignment but its objective function value is better than that of the best alignment A_{BEST} choose this alignment as the current alignment A_{CURR} go to step 2.3; otherwise try next test alignment. If all test solutions are tabu alignments, go to step 2.1.

Step 2.3: If the objective function value of A_{CURR} is better than that of A_{BEST} then

set $A_{BEST} = A_{CURR}$

Step 2.4: If the tabu list is full, remove the oldest alignment in the tabu list.

Step 2.5: Insert the current alignment A_{CURR} into the tabu list.

Step 3: Record the best alignment A_{BEST} and terminate the algorithm.

End.

5. Simulation and Results

The PSOTS algorithm is implemented using JCreator version 3.5 and personnel computer with 2.66 GHz Intel Pentium IV processor. In order to verify the

performance of our developed approach, a set of tests is performed where the objective is to compare our developed PSOTS method with other published works including BPSO algorithm [13] and IMSA approach [15]. The BALiBASE SP score (SPS) results for both small and large datasets taken from BALiBASE database [22] are portrayed in table I and II below:

Table 1. PSOTS algorithm versus IMSA approach: SPS comparative results for the BaliBase test sets.

Instance	N	IMSA[15]	Our PSOTS
laboA	5	0.759	0.910
45lc	5	0.773	0.853
9rnt	5	0.954	0.948
kinase	5	0.644	0.716
2cba	5	0.754	0.754
lppn	5	0.987	0.989
2myr	4	0.285	0.433
left	4	0.880	0.928
ltaq	5	0.946	0.949
lubi	17	0.897	0.907
kinase	18	0.905	0.915
lidy	27	0.854	0.849
Average		0.810	0.846

Table2. PSOTS algorithm versus BPSO approach: SPS comparative results for the BaliBase test sets.

Instance	N	LSEQ(min,max)	BPSO [13]	Our PSOTS
lidy	5	(49,58)	0.7394	0.8492
45lc	5	(70,87)	0.7973	0.8532
lkrr	5	(66,82)	0.9984	0.9988
kinase	5	(263,276)	0.7064	0.7165
lpri	5	(247,259)	0.7987	0.7980
5ptp	5	(222,245)	0.9328	0.9410
lajsA	5	(358,387)	0.3528	0.3750
glg	5	(438,486)	0.8324	0.9241
ltaq	5	(806,928)	0.7633	0.9491
Average			0.7690	0.8227

N : number of sequences, LSEQ : length of sequences.

From table I and II, it is clear that comparing with IMSA and BPSO, the average SPS values of PSOTS algorithm are greater than or comparable with those obtained by above mentioned techniques for the short, medium and long sequences. In addition to, a significant improvements are observed in test cases with large number of sequences which shows that our approach can work well with large problem size.

6 Conclusion

In this research study, a novel hybrid approach is proposed to solve MSA problem. The developed method combines between advantages of PSO algorithm particularly its simplicity in implementation and its inexpensive computational overhead and those of tabu search as a local improvement approach enable the hybrid algorithm to overlap local optima and intensify its search ability in local regions. The results reported in this paper show the superior capability of our hybrid model compared to others of the literature.

As a perspective of this work, the improvement of the start solution by a specific heuristic or other program such as Clustal X is desired. In addition we can integrate other mechanisms to neighborhood generation step or intensification/diversification strategies in TS core to improve the quality of multiple alignment. A comparison of the proposed method with some other state-of-the-art techniques such as Clustal W, SAGA or MULTALIGN is possible to verify its effectiveness.

References

- [1] J.D. Thompson, J.e. Thierry, O. Poch, Rascal, "rapid scanning and correction of multiple sequence alignments," *Bioinformatics*, vol. 19, 2003.
- [2] T. Jiang, L. Wang, "On the complexity of multiple sequence alignment," *J. Comput. Biol.*, vol. 1, pp. 337-378, 1994.
- [3] L.Wang and T. Jiang, "On the Complexity of Multiple Sequence Alignment," *Journal of Computational Biology*, vol. 1, pp. 337-348, 1994.
- [4] C. H. Papadimitriou and K. Steiglitz, *Combinatorial Optimization: Algorithms and Complexity*, New York : Dover Publications, 1998.
- [5] Jiong-Tzong Horng, L.C. Wu, C. M. Lin, B.H. Yang, "A genetic algorithm for multiple sequence alignment," in *Proc. LNCS*, pp. 407-420, 2005.
- [6] M. Hernández-Guía, R. Mulet, S. Rodríguez-Pérez, "A new simulated annealing algorithm for the multiple sequence alignment problem," *The approach of polymers in a random media*, *Physical Review E*, vol.72, pp.1-7, 2005.
- [7] C. W. Lei and J.H. Ruan, "A particle swarm optimization algorithm for finding DNA sequence motifs," in *Proc. IEEE*, pp.166-173, 2008.
- [8] Z.J. Lee, S.F. Su, C.C. Chuang, K.H. Liu, "Genetic algorithm with ant colony optimization (GA-ACO) for multiple sequence alignment," *Applied Soft Computing*, vol. 8, pp.55-78, 2008.
- [9] L. Chen, L. Zou, and J. Chen, "An efficient ant colony algorithm for multiple sequences alignment," in *Proceedings of the 3rd International Conference on Natural Computation (ICNC '07)*, pp. 208-212, 2007.

- [10] T. Riaz, Y. Wang and K.B. Li, "Multiple sequence alignment using tabu search," in Proceedings of 2nd Asia-Pacific Bioinformatics Conference (APBC), Dunedin, New Zealand, pp. 223-232, 2004.
- [11] Y. Chen, J. Hu, K. Hirasawa, S. Yu, "Multiple sequence alignment based on genetic algorithm with reserve selection, in Proc. of Int. conf. on Networking, Sensing and Control (ICNSC) ," pp. 1511-1516, 2008.
- [12] F. Xu1, Y. Chen, "A Method for multiple sequence alignment based on particle swarm optimization," ICIC 2009, LNAI 5755, pp. 965-973, 2009.
- [13] H. X. Long, W. B. Xu, J. Sun, and W. J. Ji, "Multiple sequence alignment based on a binary particle swarm optimization algorithm, Proceedings of Fifth International Conference on Natural Computation, pp. 265-269, 2009.
- [14] X. Lei, J. Sun, X. Xu, L. Guo, "Artificial Bee Colony Algorithm for Solving Multiple Sequence Alignment," in Proc. of 2010 IEEE Fifth International Conference on BIC-TA, pp. 337 - 342, 2010.
- [15] V. Cutello, G. Nicosia, M. Pavone, and I. Prizzi, "Protein multiple sequence alignment by hybrid bio-inspired algorithms," Nucleic Acids Research," vol. 39, No. 6, pp.1980-1992, 2011.
- [16] L. G. Ernesto, M. G. A. Lorena, "Simulated annealing with previous solutions applied to DNA sequence alignment," ISRN Artificial intelligence, vol. 2012, doi: 10.5402/2012/178658, pp.1-6 , 2012.
- [17] A. Abu-Srhan and E. Al Daoud, "A hybrid algorithm using a genetic algorithm and cuckoo search algorithm to solve the traveling salesman problem and its application to multiple sequence alignment," International Journal of Advanced Science and Technology, vol. 61, pp.29-38, 2013.
- [18] M. Kayaa, A. Sarhanb, R. Alhajjb, "Multiple sequence alignment with affine gap by using multi-objective genetic algorithm," Computer Methods and Programs in Biomedicine, vol. 114, pp. 38-49, 2014.
- [19] J. Kennedy, Eberhart, "Particle swarm optimization," in Proceedings IEEE International Conference on Neural Networks, vol.4, Perth, Australia, pp.1942-1948, 1995.
- [20] F. Glover, "Tabu search: Part 1," ORSA Journal on Computing, vol. 1, No. 3, pp. 190-206, 1989.
- [21] P. F. Rodriguez, L. F. Nino and O. M. Alonso, "Multiple sequence alignment using swarm Intelligence," International Journal of Computational Intelligence Research. vol. 3, No. 2, pp. 123-130, 2007.
- [22] J. D. Thompson, F. Plewniak, O. Poch, "BAliBASE: abenchmark alignment database for the evaluation of multiplealignment programs," Bioinformatics, vol. 15 , pp. 87-88, 1999.

Théorie des Graphes

Some edge b -critical classes of graphs

Mohamed Zamime[†] and Nouredine Ikhlef Eschouf[†]
and Hacène Ait Haddadene[‡]

[†]University Yahia Farès of Médéa.

E-mail: zamimemohamed@yahoo.com

E-mail: nour_echouf@yahoo.fr

[‡]USTHB University, Operation. Research Department,
LaROMaD, El Alia BP 32 Bab Ezzouar 16111, Algiers, Algeria,
emails: hait-haddadene@usthb.dz & aithaddadenehacene@yahoo.fr

Abstract

A b -coloring is a coloring of the vertices of a graph such that each color class contains a vertex that has a neighbor in all other color classes. The b -chromatic number of a graph G , denoted by $b(G)$, is the largest integer k such that G admits a b -coloring with k colors. A graph G is edge b -critical if $b(G - e) = b(G) - 1$, for any edge e of G . In this work we characterize edge b -critical extended P_4 -laden graphs and edge b -critical block graphs.

Keywords: b -coloring, b -chromatic number, critical graphs, extended P_4 -laden graphs.

1 Introduction

All graphs considered here are finite and have no loops or multiple edges. Let $G = (V, E)$ be a graph with vertex set V and edge set E . A proper k -coloring of G is an assignment of k colors to the vertices of G such that no two adjacent vertices have the same color. The smallest integer k for which G has a proper k -coloring is the chromatic number of G , denoted by $\chi(G)$. A b -coloring of G by k colors is a proper k -coloring of the vertices of G such that in each color class there exists a vertex having neighbors in all the other $k - 1$ color classes. The b -chromatic number of G , denoted by $b(G)$, is the largest integer k for which G has a b -coloring by k colors. This parameter was defined by Irving and Manlove [7].

For any connected graph G , a vertex v is called a cut-vertex of G if $G - v$ is not connected. A maximal connected induced subgraph without a cut-vertex is called a block of G . A block B is a terminal block if B contains at most one cut-vertex in G . A graph G is a block graph if every block in G is complete.

Giakoumakis [4] defined a graph G as extended P_4 laden graph if, every induced subgraph H of G with at most six vertices satisfies: if H contains more than two induced P_4 's then H is a pseudo-split graph, namely a $\{C_4, 2K_2\}$ -free graph.

The m -degree of a graph G , denoted by $m(G)$, is the largest integer m such that G has m vertices of degree at least $m - 1$. A vertex of G with degree at least $m(G) - 1$ is called a dense vertex. A graph G is tight if it has exactly $m(G)$ dense vertices, each of which has degree $m(G) - 1$. Irving and Manlove [7] prove that for any graph G , $b(G) \leq m(G)$ and they show that for tree T satisfies the inequality $m(T) - 1 \leq b(T) \leq m(T)$, and provided a polynomial time algorithm that computes $b(T)$. Kratochvil et al. [10] proved that the problem of determining if $b(G) = m(G)$ is NP -complete even for connected bipartite graphs G with $m(G) = \Delta(G) + 1$. Linhares-Sales et al. [11] investigated the problem on tight graphs. They proved that the problem of determining if a tight graph G has $b(G) = m(G)$ is NP -complete for bipartite graphs and chordal distance-hereditary graphs, but is polynomial-solvable for trees, complements of bipartite graphs, P_4 -sparse graphs, split graphs and block graphs. The Erdős-Faber-Lovász conjecture states that the graph H composed by m complete graphs of order m , any two of them sharing at most one vertex is m colorable. Let us consider the class \mathcal{B}_m of m -tight bipartite graphs of girth at least 6 with bipartition (D, D') such that D is the set of dense and D' the other vertices.

Lin et al. [12] stated that, if Erdos-Lovasz-Faber conjecture is true, then for any such bipartite graph the b chromatic number is m or $m - 1$. They conjecture any graph in \mathcal{B}_m has b -chromatic number m or $m - 1$.

Campos et al. [2] characterized graphs of girth at least 9 of b -chromatic number m . Recently, Kouider and Zamime [8] characterized tight graphs of girth at least 8 of b -chromatic number m . A graph G is called edge b -critical if for any edge e , $b(G - e) = b(G) - 1$. In [6] the author has characterized edge b -critical P_4 sparse graphs and edge b -critical quasi-line graphs. In [1] Blidia et al. have characterized edge b -critical P_5 -free graphs, edge b -critical regular graphs and edge b -critical trees. They proved that deciding if a graph is edge- b -critical is NP -complete. If G and H are two vertex-disjoint graphs, the union of G and H is the graph $G + H$, where $V(G + H) = V(G) \cup V(H)$ and $E(G + H) = E(G) \cup E(H)$. The join of G and H is the graph denoted

by $G \vee H$ obtained from $G + H$ by adding all edges between G and H .
 In this paper we characterize edge b -critical extented P_4 laden graphs and edge b -critical block graphs.

2 Preliminary results

All graphs in this paper contain no isolated vertices.

Definition 1 *A graph G is edge b -critical if for any edge e , $b(G - e) = b(G) - 1$.*

In [6], N. Ikhlef Eschouf proved the following.

Theorem 2 ([6]) *Let $G = (V, E)$ be an edge b -critical graph. Let c be any b -coloring of G with $b(G)$ colors, and let S be the set of all b -vertices of c . Then:*

- (i) *Any two b -vertices of c have different colors. Hence $|S| = b(G)$.*
- (ii) *$V(G) \setminus S$ is a stable set.*
- (iii) *Every vertex $x \in V(G) \setminus S$ satisfies $d_G(x) \leq |S| - 2$.*
- (iv) *$b(G) = \Delta(G) + 1$.*

Corollary 3 [1] *A $2K_2$ -free graph is edge b -critical if and only if it is a complete graph.*

From Theorem 2, we can establish the following result.

Observation 4 *Let G be a disconnected edge b -critical graph of maximum degree $\Delta(G)$ and with $p \geq 2$ connected components. Let c be any b -coloring of G with $b(G)$ colors and let H be any component of G . Then*

- (i) *H contains at least one b -vertex. Further, if H contains exactly one b -vertex, then H is a star of ordre $\Delta(G) + 1$.*
- (ii) *$b(G) = p$ if and only if $G = pK_{1,p-1}$.*

Proof. (i) As G is without isolated vertices, H contains at least one edge. By Theorem 2, G contains at least one b -vertex. To prove the second part, let x be the unique b -vertex in H . Since G is without isolated vertices, item (ii) and (iv) of Theorem 2 imply that x connects each other vertex in H , $V(H) \setminus \{x\}$ is an independent set and $d_G(x) = \Delta(G)$. Thus H is star of order $\Delta(G) + 1$.

(ii) Firstly, it easy to show that $b(pK_{1,p-1}) = p$. Conversely, suppose that $b(G) = p$. Thus the first part of Observation 4 item (i) and Theorem 2 items (i) and (iv) imply that each component of G has exactly one b -vertex. Hence by item (i) of the the second part of Observation 4, we get $G = pK_{1,p-1}$. ■

Proposition 5 [8] Let $G_1 = (V_1, E_1)$ and $G_2 = (V_2, E_2)$ be two graphs such that $V_1 \cap V_2 = \emptyset$. Then, $b(G_1 \cup G_2) \geq \max \{b(G_1), b(G_2)\}$.

Lemma 6 Let H be a connected component of a graph G . If G is edge b -critical graph, then $b(G) \geq b(H) + 1$.

Proof. By Proposition 5, $b(G) \geq b(H)$. Suppose that $b(G) = b(H)$. Then $b(G - e) \geq b(G)$ for any edge e in $G \setminus H$, a contradiction. ■

3 Edge b -critical extended P_4 -laden graphs

A graph G is called *split graph* if its vertex set can be partitioned into a clique K and an independent set S . We say that G is *original* if every vertex in S has a non-neighbor in K , and every vertex in K has a neighbor in S . We say that G is a *pseudo-split* if its vertex set has a partition (S, K, R) such that S induces stable set, K induces a clique, $S \cup K$ induces an original split graph (where $S \cup K \neq \emptyset$) and every vertex of R is adjacent to every vertex of K and adjacent to no vertex of S .

A *spider* (S, K, R) is a graph obtained by a pseudo-split such that:

- (a) $|K| = |S| \geq 2$.
- (b) There exists a bijection $f : S \rightarrow K$ such that either
 - (b.1) for each vertex $v \in S$, $N(v) \cap K = \{f(v)\}$ (*thin spider*);
 or
 - (b.2) for each vertex $v \in S$, $N(v) \cap K = K \setminus \{f(v)\}$ (*thick spider*).

Notice that the complement of a thin spider is a thick spider, and vice-versa. A spider graph with $|K| = |S| = 2$ and $|R| \leq 1$ is simultaneously thin and thick. We shall denote a spider by (S, K, R) or (S, K) if $R = \emptyset$.

A *quasi-spider* is a graph obtained by a spider (S, K, R) with at most one vertex from $S \cup K$ replaced by K_2 or $\overline{K_2}$. Clearly, every spider is a

quasi-spider.

We will call type 0 the spider; type 1 the spider (S, K, R) , where a vertex in S was replaced by K_2 ; type 2 the spider (S, K, R) , where a vertex in S was replaced by $\overline{K_2}$; type 3 the spider (S, K, R) , where a vertex in K was replaced by $\overline{K_2}$; and type 4 the spider (S, K, R) , where a vertex in K was replaced by K_2 .

Observation 7 *Graphs of types 0, 4 are pseudo-split.*

Giakoumakis [4] characterized the class of extended P_4 -laden graphs.

Theorem 8 ([4]) *A graph G is extended P_4 -laden if and only if exactly one of the following conditions is satisfied:*

- (i) G is the disjoint union of two non-empty extended P_4 -laden graphs.
- (ii) G is the join of two non-empty extended P_4 -laden graphs.
- (iii) G is a quasi-spider (S, K, R) such that R induces an extended P_4 -laden graph.
- (iv) G is a pseudo-split (S, K, R) such that R induces an extended P_4 -laden graph.
- (v) G is isomorphic to C_5 , P_5 or $\overline{P_5}$.
- (vi) G has only one vertex or $V(G) = \emptyset$.

The next observation follows from Theorem 8.

Observation 9 *Let G be a disconnected extended P_4 -laden graph. Then any connected component of G is either C_5 , P_5 , $\overline{P_5}$, quasi-spider, pseudo-split or join of two graphs.*

Lemma 10 *Quasi-spider graphs and pseudo-split graphs are not edge b-critical.*

Proof. As quasi-spider graph and pseudo-split graph are $2K_2$ -free graphs, Corollary 3 gives the desired result. ■

The two following results are due to N. Ikhlef Eschouf [6].

Proposition 11 [6] *Let G be a disconnected P_4 sparse graph and H any connected component of G . Then the following statements are satisfied:*

- (a) H is not a clique;
- (b) $\Delta(H) = \Delta(G)$;
- (c) H is a split graph with vertex-set $K \cup S$, where K is a clique and S is a stable with $|S| \geq 2$. Further, all vertices of K have the same number of neighbors in S ;
- (d) H cannot be thick spider (S, K, R) . Further, if H is a thin spider (K, S) , then $G = H + K_{1,p}$, where $p = |K|$.

Using the same techniques of [6], one can easily verify that properties of Proposition 11 remain valid for extended P_4 -laden graphs.

Proposition 12 [6] $G = G_1 \vee G_2$ is edge b -critical graph if and only if G is a complete graph.

Lemma 13 Let G be a disconnected edge b -critical extended P_4 -laden graph and let H be a connected component of G . Then the following properties hold.

- (i) H is different from $C_5, P_5, \overline{P_5}$ or quasi-spider of types 1, 2, 3.
- (ii) H is a quasi-spider of types 0, 4, or pseudo-split, with partition (S, K, R) , such that $S \cup R$ is stable set containing no b -vertex and each vertex of K is b -vertex. Further, for any optimal b -coloring of G no color of S appears in R .
- (iii) All b -vertices of H form a clique.

Proof. Consider a b -coloring of G with $b(G)$ colors.

i) If $H = C_5$ or P_5 , then by lemma 6, $b(G) \geq 4$ and so H has no b -vertex because each vertex of H has degree at most 2. Thus by Observation 4, G is not edge b -critical, a contradiction. If $H = \overline{P_5}$, then by lemma 6, $b(G) \geq 4$. But H has two adjacent vertices of degree 2. Since $\Delta(G) = 3$, the last vertices are no b -vertices, which contradicts Theorem 2 item (ii). If H is quasi-spider (S, K, R) of type 1, type 2 or type 3, then by definition of H , there exist two adjacent vertices in S and in K respectively of degree less than $\Delta(G)$ which contradicts item (ii) of Theorem 2.

ii) If H is a quasi-spider of type 0, then in [6], we have the desired result. If H is a quasi-spider of type 4, then each vertex of $S \cup R$ has degree at most $|R| + |K|$ and each vertex of K has degree at least $|R| + |K| + 1$.

So $\Delta(G) \geq |R| + |K| + 1$. By Theorem 2 item (ii), $S \cup R$ is a stable set. As, by definition of H , all vertices of K have the same degree, it follows that these vertices are b -vertices. If H is a pseudo-split (S, K, R) , then each vertex of $S \cup R$ has degree at most $|R| + |K| - 1$ and each vertex of K has degree at least $|R| + |K|$. Thus $\Delta(G) \geq |R| + |K|$. Therefore according to the Theorem 2, $S \cup R$ is a stable set and contains no b -vertex of c . Assume that K contains no b -vertex. By definition, K has a neighbor in S , which contradicts item (ii) of Theorem 2. So all vertices of K are b -vertices. Let us prove the second part. To do this, suppose there is a repeated color i in S and R . Then deletion an edge connecting a vertex of K to some vertex of S of color i does not decrease the b -chromatic number, a contradiction.

(iii) It is an immediate consequence of Lemma 13 item (ii). ■

Definition 14 *A graph G is in \mathcal{F}_1 if there are integers k and p with $2 \leq p \leq k$ and such that G has p components and each component G_i ($1 \leq i \leq p$) of G satisfies the following conditions:*

- $V(G_i) = S^i \cup K^i \cup R^i$.
- $q_i = k - (|K^i| + |R^i|)$ and $|K^1| + \dots + |K^p| = k$.
- $S^i = (\bigcup_{j=1}^{q_i} T_j)$.
- K^i is a clique, S^i and R^i are stable sets.
- either $S^i = \emptyset$ and $|R^i| = \sum_{j \neq i, j=1}^{j=p} |K^j|$. Each vertex of R^i is adjacent to each vertex of K^i such that $|K^i| \geq 1$ and $|R^i| \geq 1$, or
- $S^i \neq \emptyset$ and $|R^i| = \sum_{j \neq i, j=1}^{j=p} |K^j| - q_i$. For $1 \leq j \leq q_i$, $|T_j| = |K^i|$, $|K^i| \geq 2$. Each vertex of R^i is adjacent to each vertex of K^i . For $1 \leq j \leq q_i$ each vertex of K^i has exactly one neighbor in T_j and each vertex of T_j has at least one non-neighbor in K^i .

Lemma 15 *Let G be a graph of \mathcal{F}_1 . Then G is edge b -critical graph.*

Let G be a graph of \mathcal{F}_1 , with the same notation as above. Let $K = \bigcup_{i=1}^p K^i$. The definition of G implies easily that $\Delta(G) = |K| - 1$, every vertex

in K has degree $\Delta(G)$, and every vertex in $V(G)\setminus K$ has degree at most $\Delta(G) - 1$. A b -coloring of G with $|K|$ colors is obtained as follows. We assign colors $1, 2, \dots, |K|$ to the vertices of K . For $1 \leq i \leq p$, Color the vertices of R^i with different colors does not appear in K^i . Finally, color the vertices in S^i , $1 \leq i \leq p$. Since each vertex in K^i has q_i neighbors in S^i , we color them with different colors does not appear in $K^i \cup R^i$. So, for $1 \leq j \leq q_i$, all the vertices in T_j get the same color. We conclude that G is a graph with $b(G) = m(G) = \Delta(G) + 1$. Now, for each edge e of G we have $m(G - e) = m(G) - 1$. As $b(G - e) \leq m(G - e)$, so $b(G - e) \leq b(G) - 1$. Thus G is edge b -critical graph.

Now, we give a characterization of the edge b -critical extended P_4 -laden graphs.

Theorem 16 *Let $G = (V, E)$ be an extended P_4 -laden graph. Then G is edge b -critical if and only if G is either a complete graph, or P_5 , or belongs to \mathcal{F}_1 .*

Proof. Let $G = (V, E)$ be an extended P_4 -laden graph and set $b(G) = k$. Obviously, complete graph and P_5 are edge b -critical. Also by lemma 15, any graph of \mathcal{F}_1 is edge b -critical. Let us now prove the necessary condition. To do this, let G be an edge b -critical extended P_4 -laden graph. We have that $b(G) = \Delta(G) + 1$ by Theorem 2. Consider any b -coloring of G with $b(G)$ colors. By Theorem 8 and Lemma 10, we can distinguish between three cases:

Case 1 : G is isomorphic to C_5 , P_5 or \overline{P}_5 . It is easy to check that P_5 is edge b -critical, while C_5 and \overline{P}_5 are not.

Case 2 : G is the join of two non-empty extended P_4 -laden graphs. Then by proposition 12, G is a complete graph.

Case 3 : G is the disjoint union of two non-empty extended P_4 -laden graphs. Let G_i be a connected component of G , with $1 \leq i \leq p$. By item (i) of Theorem 2 and the first part of Observation 4 item (i), $p \in \{2, \dots, k\}$. By Lemma 13 and Observation 7, G_i is either pseudo split or the join of two extended P_4 -laden graphs. So, we claim that

Claim 1: G_i cannot be a quasi thick spider.

Proof of Claim 1: Suppose the contrary. Then by Lemma 13 item (ii) and Proposition 11 item (d), G_i is a quasi thick spider of type 4 with partition (S^i, K^i, R^i) . Clearly, no color in K^i can be appears in R^i . By Lemma 13, no color in R^i can be appears in S^i and all vertices of K^i are b -vertices. This

implies that K^i contains a vertex that has two neighbors in S^i of the same color, a contradiction.

Claim 2: If G_i is a pseudo-split (S^i, K^i, R^i) , then S^i can be partitioned into $k - (|K^i| + |R^i|)$ subsets (called parts) such that each part contains at least two vertices, and every vertex of K^i has exactly one neighbor in each part.

Proof of Claim 2 : Let G_i be a pseudo-split (S^i, K^i, R^i) . By Lemma 13, $S^i \cup R^i$ is a stable set and each color in S^i cannot appear in R^i . Since all vertices of K^i are b -vertices of maximum degree and $b(G) = \Delta(G) + 1$, each vertex of K^i has exactly $k - (|K^i| + |R^i|)$ neighbors in S^i . Therefore, S^i is partitioned into $k - (|K^i| + |R^i|)$ subsets such that each subset contains l vertices of the same color, $2 \leq l \leq |K^i|$. Every vertex in K^i has exactly one neighbor in each part, otherwise, deletion of any edge between a vertex in K^i and a vertex in S^i of repeated color in S cannot decrease the b -chromatic number, a contradiction. This completes the proof of the Claim 2.

From Observation 9, Claim 1 and Claim 2, we can deduce that

1) G_i is either the join of two graphs $G[K^i]$ and $[R^i]$ where K^i and R^i are, respectively, a clique and a stable set which satisfy $\Delta(G_i) = |K^i| + |R^i| - 1$

2) or a pseudo-split (S^i, K^i, R^i) with $\Delta(G_i) = k - 1$. The definition of a pseudo-split and Lemma 13 imply that no color in R^i appears in S^i or K^i . So, $|R^i|$ colors appear in R^i , and $|K^i|$ colors appear in K^i . By Lemma 13, all the vertices of K^i are b -vertices and so, it remains $q_i = k - (|K^i| + |R^i|)$ colors in S^i . Let S^i be partitioned into parts corresponding to the color of its vertices (one part of each color), so there is q_i parts. As $S^i \cup K^i$ is an original split, each vertex of K^i has exactly one neighbor in each part of S^i and each vertex of S^i has one non-neighbor in K^i . For $1 \leq j \leq q_i$, let T_j the parts of S^i , where $2 \leq |T_j| \leq |K^i|$. Lemma 13 and Theorem 2 imply that

$\bigcup_{i=1}^p K^i$ are the set of all b -vertices of c in G . Thus $b(G) = \sum_{i=1}^p |K^i|$. Theorem

2 item (iv) and Claim 2 imply that $\sum_{i=1}^p |K^i| = \Delta(G) + 1 = \Delta(G_i) + 1 = k$.

Consequently $G \in \mathcal{F}_1$.

■

4 Edge b -critical block graphs

Definition 17 [11] *Let G be a tight graph. We say that G is pivoted if there is a set N of non-dense vertices, with $|N| = k$, and a set of dense vertices D , with $|D| = m(G) - k + 1$, satisfying:*

1. *For every pair $u, v \in N$, u is adjacent to v , or there is a dense vertex w that is adjacent to both u and v .*
2. *For every pair $u \in N, v \in D$, either u is adjacent to v or u and v are both adjacent to a dense vertex w (not necessarily in D).*

Definition 18 [11] *Let G be a tight graph. The b -closure of G , denoted by G^* , is the graph with vertex set $V(G^*) = V(G)$ and edge set $E(G^*) = E(G) \cup \{uv \mid u \text{ and } v \text{ are non-adjacent dense vertices}\} \cup \{uv \mid u \text{ and } v \text{ are vertices with a common dense neighbor}\}$.*

Definition 19 [11] *Let G a tight graph. The partial b -closure of, G denoted G_p^* , is the graph with vertex set $V(G_p^*) = V(G)$ and edge set $E(G_p^*) = E(G) \cup \{uv \mid u \text{ and } v \text{ are vertices with a common dense neighbor}\}$.*

Lemma 20 [11] *The partial b -closure of a block graph is chordal.*

Theorem 21 [11] *Let G be a tight graph. Then G is pivoted graph if and only if $\omega(G^*) > m(G)$.*

Corollary 22 [11] *Let G be a tight graph. If G is a pivoted graph, then $b(G) < m(G)$.*

Lemma 23 [11] *Let G be a tight graph. Then $b(G) = m(G)$ if and only if $\chi(G^*) = m(G)$.*

Our aim here is to characterise the edge b -critical block graphs. For this purpose we define the following family \mathcal{F}_3 of block graphs different from complete graph.

A graph G is in \mathcal{F}_3 if G satisfies the following conditions:

- G has exactly $\Delta(G) + 1$ vertices of degree $\Delta(G)$.
- For every block H
 - If H is a terminal block, then $H = K_2$, and exactly one vertex of H has degree $\Delta(G)$.

- If H is not a terminal block, then at most one vertex of H has degree less than $\Delta(G)$, furthermore if H contains a vertex u of degree less than $\Delta(G)$, then each neighbor of u in G has degree $\Delta(G)$.

We remark that all graphs of family \mathcal{F}_3 are tight graphs with $m(G) = \Delta(G) + 1$.

Let \mathcal{F}_2 be a family of tight pivoted block graph.

Lemma 24 *Let $G \in \mathcal{F}_3 - \mathcal{F}_2$. Then $b(G) = m(G) = \Delta(G) + 1$.*

Proof. Let $G \in \mathcal{F}_3 - \mathcal{F}_2$. Then G is a non pivoted tight graph and so, by theorem 21 we have $\omega(G^*) \leq m$. Since the $m(G)$ dense vertices form a clique in G^* , then $\omega(G^*) = m(G)$. By Lemma 20 G_p^* is chordal and so, G^* is chordal. Since a chordal graph is a perfect graph, $\chi(G^*) = \omega(G^*) = m(G)$, and by lemma 23, $b(G) = m(G)$. ■

Proposition 25 *If $G \in \mathcal{F}_2$, then G is not edge b -critical.*

Proof. Let $G \in \mathcal{F}_2$. By corollary 22, $b(G) < m(G)$. Since $m(G) \leq \Delta(G) + 1$, then, $b(G) < \Delta(G) + 1$, and by theorem 2 G is not edge b -critical. ■

Theorem 26 *Let G be a block graph. Then G is edge b -critical if and only if G is either a complete graph or in $\mathcal{F}_3 - \mathcal{F}_2$.*

Proof. It is obvious that the complete graphs are edge b -critical. Let G be a graph in $\mathcal{F}_3 - \mathcal{F}_2$. The definition of G implies easily that G is a non pivoted tight block graph with $m(G) = \Delta(G) + 1$. By Lemma 24 $b(G) = \Delta(G) + 1$. Since for any edge e of G at least one endvertices of e has degree $\Delta(G)$, then $G - e$ contains $\Delta(G)$ vertices of degree at least $\Delta(G) - 1$, and we have no $\Delta(G) + 1$ vertices of degree at least $\Delta(G)$. So, $m(G - e) = \Delta(G)$. Therefore $b(G - e) \leq b(G) - 1$. Hence G is edge b -critical.

Let us now prove the necessary condition. Let G be an edge b -critical block graph. By proposition 25, G is not a pivoted block graph and so $G \notin \mathcal{F}_2$. Consider a b -coloring c of G with $b(G)$ colors and let S the set of all b -vertices of c . Theorem 2 imply that $|S| = \Delta(G) + 1$, and so $d_G(v) = \Delta(G)$

for every $v \in S$ and $d_G(v) \leq \Delta(G) - 1$ for every $v \in V \setminus S$. Let H be a block of G . By Theorem 2, at most one vertex of H is no b -vertex.

Suppose first that $b(G) = \omega(G)$. Then G is a complete graph, otherwise there exist a block H in G of cardinality $\omega(G)$ contains a vertex v such that $d_G(v) \geq \omega(G)$. Thus v is adjacent to vertex u outside H . Hence, c remains a b -coloring of $G - uv$ with $b(G)$ colors, a contradiction.

Suppose now that $b(G) > \omega(G)$. Assume that H is a terminal block of order at least 3. Then H contains at least 2 vertices u, v of degree less than $\omega(G)$. This implies that u and v are not b -vertices. So, $b(G - uv) \geq b(G)$, a contradiction. Thus $H = K_2$. If there exist a terminal block $H = \{u, v\}$ such that each vertex of H has degree less than $\Delta(G)$ then also $b(G - uv) \geq b(G)$, a contradiction. Since G different from complete graph, then exactly one vertex of H has degree $\Delta(G)$. Assume now that H is not a terminal block. If H contains at least 2 vertices x, y of degree less than $\Delta(G)$ then $b(G - xy) \geq b(G)$, a contradiction. Thus H contains at most one vertex, say x of degree less than $\Delta(G)$. Let z a neighbor of x in G , then z has degree $\Delta(G)$, for otherwise, c remains a b -coloring of $G - xz$ with $b(G)$ colors, a contradiction. Thus $G \in \mathcal{F}_3$. Since $G \notin \mathcal{F}_2$, therefore, $G \in \mathcal{F}_3 - \mathcal{F}_2$.

■

References

- [1] M. Blidia, N. Iklef Eschouf, F. Maffray. On edge b -critical graphs, Discrete Appl. Math. 180 (2015) 176 – 180
- [2] V.Campos, V.Farias, A.Silva. b -coloring with large girth, Arxiv (2012) 1202.4032.
- [3] T. Faik, la b -continuité des b -colorations: complexité, propriétés structurelles et algorithmes, Thèse de doctorat, Université Paris XI Orsay, 2005.
- [4] V. Giakoumakis, P_4 -laden graphs: a new class of brittle graphs, Information Processing Letters (1996) 26-36.
- [5] C.T. Hoàng, M. Kouider. On the b -dominating coloring of graphs, Discrete Appl. Math. 152 (2005) 176 – 186.
- [6] N. Ikhlef Eschouf. Characterization of some b -chromatic edge critical graphs, Australasian Journal of Combinatoric 47 (2010) 21 – 35.

- [7] R.W. Irving, D.F. Manlove. The b -chromatic number of graphs, *Discrete Appl. Math.* 91 (1999) 127 – 141.
- [8] M. Kouider, M. Mahéo. Some bounds for the b -chromatic number of a graph, *Discrete Mathematics.* 256 (2002) 267 – 277.
- [9] M. Kouider, M. Zamime. On the b -coloring of tight graphs. (2015) DOI 10.1007/s10878 – 015 – 9946–y
- [10] J. Kratochvíl, Z. Tuza, M. Voigt. On the b -chromatic number of graphs, *Lecture Notes in Comput Sci.* 2573 (2002) 310 – 320.
- [11] C. Linhares Sales, L. Sampaio. b -coloring of m -tight graphs, *Electronic Notes in Discrete Mathematics.* 35 (2009) 209 – 214.
- [12] Wu-Hsiung Lin, Gerard J. Chang. b -coloring of tight bipartite graphs and the Erdős-Faber-Lovász conjecture, *Discrete Appl. Math.* 161 (2013) 1060 – 1066.

Distinguishing Number of some Circulant Graphs

Gravier Sylvain¹, Meslem Kahina², and Slimani Souad^{1,2}

¹ Institut Fourier - SFR Maths à Modeler
UMR 5582 CNRS/ Université Grenoble-Alpes
100 rue des maths, BP 74, 38402 Saint Martin d'Hères
Grenoble, France

² Laboratoire LaROMaD, SFR Maths Modeler
Faculté des Mathématiques, U.S.T.H.B.
El Alia Bab-Ezzouar 16 111
Algiers, Algeria

sylvain.gravier@univ-grenoble-alpes.fr
{kmeslem, sslimani}@usthb.dz

Abstract. Introduced by Albertson and al. [1], the distinguishing number $D(G)$ of a graph G is the least integer r such that there is a r -labeling of the vertices of G that is not preserved by any nontrivial automorphism of G . Most of graphs studied in literature have 2 as a distinguishing number value except complete, multipartite graphs or cartesian product of complete graphs not depend on n . In this paper, we study circulant graphs of order n where the adjacency is defined using a symmetric subset A of \mathbb{Z}_n , called generator. We show that we can build a family of circulant graphs of order n having distinct distinguishing numbers not depend on n .

keyword. Distinguishing number, automorphism groups, circulant graphs.

1 Introduction

In 1979, F.Rudin [12] proposed a problem in Journal of Recreational Mathematics by introducing the concept of the breaking symmetry in graphs. Albertson and al.[1] studied the distinguishing number in graphs defined as the minimum number of labels needed to assign to the vertex set of the graph in order to distinguish any non trivial automorphism graph. The distinguishing number is widely focused in the recent years : many articles deal with this invariant in particular classes of graphs: trees [3], hypercubes [2], product graphs [10] [9] [8] [5] and interesting algebraic properties of distinguishing number were given in [11] [13] and [14]. Most of non rigid structures of graphs (i.e structures of graphs having at most one non trivial automorphism) need just two labels to destroy any non trivial automorphism. In fact, paths P_n ($n > 1$), cycles C_n ($n > 5$), hypercubes Q_n ($n > 3$), r ($r > 3$) times cartesian product of a graph G^r where G is of order $n > 3$, circulant graphs of order n generated by $\{\pm 1, \pm 2, \dots \pm k\}$ [7] ($n \geq 2k + 3$) have 2 as a common value of distinguishing number. However, complete graphs, complete multipartite graphs [4] and cartesian product of complete graphs (see [8] [5] [6]) are the few classes with a big distinguishing number.

The associated invariant increases with the order of the graphs. In order to surround the structure of a graph of a given order n and get a proper distinguishing number we built regular graphs $C(m, p)$ of order mp where the adjacency is described by introducing a generator A ($A \subset \mathbb{Z}_{m.p}$). These graphs are generated by $A = \{(p-1) + r.p, (p+1) + r.p : 0 \leq r \leq m-1\}$ for all $n = m.p \geq 3$. In fact, the motivation of this paper is to give an answer to this following question, noted (\mathcal{Q}):

“Given a sequence of ordered and distinct integer numbers d_1, d_2, \dots, d_r in $\mathbb{N}^* \setminus \{1\}$, does it exist an integer n and r graphs G_i ($1 \leq i \leq r$) such that $D(G_i) = d_i$ for all $i = 1, \dots, r$ and n is the common order of the r graphs?”

In the following proposition, we give the answer to this question:

Proposition 1. *Given an ordered sequence of r distinct integers d_1, d_2, \dots, d_r with $r \geq 2$ and $d_i \geq 2$ for $i = 1, \dots, r$, there exists r graphs G_1, G_2, \dots, G_r of order n such that G_i contains a clique K_{d_i} and $D(G_i) = d_i$ for all $1 \leq i \leq r$.*

Proof. Suppose that $d_1 \neq 2$ and $n = d_r$. For the integer d_r , we assume that $G_r \simeq K_{d_r}$ and $D(G_r) = d_r$.

For the other integers, we consider the disconnected $(r-1)$ graphs G_i having two connected component C and C' such that $C \simeq K_{d_i}$ and C' is a path P_{n-d_i} for all $i = 1, \dots, (r-1)$.

Observe that, when $d_1 \neq 2$ or $n = d_r \neq 4$, then the connected component C and C' can not be isomorphic. By consequence, an automorphism δ of a graph G_i acts in the same connected component for all $1 \leq i \leq r-1$. More than, $D(G_i) = \max(D(C), D(C')) = D(C) = d_i$ for all $1 \leq i \leq r-1$.

If $d_1 = 2$ and $n = d_r = 4$ the same graphs are considered except for G_1 where we put $G_1 \simeq P_4$. Then, $D(G_1) = 2 = d_1$.

The graphs of Proposition 1 are not completely satisfying since these ones are not connected. Furthermore, these graphs give no additional information for graphs having high distinguishing number, since they just use cliques for construction. So our purpose is to construct connected graphs structural properties that give answer to question (\mathcal{Q})

Theorem 2. *Given an ordered sequence of r distinct integers d_1, d_2, \dots, d_r with $r \geq 2$ and $d_i \geq 2$ for $i = 1, \dots, r$, there exists r connected circulant graphs G_1, G_2, \dots, G_r of order n such that $D(G_i) = d_i$.*

So, in section 1, basic definitions and preliminary results used in this paper are given. Then in section 2, we define circulant graphs $C(m, p), n = m.p \geq 3$ and provide interesting structural properties of this class of graphs. These later are used to determine the associated distinguishing number which is given in section 3. We also give the proof of theorem 2 in the same section. Finally, in section 4, we conclude by some remarks and possible improvement to reply of the question (\mathcal{Q}).

2 Definitions and Preliminaries Results

We only consider finite, simple, loopless, and undirected graphs $G = (V, E)$ where V is the vertex set and E is the edge set. The *complement* of G is the simple graph $\overline{G} = (V, \overline{E})$ which consists of the same vertex set V of G . Two vertices u and v are adjacent in \overline{G} if and only if they are not in G . The *neighborhood* of a vertex u , denoted by $N(u)$, consists in all the vertices v which are adjacent to u . A *complete graph* of order n , denoted K_n , is a graph having n vertices such that all two distinct vertices are adjacent. A *complete bipartite graph* is a bipartite graph where each vertex from any set adjacent to each vertex to another set. A *path* on n vertices, denoted P_n , is a sequence of distinct vertices and $n - 1$ edges $v_i v_{i+1}$, $1 \leq i \leq n - 1$. A path relying two distinct vertices u and v in G is said *uv-path*. A *cycle*, on n vertices denoted C_n , is a path with n distinct vertices v_1, v_2, \dots, v_n where v_1 and v_n are confused. For a graph G , the *distance* $d_G(u, v)$ between vertices u and v is defined as the number of edges on a shortest *uv-path*.

Given a subset $A \subset \mathbb{Z}_n$ with $0 \notin A$ and for all $a \in A$ and $-a \in A$. A *circulant graph*, is a graph on n vertices $\{0, 1, \dots, n - 1\}$ where two vertices i and j are adjacent if $j - i$ modulo n is in A .

The *automorphism* (or *symmetry*) of a graph $G = (V, E)$ is a permutation σ of the vertices of G preserving adjacency i.e if $xy \in E$, then $\sigma(x)\sigma(y) \in E$. The set of all automorphisms of G , noted $Aut(G)$ defines a structure of a group. A labeling of vertices of a graph G , $c : V(G) \rightarrow \{1, 2, \dots, r\}$ is said *r-distinguishing* of G if $\forall \sigma \in Aut(G) \setminus \{Id_G\} : c \neq c \circ \sigma$. That means that for each automorphism $\sigma \neq id$ there exists a vertex $v \in V$ such that $c(v) \neq c(\sigma(v))$. A *distinguishing number* of a graph G , denoted by $D(G)$, is a smallest r such that G is an r -distinguishing labeling. Since $Aut(G) = Aut(\overline{G})$, we have $D(G) = D(\overline{G})$. The distinguishing number of a complete graph of order n is equal to n . The distinguishing number of complete multipartite graphs is given in the following theorem:

Theorem 3. [4] Let $K_{a_1^{j_1}, a_2^{j_2}, \dots, a_r^{j_r}}$ denote the complete multipartite graph that has j_i partite sets of size a_i for $i = 1, 2, \dots, r$ and $a_1 > a_2 > \dots > a_r$. Then $D(K_{a_1^{j_1}, a_2^{j_2}, \dots, a_r^{j_r}}) = \min\{p : \binom{p}{a_i} \geq j_i \text{ for all } i\}$

Let us introduce the concept of modules useful to investigate distinguishing number in graphs. A *module* in the graph G is a subset M of vertices which share the same neighborhood outside M i.e for all $y \in V \setminus M$: $M \subseteq N(y)$ or $xy \notin E$ for all $x \in M$. A trivial module in a graph G is either the set V or any singleton vertex. A module M of G is said *maximal* in G if for each non trivial module M' in G containing M , M' is reduced to M . The following lemma shows how modules can help us to estimate the value of distinguishing number in graphs:

Lemma 4. Let G be a graph and M a module of G . Then, $D(G) \geq D(M)$

Proof. Let c be an r -labeling such that $r < D(M)$. Since $r < D(M)$, there exists $\delta|_M$ a non trivial automorphism of M such that $c(x) = c(\delta|_M(x))$ for all $x \in M$

i.e the restriction of c in M is not a distinguishing. Now, let δ be the extension of $\delta|_M$ to G with $\delta(x) = x \forall x \notin M$ and $\delta(x) = \delta|_M(x)$ otherwise. We get $c(x) = c(\delta(x))$ for all $x \in G$. Moreover, $\delta \neq id$ since $\delta|_M \neq id|_M$.

3 Circulant Graphs $C(m, p)$

In this section, we study distinguishing number of circulant graphs $C(m, p)$ of order $n = m \cdot p \geq 3$ with $m \geq 1$ and $p \geq 2$. A vertex i is adjacent to j in $C(m, p)$ iff $j - i$ modulo n belongs to $A = \{p - 1 + r \cdot p, p + 1 + r \cdot p, 0 \leq r \leq m - 1\}$ (See Fig. 1), where $p > 1$. These graphs are circulant since for all $0 \leq r \leq m - 1$, the symmetric of $p - 1 + r \cdot p$ is $1 + p + (m - r - 2)p$ which belongs to A . We have $0 \notin A$ since $p > 1$. Let specify some other particular values of p and m , $C(m, 1)$ is the clique K_m and $C(1, p)$ is the cycle C_p . Also we have: $C(m, 2) = K_{m, m}$ and $C(m, 3) = K_{m, m, m}$. By theorem 3, $D(C(m, 2)) = D(C(m, 3)) = m + 1$. Moreover, $D(C(1, p)) = 2$ for $p \geq 6$.

Property 5 *The vertex set of $C(m, p)$ ($m \geq 2$ and $p \geq 2$) can be partitioned into p stable modules $M_i = \{i + r \cdot p : 0 \leq r \leq m - 1\}$ of size m for $i = 0, \dots, p - 1$.*

Proof. Given two distinct vertices $a, b \in M_i$ for $i = 0, \dots, p - 1$, $a - b \equiv rp[n]$ for some $0 < r \leq m - 1$, then $a - b \notin A$ which proves that each M_i induces a stable sets.

Moreover, it is clear that $\{M_i\}_{i=0, \dots, p-1}$ forms a partition of vertex set of $C(m, p)$.

Let us prove that M_i defines a module. For this, suppose that $a = i + r_a \cdot p$ and $b = i + r_b \cdot p$ two distinct vertices of a given stable set M_i .

Let $c \in V \setminus M_i$ such that ac is an edge and let $c = j + r_c \cdot p$.

Let

$$r_{bc} = \begin{cases} r_b - r_c & \text{if } r_b > r_c \\ m + (r_b - r_c) & \text{else} \end{cases} \quad r_{ac} = \begin{cases} r_a - r_c & \text{if } r_a > r_c \\ m + (r_a - r_c) & \text{else} \end{cases}$$

two integer numbers such that $b - c \equiv (i - j) + r_{bc} \cdot p[n]$ and $a - c \equiv (i - j) + r_{ac} \cdot p[n]$ (with $0 \leq r_{ac} \leq m - 1$ and $0 \leq r_{bc} \leq m - 1$.)

Since $a - c$ is in A then there is some integers k verifying $0 \leq k \leq r_{ac}$ such that $i - j + kp = p - 1$ (or $= p + 1$).

If $k \leq r_{bc}$, we obtain $b - c \equiv i - j + kp + (r_{bc} - k) \cdot p[n]$.

Then $b - c \equiv p - 1 + (r_{bc} - k) \cdot p[n]$ (or $\equiv p + 1 + (r_{bc} - k) \cdot p[n]$). We deduce that $b - c \in A$ since $0 \leq k \leq m - 1$.

Else, we have $r_{bc} < k \leq m + r_{bc}$. We have $b - c \equiv i - j + r_{bc} \cdot p[n]$. Then $b - c \equiv i - j + (m + r_{bc}) \cdot p[n]$. We get $b - c \equiv i - j + kp + (m + r_{bc} - k) \cdot p[n]$ which belongs to A since $0 \leq m + r_{bc} - k \leq m - 1$.

Since each M_i (for all $0 \leq i \leq p - 1$) is a stable set then, by definition of a module, we have:

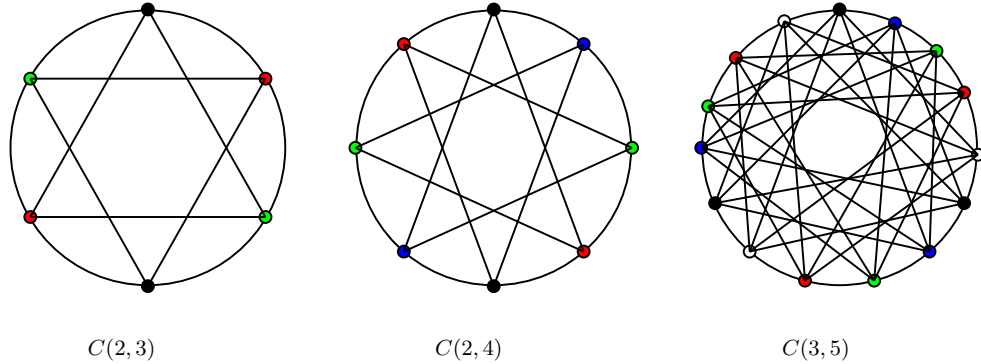


Fig. 1. Circulant graphs: In each cycle the vertices of the same color are in the same module

Property 6 Any permutation of elements of M_i is an automorphism of G for all $0 \leq i \leq p - 1$. □

By lemma 4 and property 5, we have $D(C(m, p)) \geq m$. We will improve this bound:

Theorem 7. For all $p \geq 2$ and for all $m \geq 2$, $D(C(m, p)) = m + 1$ if $p \neq 4$.

4 Proof of Theorem 2 and Theorem 7

In this section, we give the proof of theorem 7 in the first step, while the second step is spent to give the proof of the theorem 2

Lemma 8. For all $p \geq 2$ and for all $m \geq 2$, $D(C(m, p)) > m$.

Proof. If $p = 2$ (resp. $p = 3$) then $C(m, 2) \cong K_{m,m}$ (resp. $C(m, 3) \cong K_{m,m,m}$). According to Theorem 3, we have $D(C(m, p)) > m$. Let $C(m, p)$ be the circulant graph generated by $A = \{p - 1 + rp, p + 1 + rp : 0 \leq r \leq m - 1\}$.

Let us suppose that $p > 3$. Since the modules M_i ($i = 0, \dots, p - 1$) are stables of size m , then by lemma 4 we have $D(C(m, p)) \geq m$.

Consider $c : V(C(m, p)) \rightarrow \{1, 2, \dots, m\}$ be a m -labeling of $C(m, p)$ ($m \geq 2$) and prove that c is not m -distinguishing.

By way of contradiction, assume that c is m -distinguishing.

For all distinct vertices v, w in a given module M_{i_0} with $i_0 \in \{0, 1, \dots, p - 1\}$ we have $c(v) \neq c(w)$ otherwise, there exists a transposition τ of v and w verifying $c = c \circ \tau$. This yields a contradiction. That means that in a fixed module M_i we have all labels.

Let P_j ($1 \leq j \leq m$) be a set of index $\{(j - 1)p + i, i \in \{0, \dots, p - 1\}\}$.

Let $v \in M_i$ ($0 \leq i \leq p-1$) then $v = i + rp$ where $0 \leq r \leq m-1$. Consider now the mapping δ_i with $i = 0, \dots, p-1$ defined as follows: $\delta_i : V \rightarrow V$ such that $\delta_i(v) = (c(v) - 1)p + i$ if $v \in M_i$ else $\delta(v) = v$. By property 6, δ_i defines an automorphism of G .

Let $\delta = \delta_0 \circ \dots \circ \delta_{p-1}$ be an automorphism of G .

Let ψ be a mapping defined as follows: $\psi : V \rightarrow V$ such that $\psi(i + rp) = p - (i + 1) + rp$. Let prove that ψ is an automorphism of G .

Let $a = i + rp$ and $b = j + r'p$ two adjacent vertices then $b - a = j - i + (r' - r)p \in A$. We have $\psi(b) - \psi(a) = i - j + (r' - r)p$ which belongs to A . Thus ψ is an automorphism of G .

Check now that $\delta^{-1} \circ \psi \circ \delta$ is non trivial automorphism of G preserving the labeling c (See Fig.2).

Then $\delta^{-1} \circ \psi \circ \delta$ is clearly an automorphism because it is a composition of automorphisms.

Since $\delta^{-1} \circ \psi \circ \delta(0) = \delta^{-1} \circ \psi((c(0) - 1)p + 0) = \delta^{-1}((c(0) - 1)p + (p - 1)) = u$ with $u \in M_{p-1}$ and $c(u) = c(0)$, then $u \neq 0$ since $0 \in M_0$ and $M_0 \neq M_{p-1}$ and $p > 1$. Thus $\delta^{-1} \circ \psi \circ \delta$ is not a trivial automorphism.

To complete the proof, it is enough to show that $c(u) = c(\delta^{-1} \circ \psi \circ \delta(u))$ for all u .

Let $u = i + rp$ then we have $\delta^{-1} \circ \psi \circ \delta(u) = \delta^{-1} \circ \psi((c(u) - 1)p + i) = \delta^{-1}((c(u) - 1)p + p - (i + 1)) = v$ such that $v \in M_{p-(i+1)}$ and $c(v) = c(u)$.

Then $\delta^{-1} \circ \psi \circ \delta$ preserves the labeling.

The following result gives the exact value of $D(C(m, p))$

Lemma 9. For all $p \geq 2$ and $p \neq 4$ and for all $m \geq 2$: $D(C(m, p)) \leq m + 1$

Proof. If $p \in \{2, 3\}$ the proposition is true by theorem 3. Consider c be the $(m + 1)$ -labeling defined as follows (See Fig. 3):

$$c(v) = \begin{cases} 1 & 0 \leq v \leq \lfloor \frac{p}{2} \rfloor \text{ and } v = 2p - 1 \\ 2 & \lfloor \frac{p}{2} \rfloor < v \leq p - 1 \\ j + 1 & v \in P_j \text{ and } 2 \leq j \leq m \text{ and } v \neq 2p - 1 \end{cases}$$

Suppose that there exists an automorphism δ preserving this labeling and prove that δ is trivial.

Since $p > 4$, 0 is the unique vertex labeled 1 which has the following sequence of label in his neighborhood $(1, 1, 2, 3, 4, 4, \dots, m + 1, m + 1)$. Thus $\delta(0) = 0$.

However, we refer to the following claim:

Claim. For each vertex i in $C(m, p)$ where $0 \leq i \leq p - 1$, we have:

$$d(0, i) = \begin{cases} i & 1 \leq i \leq \lfloor \frac{p}{2} \rfloor \\ p - i & \lfloor \frac{p}{2} \rfloor < i \leq p - 1 \end{cases}$$

Proof. First observe that for all pair of vertices u and v in the same module M and $z \in V \setminus M$, we have $d(u, z) = d(v, z)$ and $d(u, v) = 2$.

Now, if we contract each module M_i of $C(m, p)$, then we get a cycle on p vertices which implies the claim.

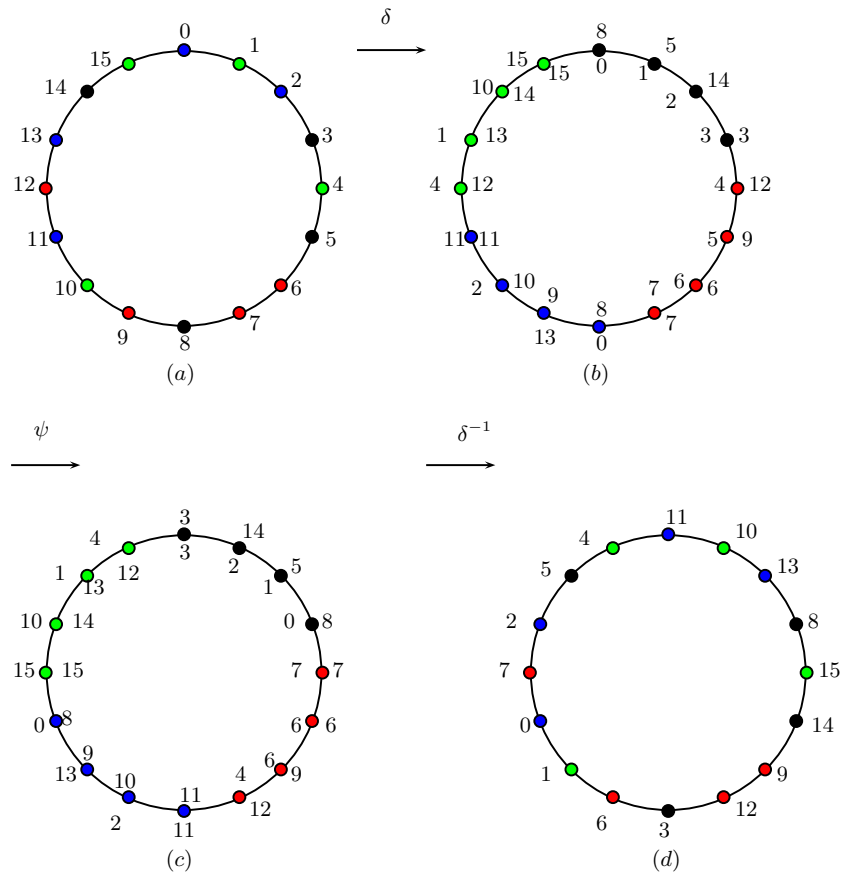


Fig. 2. The automorphism $\delta^{-1} \circ \psi \circ \delta$ applied to $C(4,4)$ with four labels $(1,2,3,4)=(\text{black},\text{red},\text{blue},\text{green})$.

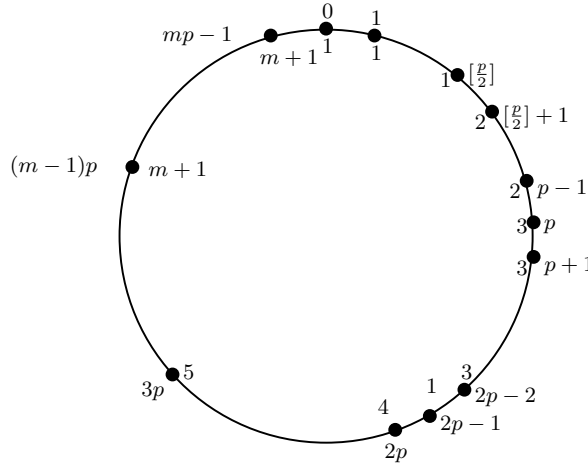


Fig. 3. The $(m + 1)$ -labeling: the label of each vertex is given inside the cycle.

Let us prove that each vertex labeled 1, is fixed by the automorphism δ :

Consider the table describing the sequence of labels of the vertex u :

u	$c(u)$	$c(N(u))$
0	1	1, 1, 2, 3, 4, 4, ... $m + 1, m + 1$.
$0 < i < \lfloor \frac{p}{2} \rfloor$	1	1, 1, 3, 3, 4, 4, ... $m + 1, m + 1$.
$\lfloor \frac{p}{2} \rfloor$	1	1, 2, 3, 3, 4, 4, ... $m + 1, m + 1$.
$\lfloor \frac{p}{2} \rfloor < j < p - 1$	2	2, 2, 3, 3, 4, 4, ... $m + 1, m + 1$.
$p - 1$	2	1, 2, 3, 3, 4, 4, ... $m + 1, m + 1$.
$2p - 1$	1	1, 2, 3, 3, 4, 4, ... $m + 1, m + 1$.

For all i such that $0 < i < \lfloor \frac{p}{2} \rfloor$, we have the sequence of labels occurring in the neighborhood of a vertex i is $(1, 1, 3, 3, \dots, m + 1, m + 1)$. More than, for all two distinct vertices u and v such that $0 < u, v < \lfloor \frac{p}{2} \rfloor$ we have $d(u, 0) \neq d(v, 0)$. Then, since $\delta(0) = 0$ we get $\delta(u) = u$ and $\delta(v) = v$. Generally, for all vertex i such that $0 < i < \lfloor \frac{p}{2} \rfloor$, we obtain $\delta(i) = i$.

More than, the sequence of labels in the neighborhood of $2p - 1$ and $\lfloor \frac{p}{2} \rfloor$ is $\{1, 2, 3, 3, 4, 4, \dots, m + 1, m + 1\}$. Since $d(\lfloor \frac{p}{2} \rfloor, 0) > d(2p - 1, 0) = 1$, then we get $\delta(2p - 1) = 2p - 1$ and $\delta(\lfloor \frac{p}{2} \rfloor) = \lfloor \frac{p}{2} \rfloor$.

Now observe that by Claim 4, any distinct vertices u and v labeled 2, we have $d(u, 0) \neq d(v, 0)$. Then for any vertex u such that $c(u) = 2$, we have $\delta(u) = u$.

Finally, let us prove that each vertex v in $C(m, p) \setminus (P_1 \cup \{2p - 1\})$ is fixed by the automorphism δ . For that, it is enough to show for all pair of distinct vertices u and v such that $c(u) = c(v)$, we have $N(u) \cap \{0, 1, 2, \dots, p - 1\} \neq N(v) \cap \{0, 1, 2, \dots, p - 1\}$. This proposition will imply that each vertex v labeled $c(v)$ ($c(v) \geq 2$) is fixed by δ and we conclude the proof of theorem. Let u and v two distinct vertices such that $c(u) = c(v)$ with $u, v \in C(m, p) \setminus (P_1 \cup \{2p - 1\})$.

Since $c(u) = c(v)$, we have $u \in M_i$ and $v \in M_j$ with $i \neq j$. Then $i - 1, i + 1 \in N(u)$ and $j - 1, j + 1 \in N(v)$.

If $i = 0$ then $p - 1 \in N(u)$ since $p \in M_i$. Similarly, if $i = p - 1$, then $0 \in N(u)$ since $mp - 1 \in M_i$.

Therefore, modulo p , we have that $i - 1, i + 1 \in N(u) \cap \{0, 1, \dots, p - 1\}$ and $j - 1, j + 1 \in N(v) \cap \{0, 1, \dots, p - 1\}$.

Additionally, observe that any vertex u has exactly two neighborhood among p consecutive vertices of G . Thus $N(u) \cap \{0, 1, \dots, p - 1\} = \{i - 1, i + 1 \pmod{p}\}$ and $N(v) \cap \{0, 1, \dots, p - 1\} = \{j - 1, j + 1 \pmod{p}\}$.

Now, if $N(u) \cap \{0, 1, \dots, p - 1\} = N(v) \cap \{0, 1, \dots, p - 1\}$ and $i \neq j$, then $i + 1 = j - 1$ and $i - 1 = j + 1$. Thus $j = i - 2$, $j = i + 2$ and $p = 4$.

Since $p > 4$, we get that $N(u) \cap \{0, 1, \dots, p - 1\} \neq N(v) \cap \{0, 1, \dots, p - 1\}$.

Lemma 8 and lemma 9 give the proof of theorem 7. The following result gives the value of distinguishing number for $p = 4$:

Corollary 10. *For each $m \geq 2$, $C(m, 4)$ is isomorphic to $C(2m, 2)$ (or $K_{2m, 2m}$) and $D(C(m, 4)) = 2m + 1$.*

Proof. The graph $C(m, 4)$ is partitioned into four modules M_0, M_1, M_2, M_3 . We have: $N(M_0) = N(M_2) = M_1 \cup M_3$ and $N(M_1) = N(M_3) = M_0 \cup M_2$. Thus, the module M_i is not maximal where $i \in \{0, 1, 2, 3\}$. Furthermore, $M_0 \cup M_2$ and $M_1 \cup M_3$ are stables of size $2m$. Then, the graph $C(m, 4)$ is a multipartite graph $K_{2m, 2m}$ and $D(C(m, 4)) = D(K_{2m, 2m}) = D(C(2m, 2)) = 2m + 1$.

PROOF OF THEOREM 2

Let d_1, d_2, \dots, d_r be an ordered sequence of distinct integers. Let $m_i = d_i - 1$ for all $i = 1, \dots, r$ and $p_i = \prod_{j \neq i} m_j$.

By definition, $m_i p_i = m_j p_j$ for $i \neq j$ for $i, j = 1, \dots, r$.

If all $p_i \neq 4$, then let $n = m_i p_i$ else $n = 3m_i p_i$ for all $i = 1, \dots, r$.

Now, by Theorem 7, $D(C(m_i, p_i)) = m_i + 1 = d_i$ for all $i = 1, \dots, r$.

So, $(G_i)_i = (C(m_i, p_i))_i$ with $i = 1, \dots, r$, is a family of connected circulant graphs of order n such that $D(G_i) = d_i$. \square

5 Remarks and conclusion

We have studied the structure of circulant graphs $C(m, p)$ by providing the associated distinguishing number. We have determined the distinguishing number

of circulant graphs $C(m, p)$ for all $m, p \geq 3$ with $m \geq 1$ and $p \geq 2$. We can summarize the result which give the value of distinguishing number for circulant graphs $C(m, p)$ as follows:

$$D(C(m, p)) = \begin{cases} m & (m \geq 3 \text{ and } p = 1) \\ m + 1 & (m = 1 \text{ and } p \geq 6) \text{ or } (m \geq 2 \text{ and } p \geq 2 \text{ and } p \neq 4) \\ 2m + 1 & (m = 1 \text{ and } p \in \{3, 4, 5\}) \text{ or } (m \geq 2 \text{ and } p = 4) \end{cases}$$

We deduce that for a given integer $n = \prod_{i=1}^r m_i$ for $r \geq 2$ and $m_i \geq 1$, we can build a family of graphs of same order n where the distinguishing number depends on divisors of n . The main idea of constructing such graphs consists of partitioning the vertex set into modules of same size. The circulant graphs are well privileging structure. One may ask if we can construct such family of circulant graphs with smaller order?

For instance, we can improve in Theorem 2 the order n of $(C(m_i, p_i))_i$ for $i =$

$$1, \dots, r, \text{ by taking } n = \frac{\prod_{i=1}^r m_i}{\gcd(m_i, \prod_{j < i} m_j)}.$$

References

1. M. O. Albertson and K. L. Collins. Symmetry breaking in graphs. *Electronic J. of Combinatorics*. **3**(1996),# R18.
2. B. Bogstad and L. Cowen. The distinguishing number of hypercubes. *Discrete Mathematics*. **383**(2004),29–35, .
3. C. T. Cheng. On computing the distinguishing numbers of trees and forests. *Electronic J. of Combinatorics*. **13**(2011),# R11.
4. K. L. Collins and A. N. Trenk. The Distinguishing Chromatic Number. *Electronic J. of Combinatorics*. **13**(2006),# R16.
5. M. J. Fisher and G. Isaak. Distinguishing colorings of Cartesian products of complete graphs. *Discrete Mathematics*. **308**(2008),2240–2246.
6. M. J. Fisher and G. Isaak. Distinguishing numbers of Cartesian products of multiple complete graphs. *PARS Mathematica Comptemporanea*. **5**(2012),159–170.
7. S. Gravier, J. Jerebic and M. Mollard. Distinguishing number of some circulant graphs. *Manuscript*. 2010.
8. W. Imrich, J. Jerebic and S. Klavžar. The distinguishing number of Cartesian products of complete graphs. *European. J. Combin.***45**(2009), 175–188.
9. W. Imrich and S. Klavžar. Distinguishing Cartesian powers of graphs. *J. Graph Theory*.**53**(2006),250–260.
10. S. Klavžar and X. Zhu. Cartesian powers of graphs can be distinguished by two labels. *European J. Combinatorics*.**28** (2007) 303–310.
11. K. S. Potanka. Groups, Graphs and Symmetry Breaking. Masters Thesis, Virginia Polytechnic Institute and State University, 1998.

12. F. Rubin. Problem 729 in *J. Recreational Math.* **Volume 11** (*Solution in Vol.12, 1980*)(1979),128.
13. J. Tymoczko. Distinguishing number for graphs and groups. *Electronic J. Combinatorics*, **11(1)**(2004),# R63.(Also available at arXiv:math.CO/0406542.).
14. X. Zhu and T. L. Wong. Distinguishing labeling of group actions. *Discrete Mathematics, Vol 309.* **6** (2009),1760–1765.

Intelligence Artificielle II

Une nouvelle méthode de détection et de suivi multi cibles dans un système de vidéosurveillance

Brahim Farou¹, Houssam Eddine Rouabhia¹, Hamid Seridi¹, and Herman Akdag²

¹ LabSTIC, University of 8 MAI 1945-Guelma, POB 401, 24000 Guelma, Algeria
farou@ymail.com,
rouabhia.h@gmail.com,
seridihamid@yahoo.fr
<http://http://www.labstic.com/>

² LIASD, Paris 8 University, 93526 Saint-Denis, France
Herman.akdag@ai.univ-paris8.fr
<http://www.ai.univ-paris8.fr/~akdag/>

Résumé Nous avons proposé dans ce papier un système de suivi des objets en mouvement à travers une caméra fixe. Le système utilise une combinaison entre la classification, l'apprentissage et le suivi. L'apprentissage en ligne, avec les données étiquetées et les données non étiquetées, a permis d'augmenter la fiabilité du classifieur grâce à un mécanisme adaptatif et dynamique pour la gestion du changement de postures des objets en mouvement. Le module de suivi est un filtre à particule qui utilise les estimations de Kalman pour prédire les prochains emplacements possibles des objets en mouvement. Nous avons choisi comme méthode de classification l'algorithme K plus proches voisins qui permet par conception, la possibilité d'effectuer un apprentissage adaptatif en ligne des paramètres du classifieur. Afin d'alléger le processus de suivi, nous avons utilisé les caractéristiques géométriques comme un critère de discrimination des objets en mouvement. Ces primitives se résument dans le calcul du centre de gravité, l'histogramme de couleur, la taille de la composante connexe et l'utilisation des contours de l'objet. Les résultats obtenus sur des bases de données publiques et privées ont montré l'efficacité et la robustesse de notre système dans des conditions aléatoires et sans aucune connaissance a priori sur la nature des objets suivis.

Keywords: Vidéosurveillance, Kalman, Suivi, Extraction de l'arrière-plan, Vision par machine

1 Introduction

Le suivi est une tâche qui permet d'estimer les mouvements d'un objet. Les Traqueurs supposent généralement que l'objet est visible tout au long de la séquence. Plusieurs représentations des objets ont été utilisées dans l'état de l'art. Parmi ces représentations, nous citons : les approches basées sur un point [19,27,26], les approches qui utilisent les modèles articulés [29,24,8], les méthodes basées contour [6,15,5] et finalement les méthodes qui utilisent le flot optique pour estimer les mouvements des objets.

Nous allons nous intéresser dans ce papier aux méthodes qui représentent l'objet par leurs formes géométriques. L'estimation de leur mouvement est basée sur les informations contenues dans les frames successifs appelés suivis frame par frame. Le suivi basé

modèle est parmi les approches les plus efficaces dans ce type de scénario. L'objet étant décrit par un modèle cible qui représente généralement une partie de l'image ou l'utilisation d'un histogramme de couleur. Tandis que le mouvement est défini en tant qu'une transformation qui permet de minimiser le degré de dissemblance entre le modèle cible et le bloc candidat.

Le suivi basé sur un modèle peut être effectué soit d'une manière statique [10] ou adaptative [19]. Dans le premier cas, le modèle cible ne change pas de caractéristiques à travers le temps. Le modèle adaptatif est utilisé dans le cas où le modèle cible est reconstruit à partir des frames précédents. On trouve également des approches hybrides qui utilisent les modèles statiques et les modèles adaptatifs pour le suivi des objets en mouvement [21,11,23]. D'autres types d'approches utilisent un processus qui permet une reconnaissance partielle pour les parties, de l'objet, dites fiables du modèle tel que le visage [16,1]. Les approches basées sur un modèle ont limité les capacités de représentation des objets, car ils permettent de modéliser qu'un seul aspect de l'objet. Pour modéliser plus de variations d'apparence, les modèles génératifs ont été proposés. Les modèles génératifs sont construits soit en mode hors ligne [7] ou lors de l'exécution [25,17] du suivi.

Les modèles de suivi génératif modélisent uniquement l'apparence de l'objet. Cette restriction échoue, dans la plupart des cas, dans le suivi dans les environnements encombrés. Afin de remédier à ce problème, les méthodes de suivi actuelles offrent également la possibilité de modéliser les environnements dans lesquels les objets se déplacent. On trouve dans la littérature deux variantes pour la modélisation de l'environnement. La première méthode essaye de chercher l'environnement qui est en corrélation avec l'objet d'intérêt et qui permet de supporter le mouvement de l'objet [30,14]. Ces supports sont utilisés pour aider le système de suivi à retrouver les objets disparus de la caméra ou lorsque les objets suivis subissent des transformations difficiles à modéliser.

Dans la seconde variante, l'environnement est considéré comme une classe négative contre laquelle le système doit effectuer une discrimination. L'idée la plus intuitive est de construire un classificateur binaire qui représente la limite de décision entre l'objet et son arrière-plan. Les modèles discriminatifs statiques [2] effectuent l'apprentissage des classificateurs avant l'exécution du suivi. Cette démarche peut être utilisée uniquement dans les applications qui ont une connaissance a priori parfaite des objets en mouvement. Les modèles dits adaptatifs [9,3,12,4] effectuent une construction et un apprentissage en ligne des classificateurs.

La phase principale dans ce type de méthode est la mise à jour des paramètres. En effet, le voisinage de l'emplacement actuel est utilisé comme un échantillon positif pour l'apprentissage du classificateur tandis que les régions qui se trouvent autour du voisinage sont utilisées comme échantillon d'apprentissage négatif. Ce processus est utilisé pour la mise à jour des paramètres du classificateur et cela pour chaque nouvelle frame. Cette stratégie de mise à jour a démontré son efficacité face au grand changement d'apparence, aux occlusions à court terme et par rapport aux environnements relativement encombrés. Cependant, ces méthodes souffrent également de quelques défauts relatifs au mouvement et à la présence de l'objet. En effet, lorsque les mouvements d'un objet se caractérisent par une vitesse lente en continu d'un endroit à l'autre, le classificateur converge vers l'apparence actuelle et efface totalement tous les modèles appris précé-

demment. Ce cas de figure est similaire à un apprentissage avec un seul exemple pendant plusieurs itérations (sur apprentissage). Le deuxième défaut se présente lorsque l'objet quitte la scène pour une période plus longue que prévu. Pour résoudre ces problèmes, la mise à jour du classifieur a été conditionnée par un autre classifieur auxiliaire dans lequel l'apprentissage a été effectué dans le premier frame [12] ou par l'apprentissage d'une paire de classifieurs totalement indépendant [28,31].

Les méthodes citées précédemment utilisent un apprentissage hors ligne ce qui est totalement contradictoire avec la nature dynamique des objets en mouvement et celle de la vidéo. En contrepartie, les approches adaptatives ont également utilisé des combinaisons entre la classification, l'apprentissage et le suivi [4,13,28]. En effet, ces systèmes utilisent un suivi en se basant sur un apprentissage en ligne des classifieurs pour séparer entre les objets en mouvement et l'arrière-plan. Malheureusement, ces méthodes n'ont pas donné des résultats satisfaisants malgré la nature dynamique des modèles proposée. Cette limitation est due à l'utilisation d'un seul processus qui permet de réaliser en même temps toutes les combinaisons.

2 Propositions et Architectures

La combinaison de la classification, de l'apprentissage et du suivi dans un contexte dynamique est une solution qui semble parfaite pour un système de suivi des objets en mouvement. Cependant, malgré les combinaisons réalisées dans l'état de l'art, les approches existantes n'ont pas réussi à tirer le maximum d'avantage de la puissance de cette combinaison. Pour cela, nous avons proposé un système qui permet à la fois de réaliser la classification, l'apprentissage et le suivi des objets en mouvement dans une vidéo de surveillance.

Notre système se distingue par rapport aux autres méthodes proposées par une architecture parallèle qui permettent de réaliser les trois tâches séparément et efficacement pour tirer le meilleur de cette combinaison. En effet, le classifieur est dans un apprentissage permanent ce qui le rend performant par rapport aux changements de posture des objets en mouvement dans la scène. Le classifieur envoie les nouveaux changements de posture ayant un grand degré de confiance comme de nouvelles données d'apprentissage. Cet aspect cyclique oblige le système à s'adapter avec tous les changements de posture possibles. Le suivi étant la principale tâche, tire les avantages acquis et les propositions des classifieurs pour trouver et tracer les chemins utilisés par un objet en mouvement détecté. En cas d'occlusion ou de collision de deux ou plusieurs objets, le système utilise les informations estimées des trajectoires des objets en mouvement par le module de suivi pour corriger et parfois annuler le processus d'apprentissage. Les résultats attribués par le module d'extraction de l'arrière-plan permettent au classifieur de ne pas tomber dans une fausse classification ce qui augmente considérablement les capacités du système à s'adapter avec l'environnement.

Dans notre système, nous avons utilisé un algorithme de suivi au niveau de l'objet. Autrement dit, le système ne suit pas les parties d'un objet, telles que les membres d'un être humain, mais suit l'objet dans son ensemble d'un frame à un autre. Les informations extraites par le module de suivi sont adéquates pour la plupart des applications de vidéosurveillance.

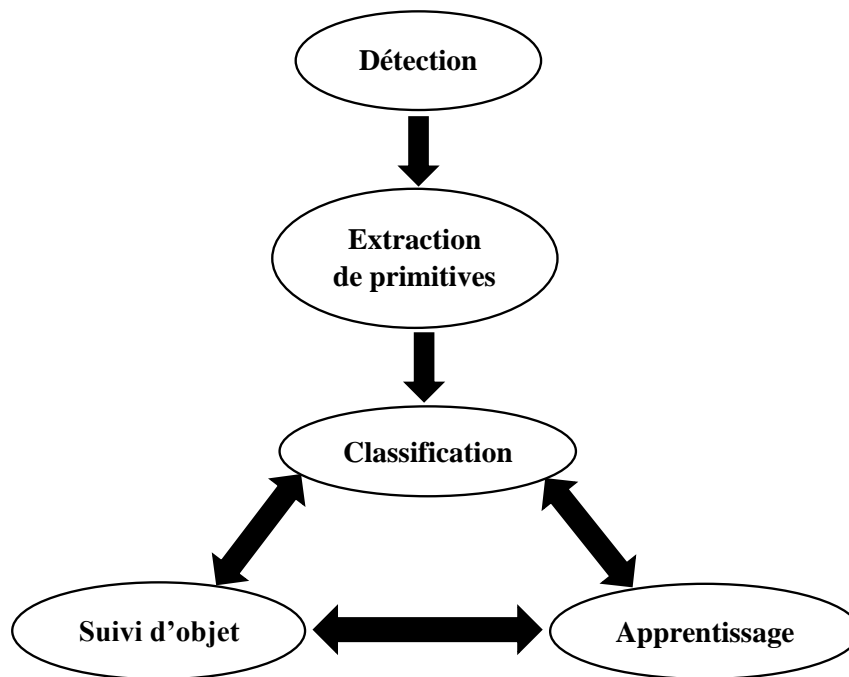


FIGURE 1. Processus dynamique et adaptatif de suivi

La méthode de suivi que nous avons développée est inspirée par les différentes études présentées dans l'état de l'art. Notre approche utilise les caractéristiques de l'objet telles que la taille, le centre de masse, la boîte englobante et la couleur de l'histogramme pour établir une correspondance entre les objets dans les frames consécutifs. En outre, notre algorithme de suivi détecte les occlusions des objets et distingue dans la plupart des cas l'identité des objets après une opération de division des objets occlus. En analysant les informations de trajectoire des objets, notre système de suivi est capable de détecter également les objets qui ont quitté la scène.

2.1 Extraction des caractéristiques

Après avoir segmenté l'image en un ensemble de composantes connexes dans l'étape de détection, nous allons maintenant extraire les caractéristiques des objets correspondants à partir de l'image actuelle. Ces caractéristiques sont la taille (S), le centre de gravité (C_g), l'histogramme de couleur (H_c) et la silhouette du contour de l'objet. Le calcul de la taille de l'objet est une opération triviale effectuée par un simple comptage du nombre de pixels de chaque objet potentiel contenu dans la boîte englobante.

Calcul du centre de gravité Soit $C_g = (X_{C_g}, Y_{C_g})$ le centre de gravité d'un objet O . Le calcul de ce centre s'effectue selon l'équation suivante :

$$X_{C_g} = \frac{\sum_i^n x_i}{n}, \quad Y_{C_g} = \frac{\sum_i^n y_i}{n} \quad (1)$$

Où n représente le nombre de pixels dans l'objet O . Le centre de gravité est une information très importante lorsqu'elle est couplée à d'autres caractéristiques telles que le contour. En effet, la distance entre le centre de gravité et les différents points du contour permet non seulement de reconstruire une géométrie détaillée de l'objet, mais permet également de compléter les informations sur la posture de ce dernier.

Calcul de l'histogramme de couleur L'histogramme de couleur, H_c est calculé sur des valeurs d'intensité monochrome des pixels de l'objet dans l'image actuelle. Nous avons effectué une opération de quantification afin de réduire la complexité des opérations de calcul sur l'histogramme. Soit N , le nombre d'intervalles dans l'histogramme, chaque intervalle va contenir $255/N$ couleur. Le calcul de l'histogramme est effectué de façon itérative sur l'objet O en incrémentant les valeurs de chaque couleur mémorisée correspondant à chaque intervalle de l'histogramme de couleur. En général, les histogrammes ne permettent pas une bonne discrimination vu que plusieurs objets peuvent avoir des couleurs similaires. Cependant, l'architecture du système proposé qui utilise les informations de suivi pour la classification permet de corriger cette inefficacité, car la détection et l'extraction des objets en mouvement ne se basent pas sur les caractéristiques, mais elles sont effectuées dans les étapes précédentes par des mécanismes beaucoup plus sophistiqués.

Extraction de la silhouette de l'objet L'utilisation de la silhouette de l'objet est parmi les caractéristiques les plus utilisées pour modéliser les objets. Cette caractéristique est porteuse à elle seule de nombreuses informations (dimension, allure, etc.) en utilisant uniquement une fine partie des points de l'objet ce qui rend une telle caractéristique très sollicitée pour un usage en temps réel vu que le système traite uniquement les contours de l'objet au lieu de traiter tous les pixels de l'objet. Nous avons utilisé les informations de contour par le biais de l'algorithme de Canny. L'utilisation de ce filtre a allégé considérablement le temps d'exécution de l'étape de l'extraction des caractéristiques qui prend dans la plupart des systèmes proposés dans la littérature un temps non négligeable par rapport aux autres modules du système.

2.2 Classification

La Classification ou reconnaissance de classes est une branche de l'intelligence artificielle qui fait largement appel aux techniques d'apprentissage automatique et aux statistiques. C'est un ensemble de techniques et méthodes visant à identifier des formes à partir de données brutes afin de prendre une décision dépendant de la catégorie attribuée à cette forme.

Les contraintes de vitesse d'exécution liée au système de vidéosurveillance nous ont obligés à utiliser un très simple algorithme de classification pour la reconnaissance

et l'identification de l'objet. Nous avons implémenté l'algorithme des K Plus Proches Voisins. Le nombre de classes varie selon la présence de chaque nouvelle posture détectée. Une suppression est également appliquée lorsqu'une classe n'est plus sollicitée pendant un laps de temps déterminer empiriquement par 100 frames. Effectivement, un objet en mouvement peut carrément sortir de la scène et dans ce cas-là, les informations de ce dernier ne seront plus utilisables et si le même objet réapparaît dans la scène, le système va le considéré comme une nouvelle entité. Cette procédure de suppression permet de réduire l'espace mémoire occupée par le système.

2.3 Apprentissage

Nous allons aborder dans cette section l'algorithme d'apprentissage. L'objectif est d'améliorer les performances du système de classification et de reconnaissance en utilisant un apprentissage en ligne. Pour chaque nouveau frame de la vidéo, nous allons évaluer la reconnaissance, le taux d'erreur commis par le classifieur ainsi que le processus de mise à jour pour éviter ces erreurs dans les frames suivants. Pour cela, nous avons utilisé deux types d'erreurs à savoir : les faux positives et les faux négatives. Nous avons également utilisé deux ensembles de données d'apprentissage. L'un est étiqueté et l'autre non étiqueté.

La tâche de l'algorithme proposé est de réaliser l'apprentissage du classifieur par les données étiquetées, ensuite, d'améliorer ses performances avec des données non étiquetées. Les données étiquetées représentent les postures ayant déjà été reconnues par le classifieur tandis que les données non étiquetées représentent les données acquises par le module de suivi. Lorsqu'un objet entre dans la scène pour la première fois, le classifieur n'a aucune classe a priori pour lui. Ce cas est considéré comme une initialisation de classe de l'objet en cours de traitement. Dans le prochain frame, le même objet aura une représentation quasi similaire avec lequel le classifieur va réaliser une tentative de reconnaissance grâce à la base d'apprentissage

Afin de pouvoir détecter et corriger les erreurs commises par le classifieur, nous avons devisé les données non étiquetées en deux parties selon la classification actuelle. L'idée principale est de réinjecter les données non étiquetées mal classées avec une nouvelle estimation et une étiquette en utilisant les informations obtenues du suivi. L'algorithme étant itératif permet de réadapter le classifieur afin de ne plus commettre les mêmes erreurs dans les frames suivants.

2.4 Suivi d'objets

Cette section présente la mise en place du filtrage prédictif pour l'estimation de mouvement.

Modélisation et initialisation La configuration d'un objet est représentée par son vecteur d'état contenant sa position actuelle et son vecteur de vitesse. A l'instant t , le

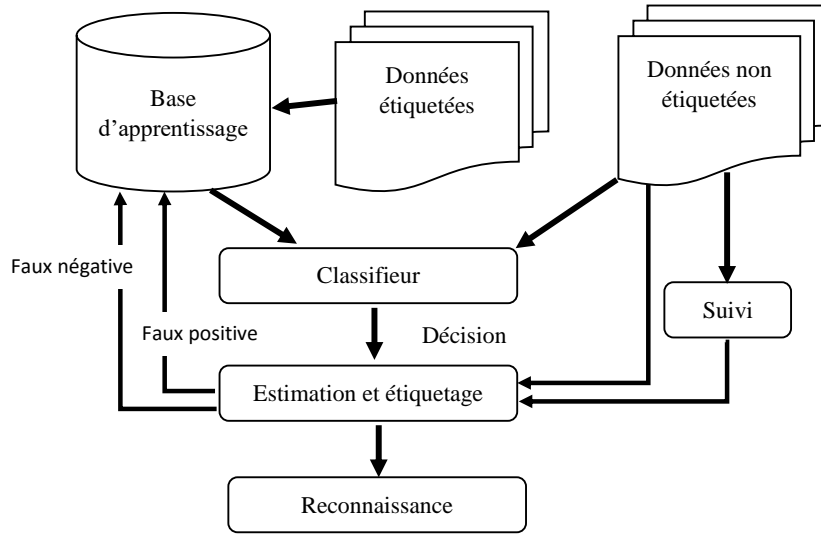


FIGURE 2. Schéma du processus d'apprentissage et de décision

vecteur d'état X_t^o pour un objet s'écrit selon l'équation suivante :

$$X_t = \begin{bmatrix} x_t \\ y_t \\ \bar{x}_t \\ \bar{y}_t \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & \Delta_t & 0 \\ 0 & 1 & 0 & \Delta_t \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} x_{t-1} \\ y_{t-1} \\ \bar{x}_{t-1} \\ \bar{y}_{t-1} \end{bmatrix} + \Delta_t \cdot \begin{bmatrix} \frac{1}{2} \bar{\bar{x}}_{t-1} \Delta_t \\ \frac{1}{2} \bar{\bar{y}}_{t-1} \Delta_t \\ \bar{x}_{t-1} \\ \bar{y}_{t-1} \end{bmatrix} \quad (2)$$

Où (x, y) , (\bar{x}_t, \bar{y}_t) , $(\bar{\bar{x}}_t, \bar{\bar{y}}_t)$ représente respectivement les coordonnées actuelles de l'objet, le vecteur de vitesse et le vecteur d'accélération de l'objet. Δ_t représente l'intervalle de temps entre deux prédictions consécutives.

Evolution linéaire du vecteur d'état La description de l'évolution du vecteur d'état est effectuée via l'algorithme de Kalman. Pour cela, un modèle autorégressif de mouvement est défini. L'état estimé d'un objet est une extrapolation linéaire de l'état précédent à laquelle est ajouté un bruit gaussien représentant l'incertitude du modèle. Ceci revient à considérer le vecteur d'accélération $(\bar{\bar{x}}_t, \bar{\bar{y}}_{t-1})$ comme étant un bruit blanc gaussien noté w_t et centré en zéro. L'équation précédente peut être réécrite de la manière suivante :

$$X_t = F_{t-1} \cdot X_{t-1} + W_t \quad (3)$$

Mesure de l'observation Les équations de mesures traduisent la relation entre l'observation et le vecteur d'état. Le vecteur d'observation est composé des positions x et y auxquelles est ajouté un bruit de mesure supposé gaussien.

3 Tests et Résultats

L'évaluation des performances est effectuée sur un ensemble de vidéos issues d'acquisitions de scènes dans des conditions réelles. Parmi ces vidéos, des séquences ont été sélectionnées pour l'évaluation des performances représentant certaines conditions particulières.

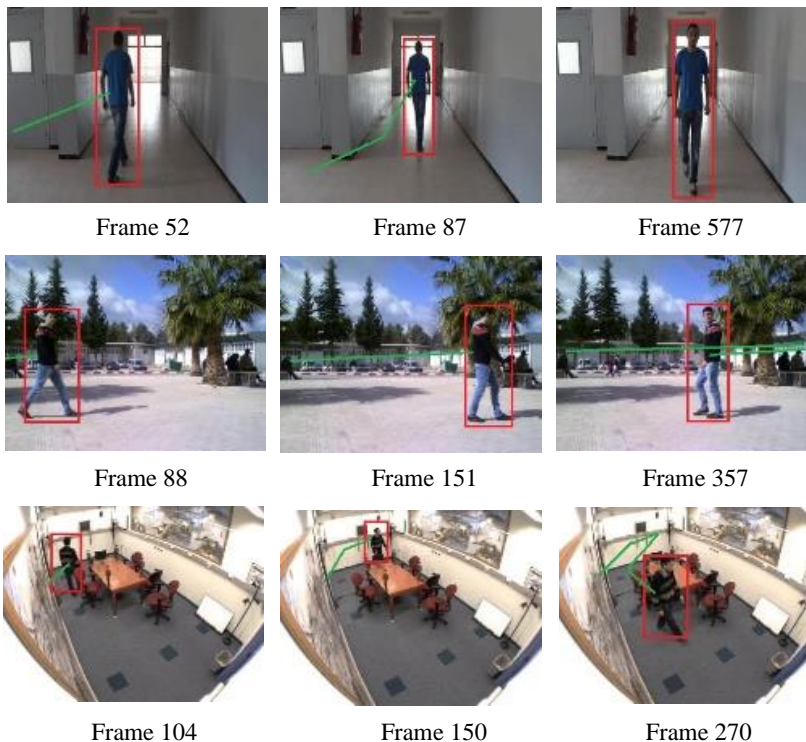


FIGURE 3. Résultats du suivi sur des scènes monocible

Nous avons choisi des bases de données vidéos prises à partir de différents contextes en tenant compte des fluctuations de l'intensité lumineuse, la richesse avec des objets, le nombre et le type d'objet, les mouvements provoqués par des éléments de la nature, tels que : les nuages, la poussière, les bruits et les mouvements de la caméra.

Pour évaluer les performances du système, nous avons utilisé en plus de nos bases de données, des trois bases de données publiques.

La première (DBA) contient six vidéos marquées A1, A2 ... A6 prises dans quatre environnements représentant respectivement : Campus, Highway I, Highway I2, Highway II, Intelligent room, Laboratory [22].

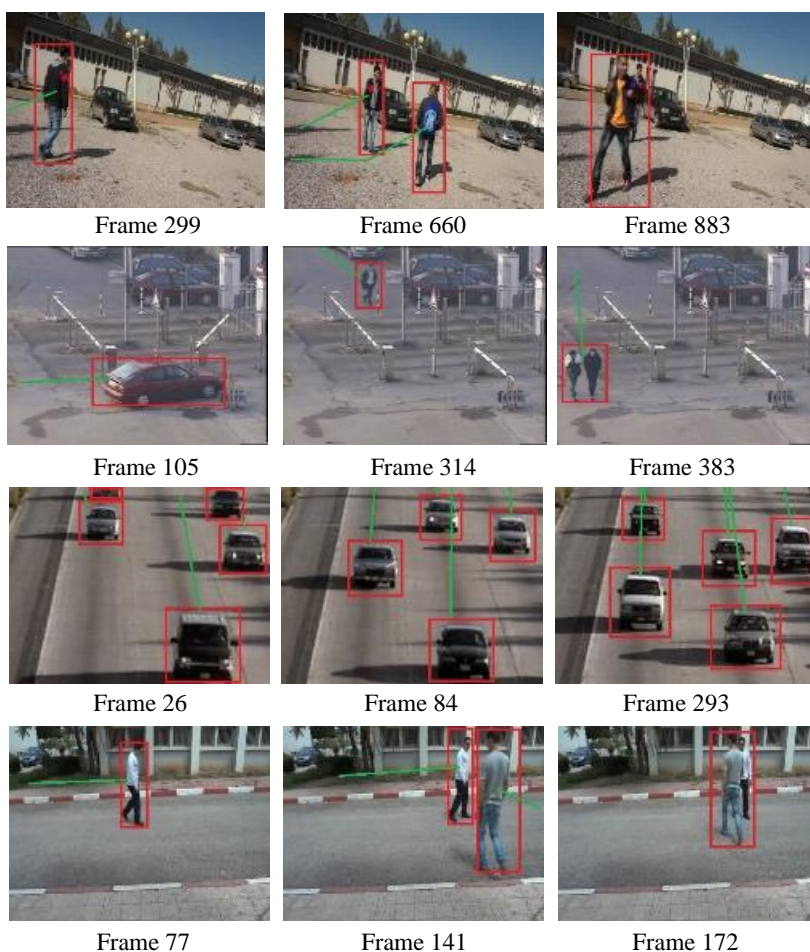


FIGURE 4. Résultats du suivi sur des scènes multicibles

La deuxième (DBB) est constituée de neuf vidéos marquées B1, B2 ... B9 représentant respectivement Bootstrap, Campus, Curtain, Escalator, Fountain, Hall, Lobby, Shopping Mall et Water surface [20]. La troisième (DBC) contient deux vidéos marquées C1, C2 représentant respectivement Hallway, Highway III [18]. Notre base de données (DBD) est constituée de six environnements marqués D1, D2 ... D6 représentant respectivement Campus, Hallway I, Highway IV, Public Park, Garden et a living room où chaque environnement est pris avec au moins trois vidéos avec des perspectives différentes. Nous avons sélectionné des frames aléatoires pour présenter les résultats du suivi. Les vidéos utilisées pour l'évaluation se différencient par rapport à l'environnement

en question, par rapport au nombre d'objets en mouvement et par rapport à la nature des trajectoires des objets. Les cadres colorés en rouge représentent l'objet suivi tandis que le trait vert représente la trajectoire mémorisée du même objet à travers les frames précédents.

Les figures 3 et 4 montrent, respectivement, les résultats obtenus dans le cas d'une seule cible et dans le cas de plusieurs cibles. La figure 4 contient les situations les plus difficiles dans le suivi des objets en mouvement à savoir les collisions et la fusion des objets en mouvements.

4 Conclusion

Nous avons présenté dans ce papier les différentes modalités relatives à l'analyse comportementale des objets en mouvement. Nous avons commencé par un petit aperçu sur les méthodes qui ont des points communs avec les algorithmes proposés dans notre système. Nous avons ensuite présenté l'architecture globale du système et essayé de détailler chaque processus.

Pour aboutir à un système de suivi performant, nous avons proposé une combinaison entre la classification, l'apprentissage et le suivi. L'utilisation de cette combinaison a permis de contourner les problèmes les plus difficiles du suivi tels que la gestion des occlusions et la fusion des objets en mouvement.

L'apprentissage en ligne, avec les données étiquetées et les données non étiquetées, a permis d'augmenter la fiabilité du classifieur grâce à un mécanisme adaptatif et dynamique pour la gestion du changement de postures des objets en mouvement. En effet, les estimations des emplacements obtenus par l'algorithme de suivi des objets en mouvement ont permis au classifieur de corriger certaines décisions mal prises et d'utiliser ces informations pour éviter une erreur de classification dans les frames suivants.

Le module de suivi est un filtre à particule qui utilise les estimations de Kalman pour prédire les prochains emplacements possibles des objets en mouvement. Nous avons choisi comme méthode de classification l'algorithme *K Plus Proches Voisins* qui permet par conception, la possibilité d'effectuer un apprentissage en ligne adaptatif des paramètres du classifieur.

Afin d'alléger le processus de suivi, nous avons utilisé les caractéristiques géométriques comme un critère de discrimination des objets en mouvement. Ces primitives se résument dans le calcul du centre de gravité, l'histogramme de couleur, la taille de la composante connexe et l'utilisation des contours de l'objet. Nous avons également mis en point une stratégie pour assurer à la fois une cohérence temporelle et une cohérence structurelle afin de maximiser les performances du système de suivi. La cohérence structurelle est assurée par l'analyse des histogrammes de contour tandis que l'analyse temporelle est assurée par un travail collaboratif entre le module de détection, le classifieur et le module de suivi.

Références

1. Adam, A., Rivlin, E., Shimshoni, I. : Robust fragments-based tracking using the integral histogram. In : Computer vision and pattern recognition, 2006 IEEE Computer Society Conference on. vol. 1, pp. 798–805. IEEE (2006)
2. Avidan, S. : Support vector tracking. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on 26(8), 1064–1072 (2004)
3. Avidan, S. : Ensemble tracking. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on 29(2), 261–271 (2007)
4. Babenko, B., Yang, M.H., Belongie, S. : Visual tracking with online multiple instance learning. In : Computer Vision and Pattern Recognition, 2009. CVPR 2009. IEEE Conference on. pp. 983–990. IEEE (2009)
5. Bibby, C., Reid, I. : Real-time tracking of multiple occluding objects using level sets. In : Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2010 IEEE Conference on. pp. 1307–1314. IEEE (2010)
6. Birchfield, S. : Elliptical head tracking using intensity gradients and color histograms. In : Computer Vision and Pattern Recognition, 1998. Proceedings. 1998 IEEE Computer Society Conference on. pp. 232–237. IEEE (1998)
7. Black, M.J., Anandan, P. : The robust estimation of multiple motions : Parametric and piecewise-smooth flow fields. Computer vision and image understanding 63(1), 75–104 (1996)
8. Buehler, P., Everingham, M., Huttenlocher, D.P., Zisserman, A. : Long term arm and hand tracking for continuous sign language tv broadcasts. In : Proceedings of the 19th British Machine Vision Conference. pp. 1105–1114. BMVA Press (2008)
9. Collins, R.T., Liu, Y., Leordeanu, M. : Online selection of discriminative tracking features. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on 27(10), 1631–1643 (2005)
10. Comaniciu, D., Ramesh, V., Meer, P. : Kernel-based object tracking. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on 25(5), 564–577 (2003)
11. Dowson, N.D., Bowden, R. : Simultaneous modeling and tracking (smat) of feature sets. In : Computer Vision and Pattern Recognition, 2005. CVPR 2005. IEEE Computer Society Conference on. vol. 2, pp. 99–105. IEEE (2005)
12. Grabner, H., Bischof, H. : On-line boosting and vision. In : Computer Vision and Pattern Recognition, 2006 IEEE Computer Society Conference on. vol. 1, pp. 260–267. IEEE (2006)
13. Grabner, H., Leistner, C., Bischof, H. : Semi-supervised on-line boosting for robust tracking. In : Computer Vision–ECCV 2008, pp. 234–247. Springer (2008)
14. Grabner, H., Matas, J., Van Gool, L., Cattin, P. : Tracking the invisible : Learning where the object might be. In : Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2010 IEEE Conference on. pp. 1285–1292. IEEE (2010)
15. Isard, M., Blake, A. : Condensation–conditional density propagation for visual tracking. International journal of computer vision 29(1), 5–28 (1998)
16. Jepson, A.D., Fleet, D.J., El-Maraghi, T.F. : Robust online appearance models for visual tracking. Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on 25(10), 1296–1311 (2003)
17. Kwon, J., Lee, K.M. : Visual tracking decomposition. In : Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 2010 IEEE Conference on. pp. 1269–1276. IEEE (2010)

18. Li, L., Huang, W., Gu, I.Y.H., Tian, Q. : Statistical modeling of complex backgrounds for foreground object detection. *Image Processing, IEEE Transactions on* 13(11), 1459–1472 (2004)
19. Lucas, B.D., Kanade, T., et al. : An iterative image registration technique with an application to stereo vision. In : *IJCAI*. vol. 81, pp. 674–679 (1981)
20. Martel-Brisson, N., Zaccarin, A. : Learning and removing cast shadows through a multidistribution approach. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on* 29(7), 1133–1146 (2007)
21. Matthews, I., Ishikawa, T., Baker, S. : The template update problem. *IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence* (6), 810–815 (2004)
22. Prati, A., Mikic, I., Trivedi, M.M., Cucchiara, R. : Detecting moving shadows : Formulation, algorithms and evaluation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 25, 2003 (2003)
23. Rahimi, A., Morency, L.P., Darrell, T. : Reducing drift in differential tracking. *Computer Vision and Image Understanding* 109(2), 97–111 (2008)
24. Ramanan, D., Forsyth, D., Zisserman, A., et al. : Tracking people by learning their appearance. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on* 29(1), 65–81 (2007)
25. Ross, D.A., Lim, J., Lin, R.S., Yang, M.H. : Incremental learning for robust visual tracking. *International Journal of Computer Vision* 77(1-3), 125–141 (2008)
26. Sand, P., Teller, S. : Particle video : Long-range motion estimation using point trajectories. *International Journal of Computer Vision* 80(1), 72–91 (2008)
27. Shi, J., Tomasi, C. : Good features to track. In : *Computer Vision and Pattern Recognition, 1994. Proceedings CVPR'94., 1994 IEEE Computer Society Conference on*. pp. 593–600. IEEE (1994)
28. Tang, F., Brennan, S., Zhao, Q., Tao, H. : Co-tracking using semi-supervised support vector machines. In : *Computer Vision, 2007. ICCV 2007. IEEE 11th International Conference on*. pp. 1–8. IEEE (2007)
29. Wang, L., Hu, W., Tan, T. : Recent developments in human motion analysis. *Pattern recognition* 36(3), 585–601 (2003)
30. Yang, M., Wu, Y., Hua, G. : Context-aware visual tracking. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on* 31(7), 1195–1209 (2009)
31. Yu, Q., Dinh, T.B., Medioni, G. : Online tracking and reacquisition using co-trained generative and discriminative trackers. In : *Computer Vision–ECCV 2008*, pp. 678–691. Springer (2008)

Vers une Approche Collective et Collaborative pour la Détection des Malwares

Mohamed Belaoued and Smaine Mazouzi

Département d'Informatique,
Université du 20 Aout 1955-Skikda, Algérie
belaoued.mohamed@gmail.com, mazouzi_smaine@yahoo.fr

Abstract. De nos jours, les malwares sont devenus l'arme de choix pour mener des attaques visant à porter atteinte à la sécurité des systèmes informatiques. Il existe sur le marché un très grand nombre d'outils anti-malwares, cependant aucun outil n'est parvenu à lui seul à fournir un degré de protection optimal contre ce type de menaces. Cela est dû à plusieurs facteurs tels que le nombre important de malwares circulant sur internet, ainsi que la constante évolution de ces derniers qui deviennent de plus en plus difficiles à maîtriser. Dans ce papier, nous proposons une approche basée sur les systèmes multi-agents (SMA) pour la détection coopérative et collaborative des malwares. Notre approche va permettre à des outils de détection de malwares de natures hétérogènes, déployés sur un réseau large échelle, de collaborer entre eux afin d'aboutir à une décision consensuelle sur la présence ou pas d'une attaque par malware.

Keywords: Détection des malwares, Approche Collective, Collaboration, Décision Consensuelle, Systèmes Multi-Agents

1 Introduction

Malware (abréviation pour Malicious Software, et qui signifie logiciel malveillant) est un terme générique utilisé pour définir tout logiciel pouvant causer un préjudice intentionnel à un ordinateur, accéder à un dispositif sans le consentement de son utilisateur, ou recueillir des informations privées d'une tierce personne. Les malwares restent à l'origine de la majorité des attaques informatiques [5]. Il existe une grande variété de malwares tels que les virus, les vers, les chevaux de Troie, .etc. Le nombre de nouveaux malwares découverts ne cesse d'accroître d'année en année. Durant l'année 2015 plus de 145 millions de nouveaux malwares ont été découverts, contre 140 millions en 2014 et près de 80 millions en 2013 ¹. Il existe sur le marché de la sécurité informatique un très grand nombre d'outils anti-malwares. Cependant, aucun outil n'a pu fournir une protection totale contre ce type de menaces et cela est dû principalement à:

1. Le temps moyen requis pour un anti-malware pour être en mesure de détecter les nouvelles menaces peut varier de quelques heures à plusieurs semaines

¹ <https://www.av-test.org/fr/>

- [8]. Vu le nombre de malwares découverts chaque jour, des outils d'analyse fonctionnant d'une façon isolée peuvent être facilement submergés.
2. Chaque outil possède sa propre méthode d'analyse, de ce fait, un outil peut être en mesure de détecter certains malwares, qu'un autre ne détectera pas.
 3. L'utilisation des techniques d'obscurcissement sophistiquées qui rendent les codes malicieux de plus en plus difficile à analyser (voir section 2).

C'est pour cette raison que les chercheurs en sécurité informatique se sont tournés vers des approches dites collaboratives [8, 11, 7, 4], qui ont pour principal but de faire collaborer différents outils afin de fédérer les performances et augmenter la précision de détection d'une menace. Par ailleurs, quand on procède à coupler des sous-systèmes de détection pour les faire coopérer, maintes problèmes sont à résoudre. En premier lieu, et étant donné le polymorphisme élevé qui caractérise les codes malwares (voir section 2), il faut mettre en place un système d'identification universel et de nommage, pour les codes malveillants, nécessaire pour pouvoir faire communiquer des entités distantes dans le but de coopérer à détecter un code malveillant. En second lieu, il faut mettre des mécanismes cohérents d'intégration de l'information et de la connaissance, qui proviennent des différents nœuds, et qui ont souvent des représentations différentes les unes des autres.

Dans ce travail, nous proposons un mécanisme de décision consensuel et distribué pour la détection des malwares basé sur les systèmes multi-agents (SMA). En effet, un ensemble d'agents sera implémenté sur les nœuds d'un réseau. Chaque agent, sur un nœud donné, aura un ensemble de rôles, et réagira à un ensemble d'événements. Notre choix est motivé par le fait que les SMA fournissent d'une façon intuitive les mécanismes de coopération et de collaboration nécessaires pour aboutir à une décision consensuelle. En outre, nous proposons un modèle de signature générique basé sur le code opération (Opcode) extrait à partir du fichier analysé. Qui s'est avéré être très efficace pour l'identification des malwares appartenant à une même famille (malwares métamorphiques).

Ce papier est organisé de la manière suivante: La section 2 sera consacrée aux différentes techniques d'obscurcissement de code, utilisées par les malwares. La section 3 sera dédiée aux travaux similaires existants dans la littérature. La section 4 quant à elle, présentera notre approche proposée pour la détection collaborative des malwares. Dans la section 5, nous présentons une synthèse sur notre approche. Et enfin, la section 6 viendra conclure notre travail en soulignant d'éventuelles perspectives futures.

2 Les techniques d'obscurcissement

Afin de rendre leurs codes malveillants difficiles à analyser et à détecter, les hackers utilisent des méthodes dites d'obscurcissement, on parle alors de malwares métamorphiques, et de malwares polymorphiques [9, 12, 1]. Ces derniers, disposent d'une routine qui a pour but de faire muter le code, ce qui va générer une nouvelle version à chaque exécution du malware. Il existe plusieurs techniques

d'obscurcissement, tels que le renommage de registre (Registry renaming), le remplacement des instructions équivalentes (equivalent instruction replacement), le réagencement d'instructions (instruction reordering), et enfin l'insertion de code poubelle (Junk Code insertion) [12].

2.1 Renommage des registres

Cette technique consiste à remplacer un registre utilisé dans une instruction par un autre registre, tel illustré dans la figure (Fig. 1). Cette technique est efficace dans la mesure où elle est simple à mettre en œuvre et permet de changer le bytecode (binary pattern) du programme. Cependant, la séquence d'Opcodes reste inchangée ce qui la rend plus facile à détecter [6].

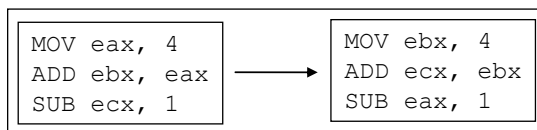


Fig. 1. Exemple d'un renommage de registres [12]

2.2 Remplacement des instructions équivalentes

Cette technique consiste à remplacer une partie des instructions avec d'autres instructions équivalentes. Par exemple `MOV eax, 0`, peut être remplacée par `SUB eax, eax` ou encore `XOR eax, eax`. La figure (Fig. 2) illustre un cas où une seule instruction est équivalente à un ensemble d'instructions.

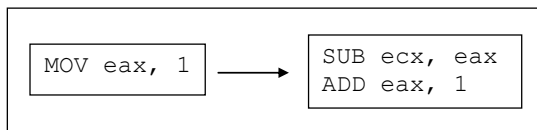


Fig. 2. Exemple d'un remplacement d'instructions équivalentes[12]

2.3 Réagencement d'instructions

Dans ce type de méthodes, l'ordre avec lequel les instructions apparaissent dans le code est modifié. Cela concerne les instructions qui ne dépendent pas du résultat de celles qui les précèdent (Fig. 3). Quand les instructions sont réagencées la signature de celles-ci est rompue cependant l'exécution du programme ne sera pas affectée [12].

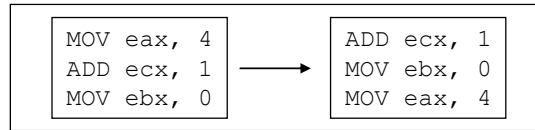


Fig. 3. Exemple d'un réagencement d'instructions [12]

2.4 Insertion de code poubelle

Le code poubelle (ou code mort) est un code qui ne sera jamais exécuter ou qui n'affecte pas l'exécution du programme. Ce type d'instructions telles que `MOV eax, eax` et `ADD eax, 0` et `SUB eax, 0` seront insérées dans le code lors du processus de mutation du malware, ce qui va permettre de modifier sa signature.

3 Travaux similaires

Dans ce qui suit de cette section, nous survolerons quelques travaux récents ayant proposé des approches collaboratives pour la détection des malwares, et ce, afin que nous nous situons par rapport à ces travaux, et nous montrons par la suite, la particularité de notre travail, et la contribution qui nous y est propre.

Oberheide et al. [8] présentent une approche centralisée pour la détection collaborative des malwares basée sur la technologie du Cloud Computing² (en français informatique nuagique). L'approche proposée permet ainsi d'analyser un fichier suspect à l'aide de plusieurs outils antivirus installés au niveau du Cloud. En effet, des agents locaux fonctionnant sur des appareils mobiles, agissent tels des programmes anti-virus en procédant au contrôle de l'activité des fichiers sur le système. Si un fichier identifié n'est pas disponible dans le cache des fichiers précédemment analysés, il sera envoyé au service réseau au niveau du Cloud. Le service réseau est responsable de la vérification des fichiers, et permet de déterminer si un fichier est malveillant ou non. L'utilisation en parallèle de moteurs antivirus multiples a permis d'améliorer la précision de détection.

RAVE [11], est l'acronyme pour Replicated Antivirus for Email infrastructures, qui signifie *moteur antivirus répliqué pour infrastructures de courriel*. Ce dernier est un système centralisé pour la détection collaborative des malwares qui est déployé au niveau du réseau local se situant entre le réseau internet et l'infrastructure de courriel. Rave est composé d'un ensemble d'agents appelés *répliques*. Ces répliques comportent deux éléments qui sont le *Payload* et le *Wormhole*. Le premier se charge d'analyser les fichiers à l'aide d'un outil antivirus à la recherche de logiciels malveillants. Le second quant à lui, a pour but de collecter les résultats d'analyse du *Payload* et d'envoyer le résultat via courriel aux autres 'répliques'. Le système dispose aussi d'une entité centrale appelée *Wormhole maitre* qui a

² Le Cloud Computing permet d'exploiter des ressources informatiques via des serveurs distants par l'intermédiaire du réseau internet.

pour but la collecte des résultats de l'analyse des différents agents et la prise de décision. Cette dernière est basée sur un mécanisme de vote.

Ces deux premiers systèmes dépendent d'entités centrales pour la collecte des informations sur les menaces, ce qui pose un problème quant à leur déploiement dans un réseau large échelle, tel qu'Internet. ENDMal [7] est un système semi-centralisé, collaboratif basé sur l'analyse dynamique pour la détection des malwares. ENDMAL dispose d'un ensemble de programmes légers implantés au niveau de chaque nœud du réseau, qui ont pour but l'analyse des fichiers afin d'en extraire les séquences d'appels systèmes. ENDMAL est aussi composé de plusieurs moniteurs où chacun prend en charge une portion du réseau et reçoit les appels systèmes extraits par les programmes chargés de l'analyse. Chaque moniteur est doté d'un mécanisme d'anti-obscurcissement qui est basé sur une méthode d'alignement d'appels systèmes, ainsi qu'une méthode probabiliste pour la représentation des comportements des programmes. Tous les moniteurs identifient d'une façon collaborative les familles des malwares en partageant les informations sur les comportements des malwares via une infrastructure de partage basée rendez-vous (RENShare), à l'aide d'une table de hachage distribuée (DHT, pour Distributed Hash Table). Cette approche vient réduire la dépendance de la totalité du réseau à une entité centrale dans une architecture centralisée. Cependant, les moniteurs restent les maillons faibles de ce type d'approches.

Fung et al. [4] ont proposé un système distribué pour la détection collaborative des malwares. Le principe de celui-ci, est de faire collaborer différents outils antivirus installés sur différents machines d'un réseau, afin d'améliorer la précision de détection. L'analyse s'effectue en transmettant le fichier suspect aux machines voisines. Celles-ci, vont à leur tour analyser et transmettre le fichier à leurs voisins, le mécanisme de décision est basé sur l'ensemble de l'historique des résultats d'analyse des différents outils participant à l'analyse. Bien que ce système soit totalement distribué, il est inadéquat pour un déploiement à large échelle, vu qu'il n'envisage pas de mécanisme pour l'identification des fichiers, et se contente de transférer le fichier en entier d'un nœud à un autre, ce qui pose un problème dans le cas d'un réseau avec des ressources en bande passante limitées. Aussi, il n'est pas commode du point de vue étique de transmettre un fichier qu'on soupçonne d'être un malware, et ce quelque soit les mesures de prévention qu'on peut imaginer pour assurer la sécurité des récepteurs.

4 Approche proposée

Dans notre approche, l'idée est de faire communiquer plusieurs agents entre eux, chacun représentant un nœud du réseau (machine), afin d'atteindre les objectifs pour lesquels ce système a été conçu, à savoir détecter la présence d'un code PE (Portable Executable) [10] malveillant au sein d'une machine ou d'un ensemble de machines du réseau. En effet, chaque nœud est doté d'un agent situé qui possède trois rôles et qui sont l'analyse, la propagation, et la décision. L'agent dispose ainsi d'un certain nombre d'informations lui permettant de calculer son degré de certitude global d_g , telles que les degrés de certitude locaux dénotés dl_n

obtenus à partir des agents situés au niveau des nœuds voisins, et la signature S_f qui va permettre d'identifier d'une manière unique le fichier en cours d'analyse. Un degré de similarité ds_n entre cette signature et les signatures disponibles au niveau des agents voisins. Enfin Le nombre de nœuds (nb) participants a l'analyse. Toutes ces informations sont stockées au niveau d'une table appelée table d'analyse, et qui a la structure suivante:

Table 1. Exemple d'une table d'analyse d'un agent

Signature	dl_1	ds_1	...	dl_n	ds_n	nb	d_g
S_1	0.75	0.78	...	0.93	0.84	7	0.71
S_2	0.63	0.76	...	-	-	1	-

L'agent réagit à deux types d'événements, qui sont la réception d'une alerte en provenance de l'un de ses voisins, et la réception d'un fichier à analyser. Le premier événement déclenche la phase de réception d'alerte et de décision, et le second déclenche tout d'abord la phase d'analyse et ensuite la phase de réception d'alerte et de décision.

4.1 La phase d'analyse

Cette phase consiste à analyser le fichier suspect à l'aide de l'outil de détection de malwares installé au niveau de la machine. Le résultat d'analyse (R) est dit local et est de type booléen codé en binaire. Dans le cas où $R = 1$ (fichier malicieux) l'agent doit systématiquement propager cette information sous forme d'alerte à ses nœuds voisins (phase de réception d'alerte et de décision). Cependant, l'agent doit tout d'abord commencer par générer la signature numérique du fichier afin de faciliter son identification par les autres nœuds du réseau. Ensuite, l'agent définit le degré de certitude de son outil d'analyse de malwares. Ces deux étapes sont présentées dans ce qui suit.

Génération de la signature (S_f) du fichier analysé Il existe plusieurs méthodes pour générer la signature numérique d'un fichier. L'utilisation d'une fonction de hachage est parmi les méthodes les plus répandues. Une fonction de hachage permet de générer une empreinte unique d'une donnée initiale donnée en entrée [3]. Ce type de méthodes est très efficace dans certains domaines tels que les réseaux ou la cryptographie. Cependant, dans notre cas, ce type de techniques n'est pas adéquat, vu qu'un malware peut changer de forme et ainsi avoir une signature complètement différente même si son comportement reste le même. Afin d'expliquer notre point de vu, nous avons réalisé une expérience avec deux fichiers malicieux où l'un est une variante du premier (malwares métamorphiques), les deux fichiers en question sont Zbot.aac1 et Zbot.aacm. Nous avons utilisé l'algorithme de hachage MD5 [2], pour générer les signatures des deux fichiers, et nous avons obtenu les résultats présentés dans le tableau 2.

Table 2. Comparaison de deux signatures MD5 pour deux variantes du malware Zbot

Fichier	Signature MD5
Zbot.aacl	9eb6fa457757710f3bfc00c05649533
Zbot.aacm	26ad30c1bb65a193a5f60f7e36c7f004

Nous pouvons voir dans le tableau 2, que les signatures des deux fichiers sont complètement différentes, même s'il s'agit du même malware. De ce fait, et afin d'éviter ce genre de situation où il s'agit de malwares métamorphiques, nous proposons d'utiliser une signature générique générée à partir du code opération (Opcode) extrait à partir du code machine (X86) du fichier analysé. Ceci est fait de façon automatique par l'analyse statique du fichier PE (Portable Executable). Si l'on reprend l'exemple précédent, les signatures à base d'Opcodes des malware Zbot.aacl et Zbot.aacm sont présentées dans le tableau 3.

Table 3. Signature basée sur les Opcodes des malware Zbot.aacl et Zbot.aacm

Fichier	Signature basée sur les Opcodes
Zbot.aacl	add(19), sub(3), mov(2), pop(2), call(2), adc(2), int3(2), and(1), ...
Zbot.aacm	add(23), xor(4), pop(3), push(3), mov(2), inc(2), and(1), sub(1), ...

La signature est donc composée des noms des opérandes ainsi que leurs fréquences d'apparition dans le code. Par exemple `add(19)` signifie que l'opcode `add` est apparu 19 fois dans le code du malware Zbot.aacl.

Définir le degré de certitude local (dl_n) Le degré de certitude local d'un nœud (dl_n) est représenté par le degré de protection d'un outils de détection de malware (sa performance) et qui est déterminé de façon périodique en se basant sur l'évaluation proposée par l'institut indépendant spécialisé dans la sécurité informatique AV-Test³. Cette évaluation est effectuée suivant trois différents critères qui sont: la protection, l'influence sur le système, et l'utilisation. Dans notre cas nous n'allons prendre en considération que la protection comme critère d'évaluation en considérant une valeur normalisée comprise entre 0.5 et 1.0.

Comme mentionné précédemment, une fois (dl_n) définit et la signature (S_f) générée, l'agent déclenche la phase de réception d'alerte et de décision qui va se charger de la prise de décision et de la propagation de l'information à ses nœuds voisins. La phase d'analyse peut être résumée dans l'algorithme 1.

³ <https://www.av-test.org/fr/comparer-les-resultats-des-fabricants/>

Algorithm 1 *Local_Analysis(f)*

```

R ← analyse(f)
if (R = 1) then
  Sf ← signature(f)
  block(f)
  Recieve_Alert_Decision(Sf, dln)
end if

```

4.2 La phase de réception d'alertes et de décision

Lors de la réception d'une alerte provenant du même nœud A (dans le cas où il s'agit d'un fichier analysé) ou d'un voisin B, l'agent se met à la recherche de la signature du fichier en cours d'analyse dans sa table d'analyse. Les signatures sont représentées sous forme de deux vecteurs v et u et leur comparaison se fait par la mesure du degré de similarité ds_n à l'aide de la métrique de similarité du cosinus. La similarité du cosinus calcule la valeur du cosinus de l'angle (θ) entre deux vecteurs, et qui varie entre 0.0 et 1.0. Le degré de similarité ds_n est proportionnel à cette valeur, et sera d'une grande importance lors du calcul de la décision globale. Après le calcul de (ds_n), il sera comparé à un seuil α à partir duquel on peut conclure qu'on a affaire à un même fichier. Dans notre cas, nous allons considérer un seuil $\alpha = 0.75$. La similarité du cosinus est calculée à l'aide de la formule suivante:

$$ds(S_f, S_{f'}) = \cos(v, u) = \frac{v \cdot u}{\|v\| \|u\|} = \frac{\sum_{i=1}^n v_i u_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (v_i)^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (u_i)^2}} \quad (1)$$

Dans le but de tester l'efficacité et la robustesse du modèle de signature proposé, ainsi que la mesure de similarité employée, nous avons effectué deux expérimentations. La première consiste à évaluer notre modèle de signature dans le cas de la similarité intra-famille (la sensibilité), c.-à-d, le potentiel qu'a notre signature à représenter les malwares d'une même famille. Pour cela, nous avons calculé le degré de similarité entre les signatures de malwares de trois familles différentes. La deuxième expérimentation consiste à évaluer notre modèle de signature dans le cas de la similarité inter-famille (la spécificité), c.-à-d, l'aptitude qu'a notre signature à différencier entre deux malwares de familles différentes. Les résultats de cette expérimentation sont présentés dans le tableau 4.

Les résultats obtenus sont très satisfaisants avec une similarité intra-famille (sensibilité) élevée et une similarité inter-famille (spécificité) relativement faible. De ce fait, on peut conclure que notre méthode de signature sera adéquate pour le nommage des fichiers sujets à une analyse. Après le calcul du degré de similarité (ds_n), et s'il existe une correspondance entre la signature reçue dans l'alerte et l'une des signatures enregistrées dans la table d'analyse ($ds_n > 0.75$), l'agent comptabilise le nombre de nœuds participant à cette analyse (nb). Si (nb) est supérieur à un certain seuil θ que nous fixons à 50% des nœuds voisins au nœud A, l'agent calcule une décision globale (dg) à l'aide de la formule suivante:

$$dg = \frac{1}{V_A} \sum dl_n \times ds_n \quad (2)$$

Malware	Degré similarité (ds_n)
Similarité intra-famille	
Bagle.a Bagle.aav	0.79
Bifrose.sln Bifrose.smt	1.00
Zbot.aacl Zbot.aacm	0.96
Similarité inter-famille	
Bifrose.aaca Zbot.aacl	0.14
Bagle.a Zbot.aacl	0.23
Bagle.aa Bifrose.sln	0.25

Table 4. Comparaison du degré de similarité des signatures

Où:

- V^A représente le nombre de nœuds voisins au nœud A.
- dl_n est le degré de certitude local d'un nœud n voisin à A.
- ds_n est le degré de similarité entre des signatures du fichier trouvés au niveau des voisins.

Une fois (dg) calculé, il est comparé à un seuil $\beta = 0.75$. Si dg est supérieur à ce seuil, alors, l'agent conclut qu'il s'agit bien d'un malware, et met la valeur de dg à 1 afin d'influencer les décisions des nœuds voisins, ensuite il communique sa décision à l'aide de la méthode *Send_Alert()* (voir l'algorithme 2). Celle-ci invoque la méthode *Recieve_Alert_Decision()* de l'agent V_i avec comme paramètres, dg , et la signature S_f du fichier malicieux. Enfin, l'agent va se remettre dans un état d'attente. Dans le cas où il n'y a aucune correspondance de la signature du fichier analysé avec les signatures disponibles au niveau de la table d'analyse ($ds \leq 0.75$), l'agent ajoute cette signature à sa table avec le (dl_n) reçu et propage l'alerte à ses voisins à l'aide de la méthode *Send_alert()* avec comme paramètres le dl_n et S_f reçus. Une fois la communication de l'alerte terminée, l'agent se met dans un état d'attente jusqu'à la réception d'un nouveau fichier à analyser ou d'un événement qui va déclencher la phase de réception d'alertes et de décision.

Algorithm 2 *Send_Alert*(S_f, d, V_i)

@ V_i .*Recieve_Alert_Decision*(S_f, d)

La phase de réception d'alerte et de décision a été défini sous forme de méthode nommée *Recieve_Alert_Decision()* et qui est présentée dans l'algorithme 3.

Algorithm 3 *Recieve_Alert_Decision*(S_f, dl_n)

```
for  $i = 1, \text{SizeOF}(\text{Analyse\_Table})$  do
  if  $\text{match}(\text{Analyse\_Table}[i].\text{Signature}, S_f, \& ds_n)$  then
     $\text{match} \leftarrow \text{true}$ 
     $\text{Analyse\_Table}[i].nb++$ 
     $\text{Analyse\_Table}[i].dl_n \leftarrow dl_n$ 
     $\text{Analyse\_Table}[i].ds_n \leftarrow ds_n$ 
    if  $(\text{Analyse\_Table}[i].nb > \delta)$  then
       $\text{Calculate}(d_g)$ 
      if  $(d_g > \beta)$  then
         $d_g \leftarrow 1$ 
         $\text{remove}(f)$ 
        for all agents (V) neighboring (A) do
          if  $V_i \neq V_n$  then
             $\text{Send\_Alert}(S_f, d_g, V_i)$ 
          end if
        end for
         $\text{break}()$ 
      else
         $d_g \leftarrow 0$ 
         $\text{unblock}(f)$ 
         $\text{break}()$ 
      end if
    end if
  end if
end for
if  $\text{match} = \text{false}$  then
   $\text{Analyse\_Table}[i+1].\text{Signature} \leftarrow S_f$ 
   $\text{Analyse\_Table}[i+1].dl_n \leftarrow dl_n$ 
   $\text{Analyse\_Table}[i+1].nb++$ 
  for all agents (V) neighboring (A) do
     $\text{Send\_Alert}(S_f, dl_n, V_i)$ 
  end for
end if
```

5 Discussion

Nous nous sommes penchés longtemps sur la mise en place d'une métrique de similarité, car elle est indispensable à notre système collaboratif. En effet, il est nécessaire que les entités qui coopèrent au sein du système soient en accord sur l'identité du code qui sont entrain d'analyser. Sans cela, nous serons obligés de faire véhiculer tout code analysé au sein du réseau, avec ce qui engendre comme charge importante au réseau, et préjudice étique aux utilisateurs. Le modèle de signature proposé est robuste contre les techniques d'obscurcissement citées précédemment. En effet, le fait de considérer que les opérandes permettra de contourner systématiquement la technique de renommage de registres. Par ailleurs, le fait de considérer l'occurrence de chaque opérande va nous permettre de con-

tourner la techniques d'obscurcissement a base de réagencement d'instructions, vu que nous ne considérons pas l'ordre des Opcodes. Par ailleurs, notre métrique est globalement résistante à l'obscurcissement par insertion de code poubelle. En effet, si le code est inséré en dehors des sections de code, il n'aura aucun effet, étant donné que nous considérons que le code qui est à l'intérieur de ces sections. Par contre, si le code est inséré à l'intérieur des sections de code, nous montrons que l'ajout d'instructions machines, selon les mêmes proportions que celles dans le code d'origine (plausible si les tailles du code et du code inséré sont suffisamment élevées), ne change pas le degré de similarité ds :

Soit, A , et B les deux vecteurs selon la formule 1, et soit B' le nouveau vecteur correspondant à l'insertion dans B d'un code (signature $S_{f''}$). Si on suppose que les codes opérations restent uniformément distribués dans le PE correspondant à B' , on peut exprimer ceci comme suit : $B'_i = \lambda B_i, \forall i$, d'où :

$$ds(S_f, S_{f''}) = \cos(A, B') = \frac{A \cdot B'}{\|A\| \|B'\|} = \frac{\sum_{i=1}^n A_i \lambda B_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (A_i)^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (\lambda B_i)^2}} \quad (3)$$

$$ds(S_f, S_{f''}) = \cos(A, B') = \frac{A \cdot B'}{\|A\| \|B'\|} = \frac{\lambda \sum_{i=1}^n A_i B_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (A_i)^2} \lambda \sqrt{\sum_{i=1}^n (B_i)^2}} \quad (4)$$

$$ds(S_f, S_{f''}) = \cos(A, B') = \frac{A \cdot B'}{\|A\| \|B'\|} = \frac{A \cdot B}{\|A\| \|B\|} = ds(S_f, S_f) \quad (5)$$

Enfin, dans le cas où il s'agit d'un obscurcissement basé sur le remplacement d'instructions équivalentes nous suggérons d'utiliser une table de correspondance qui va contenir toutes les équivalences d'instructions. Le calcul de la similarité prendra en compte toutes les combinaisons possibles. Cela est envisageable vu qu'il existe un nombre restreint d'Opcodes, cependant ce cas précis n'a pas été traité dans ce papier.

La décision consensuelle au sein du réseau, est matérialisée par le calcul et la propagation du degré d'alerte global. Ce dernier permet d'une part, de réduire les alertes correspondant à de faux positifs quand les nœuds concernés ne sont pas secondés par d'autres qui affirment ces alertes. D'autre part, les nœuds, dont les outils de protection sont peu performants ou obsolètes vont être protégés en exploitant les alertes de sécurité en provenance des nœuds bien protégés du réseau, et ce via leurs nœuds voisins respectifs. Il est à noter ici que la collaboration au sein de la société d'agents qui forment le réseau des nœuds, est indirecte. L'influence des agents sur d'autres est matérialisée par la propagation du degré de certitude, qui émerge au sein d'une sous-société d'agents et qui peut influencer d'autres agents indépendamment de la performance de l'outil d'analyse qui est utilisé à leur niveau. De ce fait, et contrairement à d'autres approches, où la collaboration nécessite une négociation directe entre agents, dans notre cas, elle passe par une sorte de vote, pondéré par les degrés de performance des outils de détection installés au sein des agents.

6 Conclusion

Dans ce travail, nous avons présenté une proposition d'approche distribuée basée SMAs pour la détection collective et coopérative des malwares. Notre contribution peut être résumée dans deux points majeurs qui sont la proposition d'un modèle de signature basé sur les Opcodes qui a permis d'identifier d'une manière efficace les malwares et en particulier ceux appartenant à une même famille. La seconde contribution consiste à la mise en place des rôles des agents ainsi que leurs mécanismes de communication, ce qui va permettre leur collaboration afin d'aboutir à une décision consensuelle sur la présence ou non d'un code malicieux. Comme travaux futurs, nous projetons d'améliorer notre algorithme de génération de signatures en y incluant un mécanisme de correspondance des Opcodes, qui va rendre le modèle de signature robuste quant aux techniques d'obscurcissement basées sur le remplacement d'instructions équivalentes. Par ailleurs, nous allons procéder à l'implémentation de notre système, ainsi qu'à son évaluation sur un réseau réel, type WAN.

References

1. Belaoued, M., Mazouzi, S., Noureddine, S., Salah, B.: Using chi-square test and heuristic search for detecting metamorphic malware. In: *New Technologies of Information and Communication (NTIC), 2015 First International Conference on*. pp. 1–4. IEEE (2015)
2. Calvet, J.: *Analyse dynamique de logiciels malveillants*. Ph.D. thesis, École Polytechnique de Montréal (2013)
3. Filiol, É.: *Les virus informatiques: théorie, pratique et applications*. Springer Science & Business Media (2009)
4. Fung, C.J., Lam, D.Y., Boutaba, R.: Revmatch: An efficient and robust decision model for collaborative malware detection. In: *Network Operations and Management Symposium (NOMS), 2014 IEEE*. pp. 1–9. IEEE (2014)
5. Jang-Jaccard, J., Nepal, S.: A survey of emerging threats in cybersecurity. *Journal of Computer and System Sciences* 80(5), 973–993 (2014)
6. LeDoux, C., Lakhota, A.: Malware and machine learning. In: *Intelligent Methods for Cyber Warfare*, pp. 1–42. Springer (2015)
7. Lu, H., Wang, X., Zhao, B., Wang, F., Su, J.: Endmal: An anti-obfuscation and collaborative malware detection system using syscall sequences. *Mathematical and Computer Modelling* 58(5), 1140–1154 (2013)
8. Oberheide, J., Cooke, E., Jahanian, F.: Cloudav: N-version antivirus in the network cloud. In: *USENIX Security Symposium*. pp. 91–106 (2008)
9. O'Kane, P., Sezer, S., McLaughlin, K.: Obfuscation: The hidden malware. *Security & Privacy, IEEE* 9(5), 41–47 (2011)
10. Pietrek, M.: Peering inside the pe: a tour of the win32 (r) portable executable file format. *Microsoft Systems Journal-US Edition* pp. 15–38 (1994)
11. Silva, C., Sousa, P., Veríssimo, P.: Rave: Replicated antivirus engine. In: *Dependable Systems and Networks Workshops (DSN-W), 2010 International Conference on*. pp. 170–175. IEEE (2010)
12. Toderici, A.H., Stamp, M.: Chi-squared distance and metamorphic virus detection. *Journal of Computer Virology and Hacking Techniques* 9(1), 1–14 (2013)

Recherche Opérationnelle I

Recuit Simulé Guidé pour la résolution du problème FAP

Lamia Sadeg-Belkaecm^{abc}*, Zineb Habbas^b, Fatima Benbouzid-Si Tayeb^a,
Lyes Mancerc, and Abdelhalim Ameghar^c

^aLMCS, Ecole nationale Supérieure d'Informatique, Alger, Algérie,

^b LCOMS, Université de Lorraine, Ile du Saulcy, 57045 Metz Cedex, France,

^cLaboratoire des Mathématiques Appliquées, Ecole Militaire Polytechnique, Alger,
Algérie

l_sadeg@esi.dz,

zineb.habbas@univ-lorraine.fr,

f_sitayeb@esi.dz

Résumé Ce papier porte essentiellement sur la proposition d'une nouvelle méta-heuristique hybride, nommée Recuit Simulé Guidé (RSG) pour la résolution du problème d'affectation de fréquences (Fréquence Assignment Problem : FAP). L'heuristique RSG est issue de l'hybridation de deux méta-heuristiques connues dans la littérature, à savoir : la Recherche Locale Guidée (RLG) et le Recuit Simulé (RS). Cette hybridation consiste à remplacer la méthode de recherche descendante, communément utilisée comme méthode de recherche locale dans RLG par celle du Recuit Simulé. L'intérêt de cette démarche est de faire bénéficier la méthode RLG du mécanisme de diversification du recuit simulé. En effet, Le Recuit Simulé Guidé utilise simultanément deux diversifications, émanant du Recuit Simulé et de RLG. L'introduction de la seconde diversification a pour objectif une meilleure exploration de l'espace de recherche. Les résultats des tests menés sur des instances usuelles du Problème d'Affectation de Fréquences montrent clairement l'intérêt de notre démarche. En effet, ces résultats confirment que la méthode hybride RSG est plus stable et plus efficace que la méthode RLG.

Keywords: Recherche Locale Guidée, Recuit Simulé, Hybridation, Problème d'Affectation de Fréquences.

1 Introduction

De nos jours, le domaine des télécommunications connaît un essor important, accentué par le développement des réseaux GSM. Plusieurs problèmes liés à ces réseaux font l'objet d'études simultanées, tels que les problèmes de recouvrement, d'affectation, etc.

Dans ce travail, nous étudions le problème d'affectation de fréquences dans les

*. l_sadeg@esi.dz

réseaux sans fil, plus connu sous l'acronyme FAP (Frequency Assignment Problem). FAP est apparu dans les années 1960 [17], et a été classé NP-complet par HALE en 1980 [9]. Résoudre FAP revient à affecter un nombre limité de ressources (fréquences) à un nombre de demandeurs (antennes) en perpétuelle ascension, tout en optimisant un critère donné (nombre de fréquences utilisées, qualité de la communication, etc). Dans notre travail nous nous intéressons à la variante la plus étudiée actuellement, connue sous le nom de MI-FAP (Minimum Interférence-FAP). Dans le problème MI-FAP le but est d'affecter les fréquences disponibles à des antennes tout en minimisant l'interférence engendrée par l'utilisation d'une même fréquence par des antennes proches géographiquement, cela engendre une dégradation de la qualité de la communication. Comme tout problème de la classe NP, le problème MI-FAP a été abordé par des méthodes de résolution exactes et heuristiques [20, 7, 1, 13, 10, 4, 23, 12, 16, 3, 21, 18].

Les méthodes exactes bien qu'elles garantissent de trouver la meilleure solution (solution optimale), elles n'assurent pas une résolution en un temps raisonnable. Les heuristiques quant à elles peinent à trouver des solutions de bonne qualité sur les instances de grandes tailles ou les instances difficiles. Cette limite a donné lieu à une autre famille de méthodes appelées *méthodes hybrides*. Les méthodes hybrides sont le produit d'association de plusieurs méthodes (exactes et/ou heuristiques). Elles tirent profit des avantages des méthodes qui les composent, et par conséquent garantissent une résolution de bonne qualité. Les chercheurs portent un intérêt croissant pour les méthodes hybrides car elles se sont montrées très performantes pour la résolution de plusieurs problèmes connus, comme : l'algorithme hybride évolutionniste (Hybrid Evolutionary Algorithms : HEA) [8] qui est une approche évolutionniste qui hybride une recherche tabou avec un opérateur de croisement de l'algorithme génétique. La méthode Tabu-NG (Tabu Search based on NoGood) proposée par Dib [6] est une hybridation de la recherche locale et de la programmation par contraintes, . . .

Notre travail s'inscrit dans ce contexte et propose une nouvelle approche hybride, appelée Recuit Simulé Guidé (RSG), qui est une hybridation de la Recherche Locale Guidée et le Recuit Simulé. Le but de notre démarche est de faire bénéficier la recherche locale guidée du mécanisme de diversification du recuit simulé. En effet, la méthode RLG, proposée par [21], utilise la recherche descendante comme méthode de recherche locale connue pour n'exercer que de l'intensification. Par conséquent, la seule diversification que comportait la méthode RLG réside dans l'augmentation de la fonction objectif, et non dans le processus de résolution. En remplaçant la recherche descendante par le recuit simulé, nous introduisons une nouvelle source de diversification, celle émanant du recuit simulé, qui consiste à accepter des solutions de moindre qualité moyennant une certaine probabilité. Le but de cette hybridation est d'augmenter la robustesse de la méthode RLG.

L'organisation de ce papier est la suivante : la section 2 présente une définition formelle du problème MI-FAP. La section 3 détaille nos contributions, qui portent essentiellement sur la proposition d'une nouvelle formulation du paramètre γ , et la présentation de la méthode du Recuit Simulé Guidé. Dans la

section 4 sont détaillés les tests et les résultats des différents algorithmes effectués sur les instances MI-FAP de CALMA [5]. Nous terminons enfin par une conclusion et quelques perspectives.

2 Minimum Interference-FAP

Le problème MI-FAP (Minimum Interference-FAP) est la variante du problème FAP la plus étudiée actuellement. MI-FAP consiste à affecter un nombre limité de fréquences à un ensemble d'émetteurs/récepteurs en perpétuelle ascension. Cela nécessite une réutilisation importante des fréquences déjà affectées. Cette réutilisation affecte la qualité de la communication en engendrant de l'interférence. Par conséquent, résoudre un problème MI-FAP revient à affecter les fréquences disponibles à toutes les composantes du réseau tout en minimisant l'interférence globale dans le réseau. MI-FAP possède de nombreuses applications réelles, la plus connue étant les réseaux GSM.

2.1 Modélisation de MI-FAP

Le problème MI-FAP appartient à la classe des PCSP (Partial Constraint Satisfaction Problems) [2, 14], plus précisément à la classe des PCSP binaires.

Definition 1. (MI-FAP comme un PCSP) *MI-FAP est un PCSP $\langle T, F, C, P \rangle$, où :*

- $T = \{t_1, t_2, \dots, t_n\}$ est l'ensemble des émetteurs.
- $F = \{F_{t_1}, F_{t_2}, \dots, F_{t_n}\}$ es l'ensemble des domaines où chaque F_{t_i} contient les fréquences possibles qu'un émetteur t_i peut utiliser.
- C est l'ensemble de contraintes qui peuvent être hard ou soft : $C = C_{hard} \cup C_{soft}$. Les contraintes Soft peuvent être violées conformément à un certain coût, mais les contraintes hard doivent être satisfaites. Une contrainte $c_{t_i t_j}$ est définie sur une paire de variable t_i, t_j , (notée $c_{t_i t_j}$).
- $P = \{p_{t_i t_j} | i, j = 1, \dots, n\}$, $p_{t_i t_j}$ est la pénalité associée à chaque contrainte soft $c_{t_i t_j}$.

Soit $f_i \in F_{t_i}$ et $f_j \in F_{t_j}$ les fréquences assignées à $t_i, t_j \in X$. Une contrainte $C_k \in C$ de MI-FAP prend l'une des formes suivantes :

- Les contraintes Hard : Ces contraintes doivent être satisfaites.
 1. $f_i = v$, $v \in D_{t_i}$ (hard pré-assignée).
 2. $|f_i - f_j| = l$, $l \in \mathbb{N}$ (f_i et f_j doivent être séparées par une distance).
- Les contraintes Soft : La violation de ces contraintes implique des pénalités.
 1. $f_i = v$, $v \in F_{t_i}$ (soft pré-assignement).
 2. $|f_i - f_j| > l$, $l \in \mathbb{N}$ (La distances minimum distance entre f_i et f_j).

Definition 2. (Solution de MI-FAP) Une solution d'un problème MI-FAP modélisé par un PCSP $\langle T, F, C_{hard} \cup C_{soft}, P \rangle$ est une affectation complète qui satisfait toutes les contraintes hard de C_{hard} et minimise la quantité :

$$\sum_{c_{t_i t_j} \in C_I} p_{t_i t_j}$$

où $C_I \in C_{soft}$ est l'ensemble des contraintes soft insatisfaites, $\forall t_i, t_j \in T$.

3 Contributions

Les contributions présentées dans ce travail portent essentiellement sur l'élaboration d'une nouvelle paramétrisation pour la Recherche Locale Guidée, ainsi que la proposition d'une heuristique inspirée de RLG et du recuit simulé, appelée Recuit Simulé Guidé (RSG).

3.1 Présentation de la méthode de Recherche Locale Guidée

La recherche locale guidée (RLG) est une métaheuristique proposée par Voudouris et Tsang en 1995 [21]. RLG propose une stratégie innovante pour guider l'algorithme de recherche locale (recherche descendante habituellement) vers des zones non encore explorées (diversification). Cette diversification consiste à pénaliser les solutions précédemment visitées. La pénalisation se fait à travers l'introduction d'une nouvelle fonction objectif (h) qui prendra la place de la fonction objectif d'origine (f). La nouvelle fonction h est calculée en ajoutant à la fonction objectif initiale des pénalités associées au optimums locaux rencontrés dans le parcours de la recherche, ce qui lui a valu le nom de *fonction augmentée* (Equation 1).

$$h(s) = f(s) + \gamma \sum_{i=1}^m p_i \cdot I_i(s) \quad (1)$$

Où,

I : représente l'ensemble des caractéristiques pénalisantes dans une solution. Il est défini en fonction du problème à résoudre [22].

p_i : correspond à la pénalité de la caractéristique I_i .

γ : est un un paramètre de régularisation.

La recherche locale guidée fonctionne selon les étapes du pseudo-algorithme 1 :

Algorithm 1 Recherche Locale Guidée

```

1: Initialiser la solution de départ  $s$ 
2: Initialiser les pénalités  $p$ 
3:  $s^* \leftarrow s$  // La solution retournée
4: while critère d'arrêt do
5:   Calculer  $f(s)$ 
6:   Calculer  $h(s)$ 
7:   Calculer  $s' \leftarrow L(h, s)$  //  $L$  : méthode de recherche locale, habituellement re-
   recherche descendante
8:    $s \leftarrow s'$ 
9:   Mettre à jour les pénalités
10:  if  $f(s) < f(s^*)$  then
11:     $s^* \leftarrow s$ 
12:  end if
13: end while

```

3.2 Paramétrisation de RLG

L'un des avantages de la méthode RLG est qu'elle ne nécessite qu'un seul paramètre, appelé paramètre *régulateur*, et noté γ . Par conséquent, le bon fonctionnement de la méthode RLG est conditionné par un choix judicieux de la valeur de ce paramètre. Dans la littérature plusieurs valeurs ont été attribuées à γ :

- Dans [22] Voudouris et al. ont fixé la valeur de γ à 1.
- Dans [15] les auteurs ont attribué une valeur dynamique du paramètre γ , dont le calcul se fait selon l'équation suivante :

$$\gamma = \alpha \times \frac{f(s_{opt_local})}{N} \quad (2)$$

$f(s_{opt_local})$: la valeur du dernier optimum local.

N : Le nombre de caractéristiques.

α : un réel entre 0 et 1. Ce nouveau paramètre constitue l'inconvénient de cette instanciation.

Nous proposons comme première contribution une nouvelle formulation du paramètre γ . La nouvelle valeur de γ est calculée comme suit :

$$\gamma = \max(P) \quad (3)$$

Où ;

P est le vecteur des pénalités associées à l'ensemble des contraintes *soft* C du problème PCSP $\langle X, D, C, P \rangle$, présenté dans la définition 1.

Par cette nouvelle formulation, nous privilégions le terme lié aux pénalités dans le calcul de la fonction objectif augmentée (Equation 1). Cette supériorité se ressent au fur et à mesure que le coût réel de la solution diminue, donc lorsque le processus de recherche se rapproche d'un minimum local. Elle a pour effet de relancer la recherche dans de nouvelles zones non encore explorées.

3.3 Recuit Simulé Guidé

La méthode RLG a été conçue pour améliorer les performances de la recherche locale descendante classique [21, 15, 22]. En effet, La méthode RLG est une recherche descendante sur la fonction objectif augmentée (Equation 1). Par ailleurs, le mécanisme de diversification introduit par RLG réside dans l'augmentation de la fonction objectif en introduisant des pénalités relatives aux optimums locaux déjà visités et qui a comme conséquence de guider la recherche vers de nouvelles zones non encore explorées.

Dans cette seconde contribution, nous nous sommes interrogés sur le comportement de RLG en l'associant à une méthode de recherche locale autre que la recherche descendante. En d'autres termes, nous visons à analyser le comportement de la Recherche Locale Guidée en présence d'une autre source de diversification en plus de celle de l'augmentation de la fonction objectif. Pour ce faire, nous avons remplacé la méthode de recherche descendante par le Recuit Simulé.

L'algorithme du Recuit Simulé a été proposé par [11], IL comporte un mécanisme de diversification, qui consiste à accepter des solutions de plus mauvaise qualité selon une certaine probabilité. Cette probabilité diminue au fur et à mesure dans le processus de résolution.

L'hybridation du Recuit Simulé dans la Recherche Locale Guidée a donné lieu à une nouvelle méthode que nous avons appelé Recuit Simulé Guidé (RSG). L'heuristique RSG devrait rassembler les points forts de RLG et ceux du Recuit simulé à savoir, une recherche locale étendue mais guidée, donc maîtrisée.

Le fonctionnement de RSG est donné par l'algorithme 2 :

Algorithm 2 Recuit Simulé Guidé

```

1: Initialiser les paramètres du recuit simulé
2: Initialiser la solution de départ  $s$ 
3: Initialiser les pénalités  $p$ 
4:  $s^* \leftarrow s$  // La solution retournée
5: while critère d'arrêt do
6:   Calculer  $f(s)$ 
7:   Calculer  $h(s)$ 
8:   Calculer  $s' \leftarrow RS(h, s)$  //  $RS$  est l'heuristique du recuit simulé
9:    $s \leftarrow s'$ 
10:  Mettre à jour les pénalités
11:  if  $f(s) < f(s^*)$  then
12:     $s^* \leftarrow s$ 
13:  end if
14: end while

```

4 Tests & Résultats

Cette section est dédiée à la présentation des résultats des contributions présentées dans la section 3 sur les instances MI-FAP du benchmark CALMA [5]. La

performance de chacun des algorithmes testés est faite sur la base des paramètres suivants :

- La meilleure déviation, notée `best_dev`, correspond à la déviation standard (équation 4) du meilleur coût obtenu sur 50 exécutions.
- La déviation moyenne, notée `avg_dev`, correspond à la déviation standard (équation 4) du coût moyen obtenu sur 50 exécutions.
- Le temps d'exécution en secondes, noté CPU(s).

$$deviation_standart(cout) = \frac{(coût - coût_optimal)}{coût_optimal} \times 100 \quad (4)$$

Notons que le critère d'arrêt des algorithmes est fixé à 1000 itérations.

4.1 Environnement Expérimental

L'implémentation des différents algorithmes a été effectuée avec le langage C++. Les programmes ont été exécutés sur le cluster Romeo de l'université de Champagne-Ardenne¹.

4.2 Benchmark de test

Les tests ont été effectués sur les instances réelles du benchmark CALMA (Combinatorial ALgorithms for Military Applications) [5].

Le benchmark CALMA est constitué de deux types d'instances :

- `celar` : Les instances `celar` (Centre d'Electronique de l'ARmement France) sont des instances du monde réel issues d'application militaire. Ces instances sont au nombre de 11.
- `graph` : Les instances `graph` (Generating Radio Link Frequency Assignment Problems Heuristically) sont fournies par l'université de technologie de Delft, elles ont été générées aléatoirement par Benthem [19]. Le benchmark CALMA contient 14 instances de type `graph`.

Dans notre travail nous nous sommes intéressés aux instances MI-FAP de CALMA. Elles sont au nombre de sept, dont trois sont de type `celar` (`celar06`, `celar07`, `celar08`), et quatre sont de type `graph` (`graph05`, `graph06`, `graph11`, `graph13`).

Le tableau 1 présente les caractéristiques des instances de tests. Ces caractéristiques comportent la taille du problème ($|V|$), le nombre de ses contraintes ($|E|$) et son coût optimal (`optimal`).

4.3 Paramétrisation de RLG

Comme présenté dans la section 3, les modifications exercées sur la méthode RLG concernent principalement le paramètre γ . Rappelons que dans ce contexte, nous avons proposé une nouvelle formulation du paramètre γ (Equation 3). Afin de mieux évaluer cette contribution, nous la comparons à deux autres formulations proposées dans la littérature, précédemment présentées dans la section 3.2.

1. <https://romeo1.univ-reims.fr/>

Instance	$ V $	$ E $	Optimal
celar06	200	1322	3389
celar07	400	2865	343592
celar08	916	5744	262
graph05	200	1134	221
graph06	400	2170	4123
graph11	680	3757	3080
graph13	916	5273	10110

TABLE 1: Caractéristiques des instances MI-FAP de CALMA

Ces trois formulations ont donné lieu à trois variantes de la méthodes RLG, que nous notons :

- RLG_1 : RLG avec γ fixé à 1.
- RLG_variable : RLG avec γ variant selon l'équation 2. La valeur du paramètre α de cette équation a été fixée de manière empirique à 0.3.
- RLG_max : RLG avec γ fixé à la pénalité maximale des contraintes (Equation 3), qui correspond à notre contribution dans cette section.

Le tableau 2 présente les résultats obtenus par RLG_1, RLG_variable et RLG_max, évalués sur les paramètres cités précédemment.

Instance	RLG_1			RLG_variable			RLG_max		
	Best dev (%)	Avg_dev (%)	CPU(s)	Best dev (%)	Avg_dev (%)	CPU(s)	Best dev (%)	Avg_dev (%)	CPU(s)
celar06	109.38	214.54	250	59.81	77.48	248	3.48	22.30	192
celar07	2857.42	4201.88	1318	770.74	1819.34	1178	0.38	14.28	1029
celar08	74.42	99.61	3553	273.28	431.67	3427	19.46	30.91	3061
graph05	371.04	2460.63	277	1054.29	1682.80	232	0.00	34.84	218
graph06	372.25	486.68	1017	184.23	306.23	843	12.24	74.53	804
graph11	922.43	1259.61	2884	712.72	823.27	263	57.75	227.79	2390
graph13	352.46	449.11	5481	283.77	330.74	5055	43.32	116.03	4725

TABLE 2: Résultats de RLG_1, RLG_variable et RLG_max

Les résultats présentés dans le tableau 2 se résument dans les points suivants :

- RLG_1 n'est performante sur aucune des instances MI-FAP traitées. En effet les meilleurs coûts trouvés présentent de 2 à 10 fois les coûts optimaux.
- RLG_variable semble être plus efficace et plus stable que que RLG_1, mais reste néanmoins peu performante en n'ayant atteint aucun coût optimal ni même sous-optimal.
- RLG_max donne de très bons résultats comparés à ceux obtenus par RLG_1 et RLG_variable. En effet RLG_max trouve l'optimum sur graph05, et atteint des résultats quasi-optimaux sur celar06, celar07 et graph06. On remarque également la stabilité de cette version sur quelques instances comme celar06, celar07, celar08 et graph05.

Afin de mieux interpréter et comparer les résultats obtenus par les variantes RLG_1, RLG_variable et RLG_max, la figure 1 présente l'évolution de ces trois algorithmes sur quelques instances MI-FAP au cours de 1000 itérations.

Les graphes de la figure 1 montrent que :

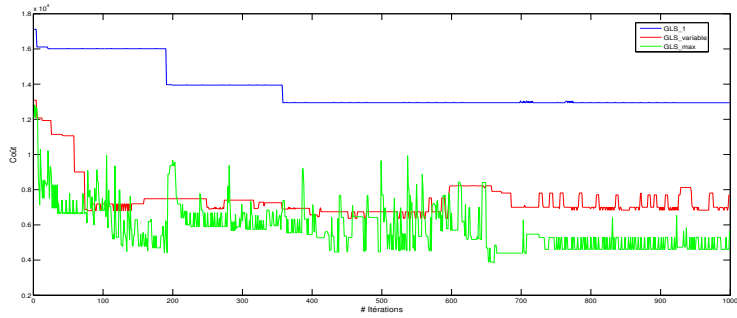
- La variante RLG_1 ne comporte quasiment pas de diversification. Par conséquent, RLG_1 converge vers la méthode de recherche descendante utilisée pour optimiser la fonction objectif du problème. Nous concluons que cette petite valeur de γ entraîne la négligence du deuxième terme de l'équation de la fonction objectif augmentée qui crée la diversification.
- La variante RLG_variable montre un comportement correct. En effet on distingue bien l'existence des deux mécanismes d'intensification et de diversification dans le processus de recherche de RLG_variable. Cependant nous pouvons attribuer la mauvaise qualité des résultats obtenus à une diversification très contrôlée, ce qui ne permet pas à RLG_variable de balayer l'espace de recherche. Nous remarquons également que RLG_variable ne stagne pas au bout de 1000 générations, ce qui laisse penser qu'une augmentation du nombre d'itérations pour RLG_variable aboutira à de meilleurs résultats.
- La variante RLG_max offre un bon compromis entre les processus de diversification et d'intensification. En effet, on remarque que chaque diversification importante est suivie d'une amélioration de la solution. RLG_max procède à plus de diversifications que RLG_variable, car la valeur de γ privilégie la satisfaction des contraintes violées ayant une grande pénalité au détriment du coût de la fonction objectif, cela a pour avantage une meilleure exploration de l'espace de recherche. Cette diversification est équilibrée par l'intensification de la recherche locale descendante, ce qui explique les bons résultats de RLG_max.

Nous concluons que RLG_1 et RLG_variable peinent à trouver des résultats satisfaisants, car RLG_1 manque de diversification, ce qui la réduit à une recherche descendante, et RLG_variable opère une diversification trop contrôlée qui ne lui permet pas une bonne exploration de l'espace de recherche. RLG_max offre quant à elle un bon compromis entre l'intensification et la diversification ce qui lui a permis de trouver de meilleurs résultats que ceux de RLG_1 et RLG_variable.

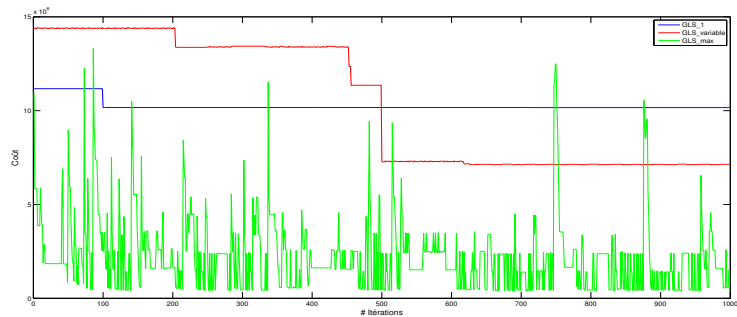
4.4 Recuit Simulé Guidé

Cette section présente les résultats de l'approche proposée appelée Recuit Simulé Guidé (RSG) sur les instances MI-FAP. Les paramètres du Recuit Simulé ont été fixés à 50 pour la température initiale et 0.90 pour le coefficient de décroissance. Ces paramètres fixés de manière empirique visent à avantager l'intensification du Recuit Simulé, car la diversification est prise en charge par la méthode RLG dans l'augmentation de la fonction objectif. Cette augmentation est assurée par le paramètre régulateur fixé à la pénalité maximale des contraintes comme dans RLG_max.

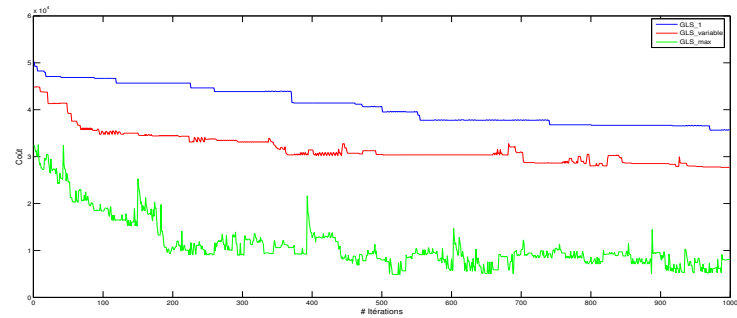
Le tableau 3 montre les résultats obtenus par la méthode RSG.



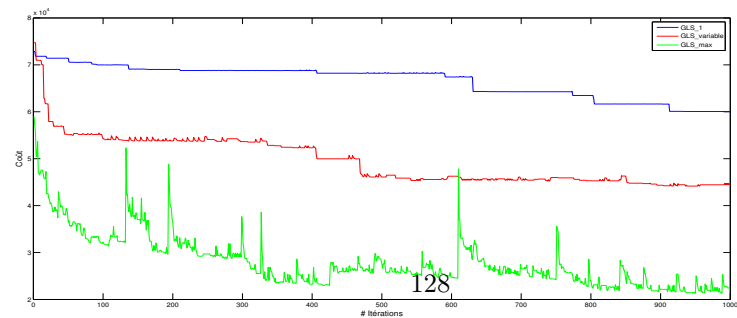
(a) celar06



(b) celar07



(c) graph11



(d) graph13

FIGURE 1: Comparaison du comportement de RLG_1, RLG_variable, RLG_max

Ce tableau montre que l'algorithme RSG donne de très bons résultats sur la

Instance	Best_dev (%)	Avg_dev (%)	CPU(s)
celar06	5.01	8.40	224
celar07	0.12	2.44	884
celar08	14.88	27.09	5183
graph05	0.00	13.57	217
graph06	8.22	48.53	224
graph11	57.20	120.38	2817
graph13	80.22	95.22	4994

TABLE 3: Résultats du Recuit Simulé Guidé

majorité des instances. Il atteint l'optimum sur graph05, et obtient des coûts très proches du coût optimal sur celar06, celar07, celar08 et graph06. Il fait également preuve d'une grande stabilité sur ces mêmes instances.

La comparaison de l'algorithme RLG_max et RSG présentée dans le tableau 4 montre clairement que RSG est plus performant que RLG_max sur la majorité des instances (celar07, celar08, graph06, graph11). Il est également plus stable sur toutes les instances traitées.

Instance	RLG_max			RSG		
	Best_dev (%)	Avg_dev (%)	CPU(s)	Best_dev (%)	Avg_dev (%)	CPU(s)
celar06	3.48	22.30	192	5.01	8.40	224
celar07	0.38	14.28	1029	0.12	2.44	884
celar08	19.46	30.91	3061	14.88	27.09	5183
graph05	0.00	34.84	218	0.00	13.57	217
graph06	12.24	74.53	804	8.22	48.53	224
graph11	57.75	227.79	2390	57.20	120.38	2817
graph13	43.32	116.03	4725	80.22	95.22	4994

TABLE 4: Comparaison de résultats obtenus par RLG_max et RSG

Afin de mieux comprendre l'apport du recuit simulé dans la Recherche Locale Guidée, nous présentons dans la figure 4 le tracé des courbes modélisant le fonctionnement de RLG_max et RSG sur quelques instances MI-FAP de CALMA. La première constatation qui ressort est la proximité du fonctionnement des deux algorithmes, particulièrement. La différence entre RLG et RSG réside dans le fait que RSG continue l'amélioration de ces résultats jusqu'aux dernières itérations, alors que RLG_max trouve son meilleur résultat avant d'avoir terminé

la moitié des itérations, malgré la présence de la diversification (celar06, celar07, graph11). Cette différence est causée par la diversification produite par le Recuit Simulé, qui permet à l'algorithme RSG de continuer à explorer de nouvelles zones de recherche tout au long du processus de résolution.

5 Conclusion

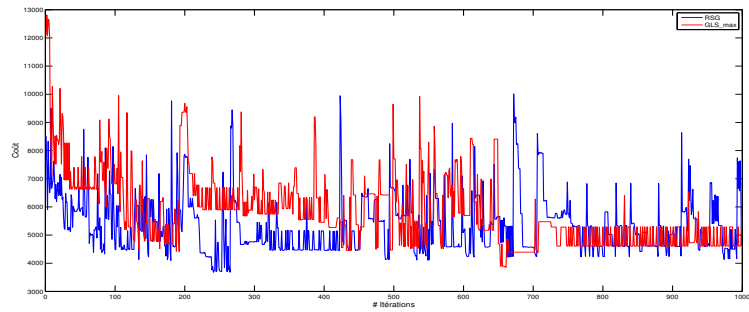
Le travail présenté dans ce papier porte principalement sur la proposition d'une métaheuristique hybride appelée Recuit Simulé Guidée (RSG). La méthode RSG est le résultat de l'hybridation de deux métaheuristicues, qui sont la Recherche Locale Guidée et le Recuit Simulé. Le but de cette hybridation est l'analyse du comportement de la méthode RLG lorsque la recherche de la solution est effectuée par un algorithme autre que la recherche descendante. Dans notre cas la recherche est effectuée par l'algorithme du Recuit Simulé. Nous avons également proposé dans ce travail une nouvelle formulation du paramètre γ de la méthode RLG.

Pour évaluer les performances des algorithmes proposés, nous les avons testés sur le problème MI-FAP (Minimum Interference- Frequency Assignment Problem). Il s'inscrit dans le cadre générales des problèmes de satisfaction de contraintes partielles.

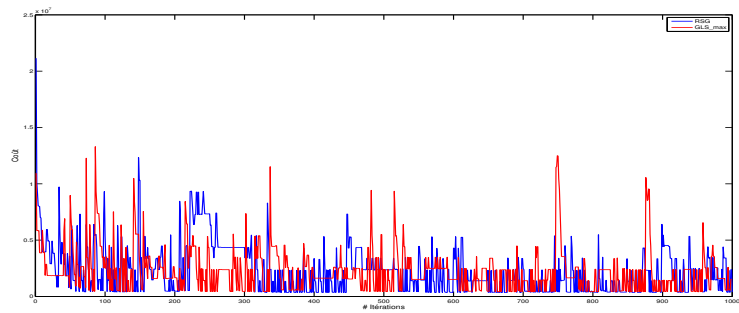
L'étude expérimentale a été réalisée sur les instances MI-FAP benchmark CALMA [5]. Les résultats obtenus ont montré :

- l'efficacité de la méthode RLG avec la nouvelle formulation de paramètre γ proposée. En effet, en la comparant avec deux autres formulations proposées dans littérature [22, 15], cette nouvelle formulation s'est avérée plus efficace, car elle permet une plus grande diversification donc une meilleure exploration de l'espace de recherche.
- Le Recuit Simulé Guidé améliore nettement les résultats de la Recherche Locale Guidée, en termes d'efficacité et de stabilité. Cette amélioration est attribuée à l'ajout de la diversification du le recuit simulé. Cette diversification empêche RSG de stagner dans un minimum local. Par conséquent, elle permet une plus grande exploration de l'espace de recherche.

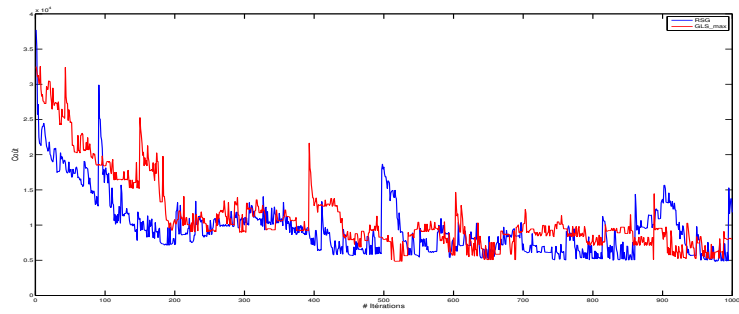
Afin d'enrichir cette étude, nous envisageons d'étudier l'impact de l'introduction d'autres heuristiques, telles que la recherche Tabou, dans la méthode RLG. Nous envisageons également d'étendre les tests aux autres variantes du problème FAP, à savoir : Min Order-FAP et Min Span-FAP.



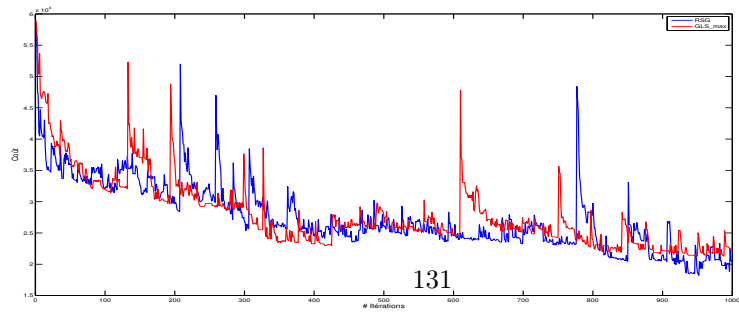
(a) celar06



(b) celar07



(c) graph11



(d) graph13

FIGURE2: Comparaison de RSG et RLG_max sur quelques instances de CALMA

Bibliographie

- [1] K. Aardal, A. Hipolito, C. V. Hoesel, and B. Jansen. A branch-and-cut algorithm for the frequency assignment problem. Technical report, Maastricht University, 1996. Research Memorandum 96/011.
- [2] K. Aardal, S. Van Hoessel, A. Koster, C. Mannino, and A. Sassano. Models and solution techniques for frequency assignment problems. *4OR, Quaterly Journal of the Belgian, French and Italian Operations Research Sciences*, 1 :261–317, 2003.
- [3] A. Acan. Clonal selection algorithm with operator multiplicity. In *Evolutionary Computation, 2004. CEC2004. Congress on*, volume 2, pages 1909–1915. IEEE, 2004.
- [4] A. Bouju, J. Boyce, C. Dimitropoulos, G. Vom Scheidt, and J. Taylor. Tabu search for the radio links frequency assignment problem. *Applied Decision Technologies (ADT'95)(London)*, 1995.
- [5] CALMA-website. *Euclid Calma project*, 1995. ftp://ftp.win.tue.nl/pub/techreports/CALMA/.
- [6] M. Dib. *Tabu-NG : hybridation de programmation par contraintes et recherche locale pour la résolution de CSP*. PhD thesis, Université de Technologie de Belfort-Montbeliard, 2010.
- [7] M. Fischetti, C. Lepschy, G. Minerva, G. Romanin-Jacur, and E. Toto. Frequency assignment in mobile radio systems using branch-and-cut techniques. *European Journal of Operational Research*, 123 :241–255, 2000.
- [8] P. Galinier and J.-K. Hao. Hybrid evolutionary algorithms for graph coloring. *Journal of combinatorial optimization*, 3(4) :379–397, 1999.
- [9] W. K. Hale. Frequency assignment : Theory and applications. *Proceedings IEEE*, 68(12) :1497–1514, 1980.
- [10] B. Jaumard, O. Marcotte, and C. Meyer. *Mathematical models and exact methods for channel assignment in cellular networks*. Springer US, 1999.
- [11] S. Kirkpatrick, C. D. Gelatt, M. P. Vecchi, et al. Optimization by simulated annealing. *science*, 220(4598) :671–680, 1983.
- [12] A. Kolen. A genetic algorithm for the partial binary constraint satisfaction problem : an application to a frequency assignment problem. *Statistica Neerlandica*, 61(1) :4–15, 2007.
- [13] A. Kolen, S. V. Hoesel, and R. V. D. Wal. A constraint satisfaction approach to the radio link frequency assignment problem. Technical report, 1994. Technical Report 2.2.2 EUCLID CALMA project.
- [14] A. Koster, S. Van Hoessel, and A. Kolen. Solving partial constraint satisfaction problems with tree decomposition. *Network Journal*, 40(3) :170–180, 2002.
- [15] T. Lau and E. Tsang. Solving the radio link frequency assignment problem with the guided genetic algorithm.
- [16] V. Maniezzo and A. Carbonaro. An ants heuristic for the frequency assignment problem. *Computer and Information Science*, 16 :259–288, 2000.

- [17] B. H. Metzger. Spectrum management technique. *38th National ORSA Meeting, Detroit*, 1970.
- [18] R. Murphey, P. M. Pardalos, and C. Resende. *Frequency assignment problem, Handbook of combinatorial optimization (D-Z Du and P.M. Pardalos, eds), Vol. Supplement Volume A*. Kluwer Academic Publishers, 1999.
- [19] H. P. Van Benthem, I. C. Roos, T. Terlaky, A. Hipolito, and B. Jansen. Graph-generating radio link frequency assignment problems heuristically. 1995.
- [20] G. Verfaillie, M. Lemaître, and T. Schiex. Russian doll search for solving constraint optimization problems. In *AAAI/IAAI, Vol. 1*, pages 181–187. Citeseer, 1996.
- [21] C. Voudouris and E. Tsang. Partial constraint satisfaction problems and guided local search. Technical report, Department of Computer Science, University of Essex, September 1995. Technical Report CSM-25.
- [22] C. Voudouris and E. Tsang. Solving the radio link frequency assignment problem using guided local search. In *Proceeding of RTO IST Symposium on Frequency Assignment Sharing and Conservation in Systems (Aeorospace)*, october 1998.
- [23] J. Zerovnik et al. Experiments with a randomized algorithm for a frequency assignment problem. 1997.

Approche de Contrôle Distribué des Dates d'Arrivées pour Minimiser le Coût d'Avance et de Retard d'un Problème d'Ordonnancement à une Machine

Azouz Meddourene^{1,2}, Ahmed Kouider¹, Samia Ourari¹, Brahim Bouzouia¹
Noura Achour²

¹Centre de Développement des Technologies Avancées

²USTHB, BP32 el alia, Bab Ezzouar, Alger, Algérie

ameddourene@cdda.dz

Résumé. Ce papier s'intéresse à un problème d'ordonnancement à ressource unique, fondé sur les dates d'échéance fixées des travaux, pour une production juste-à-temps (JAT). L'approche de résolution proposée est issue de la théorie de contrôle et permet le contrôle distribué des dates d'arrivées des travaux (DATC). C'est une technique de contrôle continu à rétroaction très efficace pour des applications d'ordonnancement temps réel, et répond à la dynamique de l'environnement réel de production. Nous nous sommes intéressés à un nouveau critère JAT qui est la minimisation des pénalités des avances pondérées et des retards pondérés en considérant des dates d'échéances quelconques. Considérant le même critère, une seconde approche méta-heuristique basée sur la Recherche Tabou a été développée. Des expérimentations ont été réalisées sur des instances issues de la littérature, et les résultats sont présentés avec une étude comparative entre les deux approches ainsi qu'avec une méthode basée sur un modèle MILP.

Mots-Clés : ordonnancement, JAT, contrôle des dates d'arrivées, théorie de contrôle, recherche tabou.

1 Introduction

Dans l'environnement actuel, fortement concurrentiel, dynamique et perturbé, les entreprises doivent accroître la réactivité et la flexibilité de leur système de production, en assurant la réalisation de la production demandée pour satisfaire les clients dans les délais prévus, avec la qualité requise, tout en restant financièrement en bonne santé. Le recours à la mise en œuvre d'une conduite en temps réel du système de production constitue alors une nécessité pour une gestion plus réactive et robuste. En effet, l'entreprise doit être capable de réagir rapidement aux événements imprévus tels qu'une modification ou une annulation d'un ordre de fabrication, l'arrivée d'une commande urgente, etc., pour mieux maîtriser les dégradations de ses performances [1]. Pour permettre au système de réagir et de s'adapter aux fluctuations des besoins en fonction des objectifs de production, plusieurs schémas de résolution sont proposés

dans la littérature, couplant une partie hors ligne (statique) et une partie en ligne (dynamique). Les approches réactives qualifiées de dynamiques, sont souvent utilisées dans des environnements fortement perturbés, où les prises de décisions se font en temps réel et au fur et à mesure de l'apparition des aléas, privilégiant ainsi la rapidité à la qualité de décision. Elles se basent généralement sur la mise à jour des données pour un ré-ordonnement de l'atelier.

L'avènement du Just-à-Temps (JIT), un concept introduit dans les années cinquante par le producteur automobile japonais Toyota, a permis une contribution et l'amélioration continue et simultanée de la productivité, et ses objectifs d'optimisation et de contrôle visent à réduire les en-cours et à satisfaire une demande dynamique et flexible émanant des clients [3]. C'est aussi une méthode développée pour minimiser les coûts dus aux retards et avances de livraison.

De très nombreuses études se sont portées sur la résolution des problèmes d'optimisation liées à l'ordonnement et la planification des systèmes de production. Les méthodes classiques de résolution basées sur la recherche opérationnelle ou l'intelligence artificielle, portant sur l'étude de modélisation du système manufacturier sur un horizon temporel prédéfini, et cherchent à définir une solution optimale ou proche de l'optimale.

Afin de gérer les situations dynamiques dans le monde physique et opérationnel, des chercheurs se sont orientés vers l'utilisation d'équations différentielles dans le domaine temporel par application de la théorie de contrôle, et ce pour réagir au mieux aux situations imprévues et pour contrôler au mieux le système de production [15]. En effet, depuis les premiers travaux de Simon [17], plusieurs travaux se sont intéressés à proposer des solutions aux problèmes liés à l'application de la théorie de contrôle pour les prises de décision en gestion de production. Bien que cette technique ait été souvent associée à des applications en ingénierie électrique et mécanique, elle partage toutefois une grande partie de ses fondements mathématiques avec la recherche opérationnelle et la science de gestion. Son application pour l'ordonnement et le pilotage dynamique des systèmes manufacturiers a été largement reconnue pour le contrôle des flux de production dans différents types d'ateliers de production [4]. Elle a connu une évolution, de la centralisation à la distribution des décisions, pour une meilleure réactivité [5]. Les méthodes issues de la théorie de contrôle ont initialement été utilisées pour contrôler la capacité des systèmes et les flux des produits en utilisant des contrôleurs à feedback, puis plus récemment pour la prise de décisions distribuée dans les systèmes hétérarchiques [11]. Notons toutefois que l'application de cette technique dans le domaine de la planification et de l'ordonnement est jugée ardue en raison des caractéristiques fortement non-linéaires inhérentes au modèle de gestion, qui oblige la transformation de la dynamique du système à des inclusions différentielles. Cette nouvelle voie de recherche s'insère bien dans le cadre des méthodes d'optimisation et permet la représentation des modèles et l'analyse du système d'ordonnement. Dans ce papier, on s'intéresse à une technique de contrôle communément appelée le contrôle distribué des dates d'arrivée des travaux (DATC). C'est une technique qui utilise une structure de contrôle à rétroaction, offrant de bonne possibilité pour générer des ordonnements à la fois efficaces, évolutives et robuste, qui tiennent compte des événements dynamiques qui peuvent survenir en temps réel. La DATC est une méthode basée sur la simulation qui permet de transformer le problème

d'ordonnement en un problème de contrôle à variables continues [14]. Son principe consiste à ajuster itérativement les dates d'arrivée des tâches en utilisant les informations récupérées depuis l'atelier [7] [8].

Le présent papier est organisé comme suit. La deuxième section introduit la problématique étudiée. Une approche de résolution basée sur le contrôle distribué des dates d'arrivées des produits (DATC) est présentée dans la troisième section. La quatrième section décrit une seconde approche de résolution basée sur la Recherche Tabou qui servira de base pour comparaison. Enfin, la cinquième section est consacrée aux expérimentations réalisées sur les deux approches dans le but de tester et valider l'efficacité de la DATC.

2 Problématique d'Ordonnement Juste à Temps

Le problème consiste à ordonner n travaux indépendants sur une machine disjonctive dans le but de définir leurs meilleures dates d'arrivées et de déterminer ainsi leur localisation temporelles ou leur séquençement sur la ressource, et ce de manière à optimiser un objectif spécifique parmi les objectifs de la production juste-à-temps consistant en général à minimiser les pénalités causées par la production en avance ou en retard. Les travaux sont exécutés selon leurs dates d'arrivées sans temps mort. Chaque travail $i = 1, 2, \dots, n$, nécessite une durée d'exécution notée p_i et devrait être achevé à sa date de livraison souhaitée d_i . Pour un ordonnancement donné, nous désignons respectivement par h et w , les pénalités d'avance et de retard. L'avance et le retard du travail i sont, définis respectivement par : $T_i = \max(0, d_i - c_i)$ et $E_i = \max(0, c_i - d_i)$, où c_i représente la date de fin d'exécution du travail i . Dans le cadre de notre étude, nous nous intéressons à la minimisation de la somme des avances pondérées et des retards pondérés, notée par la relation suivante :

$$J = \sum_{i=1}^n (hE_i + wT_i) \quad (1)$$

Ce critère d'optimisation fondé sur les dates d'échéances, permet de répondre à l'objectif de satisfaire les dates de livraison selon les besoins des produits. C'est un problème d'ordonnement connu NP-difficile, et plusieurs travaux se sont appuyés sur le développement de méthodes méta-heuristiques pour sa résolution. Dans ce travail, nous avons considéré deux approches de résolution. La première consiste à réduire le problème à la détermination des dates d'arrivées a_i des travaux en utilisant la théorie de contrôle pour ensuite définir leur séquençement sur la machine en utilisant une règle de priorité (FIFO). La seconde approche est basée sur la Recherche Tabou.

3 Système de Contrôle Distribué des Dates d'Arrivées Pour l'Ordonnancement

Reconnaissant le besoin pour des approches d'ordonnancement prédictibles, dynamiques et rapides afin de contrôler des systèmes de production en temps réel, Duffie et Prabhu [6] ont initialement décrit une architecture d'ordonnancement distribué en temps réel pour les systèmes manufacturiers hétéroarchique. Cette architecture intègre le contrôle d'un système manufacturier réel, la simulation d'un système manufacturier virtuel, un algorithme d'ordonnancement coopératif (look-ahead), et des heuristiques pour la génération d'ordonnancements locaux adaptatifs. Dans le même contexte, les auteurs ont par la suite développé un contrôleur distribué et continu des dates d'arrivées des tâches en présentant une structure à rétroaction en boucle fermée motivée par un contrôleur intégral [7]. Le choix d'un contrôleur continu est justifié par la possibilité de modélisation par des équations différentielles non linéaires. Ces premiers travaux ont permis d'établir des bases solides en montrant que la simulation heuristique résultante converge vers un point d'équilibre analytique communément connu sous le nom de la DATC [9][10]. Vu l'intérêt qu'a suscité cette technique, plusieurs travaux de recherche ont suivi sur l'étude du comportement du système de contrôle dans différentes régions dynamiques [11] [12] [13], ainsi que dans le cas d'ateliers à plusieurs ressources. La méthode DATC couplée avec des stratégies évolutionnaires basées sur des algorithmes génétiques a fait l'objet d'étude de [5] [14] pour le contrôle dynamique de travaux dans des ateliers à cheminement multiples. Le principe de base de la DATC utilisant un système de contrôle à rétroaction est d'associer à chaque travail un contrôleur qui ajuste itérativement et de manière autonome sa date d'arrivée de manière à ce qu'il soit livré à sa date d'échéance. L'instant où le produit doit être disponible dans l'atelier est défini comme sa date d'arrivée. Le module de simulation de l'atelier calcule les dates de fin prévues des travaux en utilisant les temps de traitement et les dates d'arrivée des travaux. Les dates de fin des travaux prévues sont obtenus par simulation en ordonnant les travaux selon la règle de priorité FCFS (First Come first Served). Le contrôleur intégral calcule la déviation de la date de fin prévue du travail par rapport à sa date d'échéance et ajuste sa date d'arrivée en se basant sur l'accumulation des déviations. Un nombre fixes d'itérations est fixé expérimentalement, et le meilleur ordonnancement minimisant le critère est retenu en temps réel comme solution du problème [10]. Le système de contrôle multi-variables résultant peut être alors modélisée dans R^n , et son principe est schématisé par la Figure 1 donnée ci-dessous :

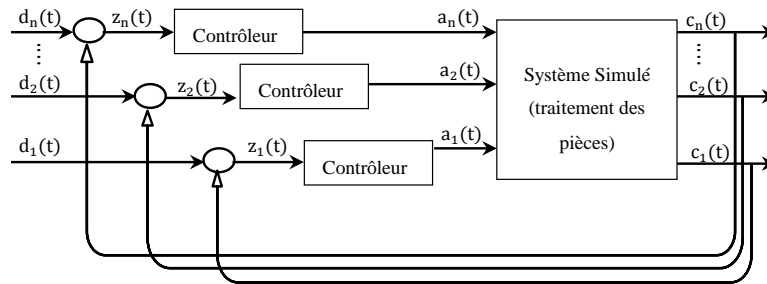


Fig. 1. Structure de contrôle multi-variables distribuée en boucle fermée de la DATC

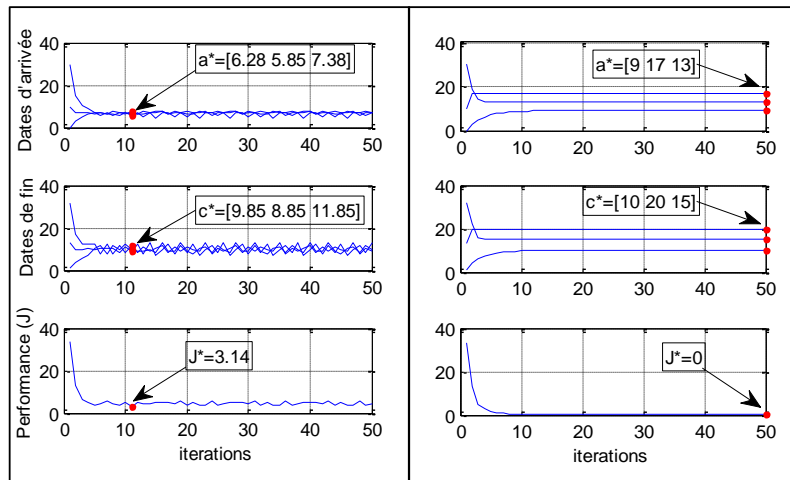
La loi de contrôle choisie pour contrôler les dates d'arrivée est donnée comme suit sous forme intégrale:

$$a_i(t) = k_i \int_0^t (d_i - c_i(\tau)) d\tau + a_i(0). \quad (2)$$

Avec a_i , d_i , c_i , désignant respectivement la date d'arrivée ou de disponibilité du travail i , sa date d'échéance, ainsi que sa date de fin d'exécution. On désigne par k_i le gain de contrôle intégral, synthétisé selon le temps de traitement p_i de chaque travail, $k_i = p_i / \max_{i=1..n} p_i$ [13]. L'objectif du contrôleur intégral est d'ajuster les dates d'arrivée de façon à minimiser la déviation entre les dates de fin des tâches et leurs dates d'échéances, pour ainsi satisfaire un critère de performance juste à temps. Les performances de la dynamique d'ordonnancement du contrôle des dates d'arrivée peuvent être évaluées en utilisant la simulation numérique.

Il existe plusieurs critères d'optimalité pour la production JAT, généralement basés à la fois sur les coûts d'avance et de retard ou seulement sur les coûts de retard. Dans la littérature scientifique traitant de l'approche DATC, le critère décrivant l'écart quadratique moyen (MSD) par rapport aux dates d'échéances a toujours été utilisé, pénalisant ainsi sévèrement les grandes déviations autour de ces dernières. Dans cette étude, nous nous sommes intéressés à un autre critère de performance qui est la minimisation des pénalités des avances pondérés et des retards pondérés et à l'application de l'approche DATC pour le cas d'une ressource, ainsi qu'à une étude comparative avec une approche méta-heuristique.

Afin d'illustrer l'approche, considérons un ensemble de 3 tâches à ordonnancer sur une ressource choisies aléatoirement et respectivement aux unités de temps 0, 10 et 30



(a) $d = [10 \ 10 \ 10]$

(b) $d = [10 \ 20 \ 15]$

Fig. 2. Trajectoires des dates d'arrivées, dates de fin, et performances d'ordonnancement avec des dates d'échéances égales (a), et dates d'échéances différentes (b).

et désignées par le vecteur $a(0) = [0 \ 10 \ 30]$. Les vecteurs des temps de traitement et de dates d'échéance communes sont donnés respectivement par $p = [1 \ 3 \ 2]$, et $d = [10 \ 10 \ 10]$. Les gains sont choisis différemment pour les 3 tâches, soit $k = [0.33 \ 1 \ 0.66]$. En utilisant la règle de priorité d'ordonnement FCFS (First Come first Served), la séquence de traitement est initialement déterminée selon les dates de disponibilités initiales par $S(0) = [1 \ 2 \ 3]$. L'application de l'algorithme DATC permet de simuler la première séquence de traitement et retourne le vecteur des dates d'arrivées $a(1) = [3 \ 7 \ 15.33]$. Ensuite les nouvelles dates d'arrivée ajustées et représentées par le vecteur $a(1)$ seront libérées dans le système de simulation de l'atelier, et le processus se répète itérativement à raison de $m = 50$ itérations, dont les trajectoires des dates d'arrivée, dates de fin, et la valeur du critère d'ordonnement J donnée par la formule (1) sont représentés dans la Figure (2a) dans le cas où les dates d'échéances communes, et par la Figure (2b) dans le cas où les dates d'échéances sont différentes. Nous distinguons alors deux types de comportement dynamique avant que les trajectoires ne convergent vers leurs valeurs finales. Le premier donné par Figure (2a) est discontinu et l'ensemble des travaux convergent vers des dates d'arrivées presque égales. Dans ce cas, on parle de dates d'échéances non faisables (dates d'échéances égales ou très proches les unes des autres), et les trajectoires des dates de fin ne peuvent atteindre simultanément leurs dates d'échéances. En effet, un infinitésimal changement des dates d'arrivées dans ce cas engendre un changement de l'ordre des tâches, ce qui justifie le comportement discontinu de la courbe des dates de fin. Par contre, le deuxième comportement, illustré par la figure (2b) est découplé. L'ensemble des travaux dans ce cas converge vers des dates d'arrivées distinctes, et on parle de dates d'échéances faisables, où tous les travaux peuvent être achevés à leurs dates d'échéances prévues.

Notons que selon l'approche DATC, le début de traitement de la séquence peut être négatif. De ce fait les dates d'échéances peuvent être classées en deux types selon leurs restrictions. On dit que les dates d'échéance sont restrictives si leurs valeurs sont assez faibles relativement à la somme des temps de traitement de toutes les tâches; dans ce cas, la date de début requise pour la détermination de la meilleure séquence peut être inférieure à zéro, rendant ainsi l'ordonnement infaisable [18]. Par contre, elles sont dites non restrictives si le début de traitement requis pour la meilleure séquence est supérieur à zéro. Le problème avec dates d'échéance restrictive est souvent plus difficile à résoudre [19]. Cho et Prabhu [13] ont élaboré un modèle vectoriel générique pour le problème d'ordonnement à machine unique selon une classification des restrictions sur les deadlines.

Le principe général de l'algorithme DATC est donné comme suit :

Algorithme 1. DATC

Etape 1. For $j = 1$ to n do

$$z_j(m-1) := d_j(m-1) - c_j(m-1)$$

$$a_j(m) := k_j * z_j(m-1) + a_j(m-1)$$

Etape 2. Ordonner les travaux selon leurs dates d'arrivée par la règle FCFS

Etape 3. For $j = 1$ to n do

Calculer les nouvelles dates de fin $c_j(m)$

Calculer la performance de l'ordonnement selon l'équation (1)

Etape 4. Si condition d'arrêt non vérifiée alors Aller à l'étape 1

4 Approche basée sur la Recherche Tabou (RT)

La Recherche Tabou est une méta-heuristique de recherche locale proposée à l'origine par Glover dans les années quatre-vingt [21] et développée ensuite par Glover and Laguna [22]. C'est une méthode efficace de résolution des problèmes d'optimisation combinatoire. Dans cette étude, l'algorithme (RT) adopté est basé à la fois, sur une notion de voisinage dans lequel les mouvements les plus récents sont placés dans une liste tabou évitant ainsi à l'algorithme de cycliser, et aussi sur l'utilisation d'une recherche diversifiée dans l'espace de solutions. Les différents paramètres caractérisant l'algorithme RT sont :

Codage d'une solution et solution initiale : Une solution est représentée par un vecteur d'entiers contenant les indices des travaux. Chaque indice apparaît une et une seule fois dans le vecteur, et l'ordre de leur apparition représente le séquençement ou l'ordre de passage des travaux sur la machine. Une génération aléatoire de ce vecteur constitue alors la solution initiale.

Voisinage d'une solution : Le voisinage d'une solution est défini en opérant à une légère permutation. Dans la littérature, principalement trois sortes de permutations existent. La *permutation adjacente* où un élément du vecteur de position A est choisie et est permutée avec l'élément de position A+1; la *permutation aléatoire* où deux éléments du vecteur, choisis aléatoirement sont permutés ; et enfin l'*insertion* qui consiste juste à déplacer la valeur d'un élément de sa position A à une autre position B (A et B étant générés aléatoirement). Plusieurs travaux ont montré que la perturbation par insertion est plus efficace et efficiente que les autres [23], nous l'avons adoptée pour la génération du voisinage dans l'algorithme RT.

Liste tabou : La liste tabou est un mécanisme utilisé pour empêcher l'algorithme de revenir immédiatement sur les dernières solutions visitées et pour guider le processus de recherche vers les régions inexplorées dans l'espace de solutions. Cette liste contient les mouvements utilisés pour l'obtention d'une solution courante, et sa gestion suit la stratégie FIFO. La taille de la liste est un paramètre à déterminer. En effet, si la taille est courte, la recherche risque de se bloquer dans un optimum local, alors que si elle est trop longue, tous les mouvements peuvent devenir tabous (sans voisins) favorisant ainsi l'arrêt de l'algorithme.

L'adaptation de la Recherche Tabou au problème étudié est détaillée comme suit:

Algorithme. 2 Recherche Tabou

Etape 1. Génération d'une solution initiale s_0 ;

Poser $s^+ \leftarrow s_0$; $s^* \leftarrow s_0$; $list_tabu = \emptyset$;

Etape 2. Génération d'un voisinage non tabou de s^+ : $N(s^+)$

Evaluer chaque voisin dans $N(s^+)$

Etape 3. $s^+ \leftarrow$ le meilleur voisin dans $N(s^+)$; Mettre à jour $list_tabu$;

Si s^+ est meilleur que s^* alors $s^* \leftarrow s^+$;

Etape 4. Si condition d'arrêt non vérifiée alors retourner à Etape 2 ;

5 Expérimentation

Dans cette section, nous décrivons les expérimentations réalisées pour l'évaluation des performances de l'algorithme DATC et de l'approche Recherche Tabou proposées pour la résolution du problème d'ordonnancement à une machine optimisant les sommes des avances pondérées et des retards pondérés. Pour cela, une série d'expérimentation a été menée, en adoptant des benchmarks proposés dans la littérature pour le problème $1|r_i|\sum_{i=1}^n w_i T_i$. Ces benchmarks sont obtenus d'OR-Library téléchargés du site : <http://people.brunel.ac.uk/~mastjib/jeb/orlib/wtinfo.h>

Nous précisons que les développements informatiques des algorithmes DATC et Recherche Tabou ont été réalisés respectivement sous Matlab et en C++, sur un PC Intel (R) Core (TM) i3-2100 à 3.10 GHz, 6 Go de RAM.

Durant les expérimentations pour l'évaluation des performances des deux approches, nous avons utilisé deux types d'instances. Le premier type de tests a été effectué sur de petites instances de 10 travaux chacune, afin de comparer les résultats issus de la DATC et de la Recherche Tabou, avec ceux obtenus par la résolution exacte du problème par le modèle mathématique basé sur la programmation linéaire en variables mixtes donné dans [20]. Ce modèle a été adapté à notre problème et résolu par le solveur CPLEX 12.5 d'IBM ILOG, en utilisant les dix premières opérations de chaque benchmark adapté (Wt40m_1-Wt40m_10). Nous avons aussi considéré deux classes d'instances, restrictives et non restrictives (cf. Tableau 1), et nous avons choisi arbitrairement les pénalités pour le critère minimisant la somme des avances pondérés et des retards pondérés, données par : $h_i = h = 3$ et $w_i = w = 4$. D'autre part, nous avons adopté comme paramètres de conception de la DATC, des dates d'arrivées des tâches fixées initialement à zéro, et un gain intégral k_i synthétisé selon le temps de traitement p_i de chaque job $k_i = p_i / \max_{i=1..n} p_i$ [13]. La durée de simulation numérique a été fixée à 500 itérations pour assurer un état d'équilibre des dates d'arrivée.

Pour les expérimentations de l'approche méta-heuristique, les paramètres de l'algorithme RT ont été déterminés de manière expérimentale en tenant compte de la taille du problème. Les valeurs retenues sont fixées à 2000 à la fois pour la taille du voisinage ainsi que le nombre maximal d'itérations, et à 80 pour la taille de la liste Tabou.

Les résultats sont donnés dans le Tableau 1. Selon les valeurs des deadlines, nous pouvons distinguer les instances restrictives des instances non restrictives. Pour chaque instance, on peut lire la solution S_{RT} et le temps CPU requis par l'algorithme Tabou, la solution optimale S_{Opt} ainsi que son temps CPU correspondant, et enfin la valeur de la solution retournée par l'approche DATC pour un temps de calcul approximativement fixe. Partant de ces valeurs, et afin d'évaluer les performances des algorithmes, on donne une mesure de performance notée Dev_i définissant la déviation de chacune des approches relativement à la solution optimale.

La seconde série de tests a été effectuée sur les 10 instances de 40, 50 et 100 travaux chacune, tout en spécifiant les 2 types de classes de dates d'échéances restrictives et non restrictives (cf. Tableau 2,3, et 4) et en considérant $h_i = w_i = 1$. Dans ce cas, les solutions optimales n'étant pas connues, nous avons considéré une mesure de performance qui évalue la déviation de l'approche DATC relativement à l'algorithme

Tableau 1. Résultats des expérimentations pour les instances de 10 travaux.

Wt40 n=10	Type	Recherche Tabou (RT)		Méthode exacte (Opt)		DATC TC _{pu} = 0.14 s	Dev ₁ (%) RT/Opt	Dev ₂ (%) DATC/Opt
		S_{RT}	Temps CPU	S_{Opt}	Temps CPU			
1	Non restrictive	2999	4,93	2386	22	2428.4	25,6	1,7
2		3005	4,93	2336	38	2360.1	28,6	1
3		2917	4,94	2849	28	2918.6	2,3	2,4
4		3764	4,94	3678	65	3738.4	2,3	1,6
5		3953	4,91	3872	95	3917.4	2	1,1
6	restrictive	2066*	4,93	2066	13	2266.2	0	9,6
7		2596	4,93	2566	16	2723.6	1,1	6,1
8		1456	4,93	1448	14	1495.7	0,5	3,2
9		3893*	4,93	3893	54	4102.6	0	5,3
10		3762*	4,92	3762	24	3952.7	0	5
% moyen							6,24	3,7

Tabou. En analysant les résultats des différentes expérimentations réalisées dans le cas des petites instances, nous remarquons pour les deux approches heuristiques, les valeurs des solutions sont relativement proches des solutions optimales, avec des déviations moyenne de 3,7 et 6,24 respectivement pour la DATC et l'algorithme Tabou, et un temps de calcul relativement plus faible dans le cas de la DATC. On note aussi que la qualité de la solution Tabou est meilleure lorsque les deadlines sont restrictifs (3 solutions optimales parmi les 10), à l'opposé de la DTAC qui donne de meilleurs résultats lorsque les deadlines sont non restrictifs, cf. Figure 3.

De manière générale, si on considère les résultats de toutes les instances données dans les tableaux 2, 3 et 4, il est clair que l'approche DATC est bien plus performante en termes de temps de calcul. Les solutions sont retournées en temps réel et cela justifie le caractère dynamique de l'approche. En ce qui concerne le critère de performance, la DATC donne de meilleurs résultats dans le cas où les dates d'échéances sont non restrictives, par contre, la Recherche Tabou est meilleure lorsque les dates d'échéances sont restrictives.

La différence entre les deux approches s'explique par le fait que l'algorithme de Recherche Tabou (RT) retourne un ordonnancement actif (i.e. il est impossible d'avancer la date de début d'une opération sans violer les contraintes), contrairement à l'approche DATC qui autorise des temps morts en fixant les meilleurs dates de disponibilité entre les opérations même si les travaux peuvent être tous disponibles initialement à l'instant zéro. Ceci d'une part, d'autre part, même si en moyenne, la déviation de la DATC par rapport à l'algorithme Tabou est insignifiante, cette dernière demeure plus efficace lorsque les dates d'échéances sont serrées (cas restrictif), et perd en efficacité lorsque les valeurs de dates échéances deviennent plus larges relativement à la sommes des temps de traitement des travaux. Par contre la DATC qui répond au critère de performance juste à temps et autorise ainsi des temps morts entre les opérations, et jugée rapide en terme de temps calcul, retourne des résultats satisfaisants avec de meilleurs performance dans le cas non restrictif.

Tableau 2. Résultats des expérimentations pour des instances de 40 jobs

Wt40	Type de restriction (<i>di</i>)	RT	Time(s)	DATC (<i>t=0,27s</i>)	DATC/RT (%)
1	Non restrictive	16190	4,41	14335	-11,45
2		15101	7,61	12795	-15,27
3		12369	9,51	10909	-11,80
4		14851	9,98	12324	-17,02
5		16473	9,23	13754	-16,50
6	restrictive	10528	9,36	11994	13,92
7		9848	9,14	11704	18,84
8		9015	9,01	10839	20,23
9		12002	9,00	14248	18,71
10		13854	9,06	15920	14,91
% moyen					1,457

Tableau 3. Résultats des expérimentations pour des instances de 50 jobs

Wt50	Type de restriction (<i>di</i>)	RT	Time(s)	DATC (<i>t=0,33s</i>)	DATC/RT (%)
1	Non restrictive	30797	10,12	24096	-21,76
2		27111	9,72	22303	-17,73
3		22423	9,75	18672	-16,73
4		25791	9,35	21461	-16,79
5		25646	9,41	21861	-14,76
6	restrictive	20458	9,60	24110	17,84
7		20619	9,7	23514	14,03
8		14431	10,57	17626	22,13
9		12059	9,52	14206	17,80
10		17039	9,95	19607	15,06
% moyen					-0,091

Tableau 4. Résultats des expérimentations pour des instances de 100 jobs

Wt100	Type de restriction (<i>di</i>)	RT	Time(s)	DATC (<i>t=0,67</i>)	DATC/RT (%)
1	Non restrictive	101791	5,69	87177	-14,35
2		101297	6,05	84077	-17,00
3		87525	6,04	76001	-13,16
4		84102	5,95	72615	-13,65
5		90587	6,02	78701	-13,12
6	restrictive	73005	6,11	88058	20,61
7		64922	6,04	78828	21,41
8		72857	5,96	86832	19,18
9		69558	5,96	86083	23,75
10		65930	6,05	80376	21,90
% moyen					3,557

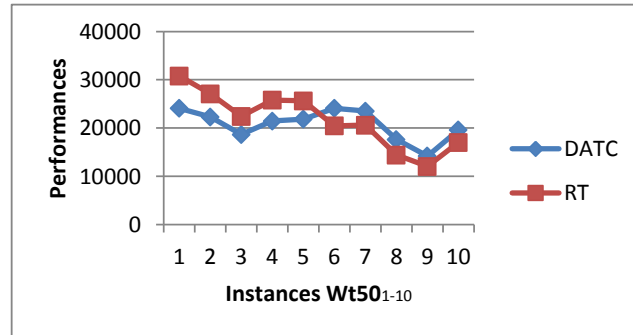


Fig. 3. Comparaison entre la DATC et la RT (Tableau 3).

6 Conclusion

Dans ce papier, le problème d'ordonnement des travaux sur une machine unique avec minimisation pondérée de la somme des avances et des retards des travaux a été considéré. Une approche de résolution basée sur le contrôle distribué des dates d'arrivée a été utilisée pour répondre à l'objectif JAT. Afin d'évaluer la performance de cette approche, les expérimentations réalisées ont été comparés avec les résultats d'une approche méta-heuristique ainsi qu'une méthode exacte basée sur la programmation linéaire adaptée à notre problème. Nous observons que l'approche DATC est efficace. En effet, elle fournit de bonne performances avec un temps de calcul très faible, et ceci constitue un apport essentiel pour un environnement de production dynamique. Cette approche de contrôle à rétroaction autorise des temps morts entre les tâches, dans le cas où les dates d'échéance sont non restrictives, et retourne de meilleurs résultats par rapport à la recherche tabou. Ce cas est plus particulièrement intéressant sachant que lorsque les dates d'échéance sont restrictives, d'autres approches de résolution efficaces existent.

En perspective, une étude plus approfondie est envisageable afin d'améliorer le contrôleur de la DATC, pour ainsi améliorer les résultats. Une autre voie serait de considérer d'autres contraintes, ainsi que des perturbations ou les aléas de production, pour le ré-ordonnement dynamique des travaux.

Bibliographie

1. Mirdamadi, S. : Modélisation du processus de pilotage d'un atelier en temps réel à l'aide de la simulation en ligne couplée à l'exécution. *thèse, l'Institut National Polytechnique de Toulouse, France, 2009.*
2. Prabhu, V.V.: Distributed Control Algorithms for Scalable Decision Making from Sensors to Suppliers. *In Scalable Enterprise Systems: An Introduction to Recent*

- Advances (Eds V. Prabhu, S.Kumara, M. Kamath), Kluwer Academic Press, to be published in 2003.*
3. Cho, S., Lazaro, A.: Cooperation control theoretic model using PID controller for just-in-time production scheduling. *Int J Adv Manuf Technol* (2010) 51:699–709.
 4. Prabhu, V.V., Duffie, N.A.: Nonlinear Dynamics in Distributed Arrival Time Control of Heterarchical Manufacturing Systems. *IEEE Transactions on Control Systems Technology* 7 (6): 724–730, 1999.
 5. Zambrano Rey, G., Bekrar, A., Prabhu, V.V., Trentesaux, D.: Coupling a genetic algorithm with the distributed arrival-time control for the JIT dynamic scheduling of flexible job-shops. *International Journal of Production Research*, 2014.
 6. Duffie, N.A., Prabhu, V.V.: Real-time Distributed Scheduling of Heterarchical Manufacturing Systems. *Journal of Manufacturing Systems* 13 (2): 94–107, 1994.
 7. Prabhu, V.V., Duffie, N.A.: Modeling and Analysis of Nonlinear Dynamics in Autonomous Heterarchical Manufacturing Systems Control. *CIRP Annals – Manufacturing Technology* 44: 425–428, 1995.
 8. Prabhu, V.V., Duffie, N.A.: Modeling and Analysis of Heterarchical Manufacturing Systems Using Discontinuous Differential Equations. *CIRP Annals – Manufacturing Technology* 45: 445–448, 1996.
 9. Prabhu, V.V., Duffie, N.A.: Nonlinear Dynamics in Distributed Arrival Time Control of Heterarchical Manufacturing Systems. *IEEE Transactions on Control Systems Technology* 7 (6): 724–730, 1999.
 10. Prabhu, V.V.: Performance of Real-time Distributed Arrival Time Control in Heterarchical Manufacturing Systems. *IIE Transactions* 32 (4): 323–331, 2000.
 11. Duffie, N.A., Prabhu, V.V., and Kaltjob, P.O.: Closed-Loop Real-Time Cooperative Decision-Making Dynamics in Heterarchical Manufacturing Systems. *Journal of Manufacturing Systems Vol. 21/No. 6*, 2002.
 12. Cho, S., Prabhu, V.V.: Sliding Mode Dynamics in Continuous Feedback Control for Distributed Discrete-event Scheduling. *Automatica* 38 (9): 1499–1515, 2002.
 13. Cho, S., Prabhu, V.V.: A Vector Space Model for Variance Reduction in Single Machine Scheduling. *IIE Transactions* 34 (11): 933–952, 2002.
 14. Shaikh, N.I., Prabhu, V.V., and Reed, P.: Hybridized arrival time control approach to JIT job-shop scheduling. in *the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO) Late breaking papers*, Erick Cantu-Paz (ed.), Chicago, 2003.
 15. Cho, S., Lazaro, A.: Cooperation control theoretic model using PID controller for just-in-time production scheduling. *int j advmanuftechnol* (2010) 51:699–709.
 16. Lee, J., Prabhu, V.V.: Optimal search of distributed arrival time control. *International Journal of Production Research Vol. 53, Iss. 15*, 2015.
 17. Simon, H.A.: On the application of servomechanism theory in the study of production control. *Econometrica* 20:247–268, 1952.
 18. Bagchi, V., Suluvan, R.S., and Chang, Y.L.: Minimizing mean squared deviation of completion times about a common due date. *Mallagmunt Science*, 33, 894-906, 1987.
 19. Hassin, R. and Shani, M.: Machine scheduling with earliness, tardiness and non-execution penalties. *Computers and Operations Research*, 32: 683-705, 2005.
 20. Ronconi, D.P., & Kawamura, M.S.: The single machine earliness and tardiness heduling problem: lower bounds and a branchand-bound algorithm. *Computational & Applied Mathematics*, 29, 2010.
 21. Glover, F.: Future paths for integer programming and links to artificial intelligence. *Computer & Operations Research*, 13, 533–549, (1986).
 22. Glover, F., Laguna, M.: Tabu search. Norwell, MA, USA: Kluwer Academic Publishers, (1997).
 23. Taillard, E.: Some efficient heuristic methods for the flow shop sequencing problem. *European Journal of Operational Research* 47 (1), 65–74, 1990.

Base de Données

Mobile Agents to Query Mobile Databases

Faiza Bouchoul¹

¹ Computer Science Department Ferhat Abbas University
fbouchoul@gmail.com

Abstract. Due to the maturity of mobile technologies, mobile databases emerged as new means to data storage on mobile servers or data access from mobile devices or both. The known infrastructure in classical databases is not sufficient to provide data to the users efficiently in a mobile environment often internet_based; due not only to the main restrictions of mobile devices themselves so that mobile users periodically become unavailable due to the lack of network service guarantees, but also to issues implied by the distribution in managing disparate databases. We propose a web-service/mobile-agents based architecture for managing distribution and querying mobile databases. Our choices are validated analytically.

Keywords: Mobile databases, Mobile queries, Mobile agents, Web-services

1 Introduction

Mobility encompasses all aspects of mobile technologies including its network, security, presentation, contents, and applications, and the use of those technologies to connect information systems to their clients in a mobile environment, independent of location and time. One big result of these new technologies is that they introduced mobile applications and mobile devices to be used as an integral part of enterprises business processes. The mobile application may include data storage and data processing or viewing or transmitting it to another application or server. One big issue for mobile databases is that mobile queries from mobile devices not only inherit the wireless technologies' weakness in terms of limited bandwidth, limited resources such as CPU power and memory and limited energy supply; but also are often Internet-based so that mobile users periodically become unavailable due to the lack of network service guarantees. The result is limited or very difficult business information access and activity coordination, so that to interact and remotely manage data in such environments classical remote procedure call seems to be not suitable nor sufficient to overcome these issues.

As a consequence the need of reengineering databases architecture in mobile environment becomes more than necessary. The new challenges induced is that these new systems should be able if necessary to fit into resource-limited devices, to support classical update and query functions even in disconnected mode and should enable interoperability between mobile functionalities and large enterprise databases in most times distributed.

In another hand it is largely agreed today that mobile agents and web-services can give good solutions to many of these constraints, by this work we tried to study if mobile agents can really overcome classical paradigms in querying mobile databases and how web-services can make it easy to manage distributed databases in such environments.

2 Mobile Databases

2.1 Definition and Issues

According to [1] Mobile databases are generally distributed databases that can be accessed via mobile wireless networks. Query execution must take into account the constraints imposed by the mobility, the characteristics of wireless networks and the device capabilities. Data can be stored on mobile devices as well as on selected network nodes. Query execution requires cooperation between several devices and the traversal of the wireless mobile network. Most frequently, mobile databases systems are multi-databases client/server systems. Furthermore mobile databases need [2] the ability to create layers for storing and retrieving data depending on factors related to mobile devices and also to mobile environment. An adapted transaction-processing model is required which can provide efficient interoperability between the mobile host and the distributed database. Furthermore, with the advancement and spreading of various mobile technologies and infrastructures, there is increasing demand for mobile users to connect to enterprises information system. Mobile users are generally thin clients such as palm-top computers, PDA and also smart phones connected to their enterprise through wireless network; they can access the information system at any time and at any place and perhaps in a disconnected manner. Mobile devices offer some advantages in comparison to the traditional PC because of their portability [3]: they enable the ubiquitous and asynchronous transactions with databases

2.2 Some Works Dealing with Mobile Databases Weakness

As explained above managing databases in mobile environments imply huge issues, and many works tried to give solutions to these problems, for example in [4] a novel and unified approach for reliable distributed and parallel computing using mobile agents is introduced. The agents can be deployed in large scale and hierarchical network environments crossing barriers transparently. The networks can consist of low-resource nodes ranging from generic computers to microchips, and the supported network classes range from body area networks to the Internet including any kind of sensor and ambient network. Agents can migrate between different hardware and software platforms by migrating the program code of the agent, embedding the state and the data of an agent, too.

In the architecture presented in [5] the entire information exchange and coordination of agents with other agents and the environment is performed by using a tuple-space database.

The platform enables the integration of Multi-agent Systems (MAS) in Internet server and application environments (e.g., WEB browser). Agents can migrate

transparently between hardware-level sensor networks and WEB browser applications or network servers and vice versa without any transformation required. The authors in [6] developed and implemented also a multi-agent system for information management. The multi-agents system presented in the paper is a distributed information management system based on the use of mobile agents, who receive queries from the system user and who, visiting the databases, where this information can be found, transmit the interrogation results and then, a master agent processes these results based on rule sets. In [7] two strategies are proposed for caching relevant data items needed during the process of checking integrity constraints of mobile databases. These strategies analyze the relationships among the integrity tests (simplified form of integrity constraints) to be evaluated for a given update operation. The strategies improve the checking mechanism by not only preventing delays during the process of checking constraints and performing the update but also reducing the amount of data items to be cached.

In [8] a time-out based approach "Transaction Commit on Time-out", TCOT, has been suggested by modifying the traditional two and three phase commit (2PC) to accommodate the limitations of a Mobile Host and wireless. A scheme Distributed Transaction Commit on Time-out, DTCOT is proposed, to commit the transaction in a Mobile Database System environment with distributed database. This scheme uses a time-out to decide a commit or abort. DTCOT requires two coordinators: one for coordinating the entire transaction execution and one, which acts as the interface to the distributed database (i.e. database coordinator). In [1] authors propose strategies for query execution in mobile databases distributed over a mobile network. The underlying network architecture of the database is based on 3G telephone networks.

2.3 Advantages of Mobile Agents in Mobile Environment

Applying agent technology to complex systems can easily fulfill dynamicity, flexibility and adaptability requirements. A mobile agent can autonomously migrate from one agent platform to another to interact with other agents and to retrieve information and bring back the results. Mobile agents are advantageous in particular in mobile environments where there is intermittent connectivity, low bandwidth and limited local storage. Furthermore, according to [9] there are seven good reasons to use mobile agents: They reduce the network load; they overcome network latency; they encapsulate protocols; they execute asynchronously and autonomously; they adapt dynamically; they are naturally heterogeneous, and finally they are robust and fault tolerant. In [10] Several works showed that mobile agent technology has been identified as an efficient tool for searching and retrieving information from the Internet. Compared to remote procedure call (RPC), a mobile agent migrates to the node where the data is located instead of transmitting data across the network and returns to the original node with the results. Mobile agent is an alternative technology that can be used to reduce the execution time and bandwidth usage dramatically.

3 MOBIFLEX_Data

Our idea is to propose a simple architecture not difficult to implement or to manage to deal with mobility and distribution issues in mobile databases systems as an

alternative to solutions proposed in most of works related with this problem, our contribution is to bring together two mature and flexible paradigms: mobile agents and web-services.

3.1 MOBIFLEX_Data Architecture

MOBIFLEX_Data is a simplified architecture inspired from MOBIFLEX architecture[11]. MOBIFLEX was initially proposed as a suitable architecture for mobile workflows, the transaction with databases is enacted in the proper order by a mobile agent so that the mobile device can launch the query and receive the results in a disconnected manner. Finally compared to other approaches MOBIFLEX_Data combines together mobile agents, and Web-Services in the same architecture.

The association agent/Web-Services enhance mobile databases architecture with more flexibility and adaptability. Web-Services can be used as the main integrating tool not only at intra-enterprise level but at inter-enterprise level too: It becomes possible to connect distributed and heterogeneous databases and even legacy ones in a homogeneous manner. By this way the integrity and smooth integration of the enterprise can be preserved by creating specific secured gateway local Web-Services interfacing the information system to disparate nodes or external ones. Each database in the distributed framework is assumed to be interfaced with an adapted web-service. We notice to that the prevailing opinion today is that Web-Services paradigm will become the dominant form of distributed computing within this decade and beyond, business processes are becoming more and more distributed and service-oriented and mobile distributed databases can benefit greatly from Web standards like BPEL and SOAP. The behavior of the mobile agent has to be enhanced by specific functionalities to translate classical database query in a convenient Soap message and in return to extract data from Soap answers. The architecture is enhanced with a fault tolerant algorithm managing the motion of the agent between sites. Figure 1. shows main elements of MOBIFLEX_Data architecture.

3.2 Fault Tolerance Model

In MOBIFLEX_Data, prior to each M-Explorer migration, an archival copy of the agent is stored at the site from which it is migrating. One way to recognize the failure is based on expiration of the duration for the M-Explorer to complete the sequence or to send a notification when needed (i.e., a time-out occurs). The late can be caused either by a crash of the M-Explorer, or by some unavailability of the destination. When this occurs, the last known copy of the M-Explorer can be recovered through a search across the sequence path as presented in[12] and then do suitable actions to resume the itinerary by reactivating the copy of the M-Explorer, and eventually changing its itinerary. (See the algorithm in listing 1).

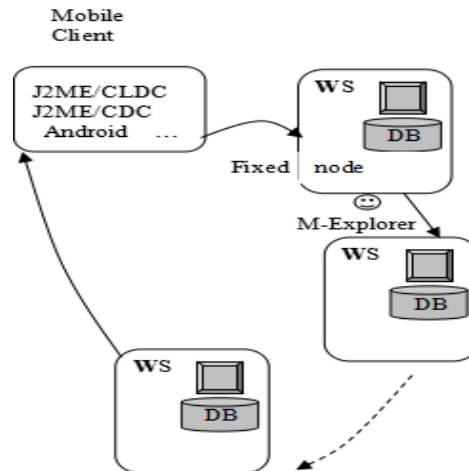


Fig. 1. MOBIFLEX _ Data Abstract Architecture

```

Begin
  Send an M-explorer at time  $T_0$ 
  /*at each visited site the agent make a correct archival
  copy of himself
  While collecting-operation not completed do
    -Compute the approximative duration  $D$  to
    -complete the itinerary
    /*  $L$ :Admissible time-out percentage
    At time  $T > T_0 + D(1+L)$ 
    If the M-explorer is back with results
      -Perform suitable actions
    Else /*failure
      -Perform a binary search to locate the site of the
      last correct M-explorer copy
      -identify the cause of late
      If the cause is an M-explorer crash
        -reactivate its last correct copy
      Else
        If insolvable next step
          -update the itinerary
          - the M-explorer resumes
        Else /* the user
          if possible
            - correct and repeat
          Else
            - abort
          endif
        endif
      Endif
    Endif
  Endwhile
end
  
```

Listing 1. Mobiflex-Data Fault Tolerance Algorithm
150

3.3 Validating MOBIFLEX_Data: A Performance Analysis Model

By a performance model we aim to compare analytically performance of mobile agent based database queries and classical RPC queries; so we provide a mathematical model for the evaluation of the system under various considerations by fixing certain parameters as constants and making others variable.

This analysis is based on some works namely [13], [14], [15]. In [16] mathematical methods have been used to analyze and estimate the overall quality of service (QoS) of Web-Services based processes. Our formulation takes into account the migration of the mobile agent and the invocation of Web-Services in a single mathematical model.

Comparing the Network Load

At each stage i a request of size β_r is sent to the concerned node i and a reply of size β_p is received. The network load (in bytes) for a simple remote procedure call from the mobile device to a node S_i consists of the size of the request B_r and the size of the reply B_p received and thus the total load for the n interactions can be calculated as the sum of all the requests sent and the replies received.

$$L_{static} = n(\beta_r + \beta_p) \quad (1)$$

In the case of MOBIFLEX_Data interactions, the network load for the migration of an agent A from a site S_1 to a different site S_2 is calculated as follow.

$$L_{mobile}(S_1, S_2, A_s) = Code_s + 2State_s + 2data_s + (1 - \sigma)\beta_p \quad (2)$$

Where $code_s$ is the size in kilo-bytes of code, $state_s$ the size of execution state of the agent, $data_s$ the size of data transported by the agent and β_r the size of the request. The size of reply is represented by β_p . β_p is reduced (filtering and compressing) to $(1 - \sigma)Rep_s$ by the agent, with $(0 \leq \sigma \leq 1)$ where σ models the selectivity of the agent. At last stage when the M-Explorer comes back, only and the replies are brought to S_0

Total network load for the mobile agent approach equals:

$$L_{mobile}(S_1, S_2, A_s) = Code_s + 2State_s + 2data_s + n(1 - \sigma)\beta_p \quad (3)$$

Comparing the Execution Time.

Case of the RPC based model.

In this context when the database query is sent; interactions are traditionally done through RPC [15], a classical RPC includes binding to the server (destination site), marshalling, transfer, unmarshalling of (the request parameters), execution of the request, and marshalling, transfer and unmarshalling of the reply (marshalling and unmarshalling are transformation of data in a transport format and back). The execution time taken by a single Web-Service invocation has three components: Service Time (S), Message Delay Time (M) and Waiting Time (W). Service Time is the time that the Web-Service takes to perform its task. Message Delay Time is the time taken by the SOAP messages, in being sent/received by the invocation call. Waiting Time is the Web-Service invocation delay caused by the load on the system where the Web-Service is deployed. Thus, the Total Invocation Time (T) for a Web-Service ω is given by the following formula:

$$T(\omega) = M(\omega) + W(\omega) + S(\omega) \quad (4)$$

Since the bandwidth (throughput) and size of information transferred are very significant in our comparison, we prefer to give a more detailed expanded formula.

In practice before being sent the XML message is processed as any other message over the network, the processing time include specific tasks such as checking bit errors, determining output link, and of course marshalling of the message, for our study we consider only the marshalling time with factor μ since other tasks are very negligible. If the Web-Service is local, marshalling and unmarshalling are not necessary. Furthermore, the delay time Dt (latency) includes the queuing time Qt , the transmit time Tt and the propagation time Pt . The sum δ of the propagation time Pt and the queuing time Qt is said basic latency so that $Dt = \delta + Tt$:

if the XML message has a size $\beta(\omega)$ in Kilobytes then $T = \beta(\omega) / \tau$ where τ is the throughput at the node where the Web-Service resides. In our study, we are interested to know how long it takes to invoke the Web-Service and receive the reply back, so we consider RTT (round-trip time).

Since the mobile database query is assumed to be enacted on the Intranet of the enterprise and for the sake of simplicity we consider that the difference between queuing times of the two ends of a link is negligible so that the basic latency is similar at these two points. In another hand we consider that the request (the Soap message sent) and the reply (the Soap message received) have identical sizes. We consider also an action with time ρ (for example to generate the soap request message) With these assumptions the RTT for a simple invocation of a Web-Service ω on site S_1 with a request Soap message of size $\beta_r(\omega)$ and a response Soap message of size $\beta_p(\omega)$ by a client residing in site S_0 (mobile device) can be expressed as follow:

$$RTT(\omega) = 2\delta(S_0, S_1) + \left(\frac{1}{\tau(S_0, S_1)} + 2\mu \right) (\beta_r(\omega) + \beta_p(\omega)) + W(\omega) + S(\omega) + \rho(\omega) \quad (5)$$

The total execution time T_c for the RPC query in whole can be calculated as follow.

$$T_c = \sum_{i=1}^n \left(2\delta(S_0, S_1) + \left(\frac{1}{\tau(S_0, S_1)} + 2\mu \right) (\beta_r(\omega) + \beta_p(\omega)) + W(\omega) + S(\omega) + \rho(\omega) \right) \quad (6)$$

Case of MOBIFLEX_Data Queries.

A classical migration includes serialization, transmit and deserialization of code, data and execution state of the agent to the server (serialization is the marshalling process specific to mobile agents). The M-Explorer has obviously also to perform a local invocation of the Web-Service; in this case the message delay time is negligible. With these assumptions, the execution time for the M-Explorer's itinerary, without checkpointing can be calculated by adding together the total serialization/deserialization time, the total transmit time, the total latencies time and the total Web-Services waiting times and service times.

$$\mu(n+1)(code+2state+2data)+2\delta_m+(n-1)\delta_f + \left(\frac{2}{\tau_m} + \frac{n}{\tau_f} \right) (code+state+data) + \sum (W(\omega_i) + S(\omega_i) + Ds(\omega_i)) \quad (7)$$

Where δ_m and δ_f indicate average values of latencies of mobile links and fixed links respectively when τ_m and τ_f , are average values for wireless and fixed throughputs.

In the fault tolerant model, the total network execution time for the M-Explorer's itinerary REKS must be calculated taking into account that a copy of the agent is stored at each visited site, if a certain time-out occurs the sender performs a search among all sites of the itinerary, to recover the last available and correct copy of the M-Explorer.

If this copy is found at site k , it sends a message of size to site k so that a new M-Explorer is restored from the copy and reactivated to resume the itinerary. We suppose that a binary search is performed and require at each step an informational message of size I_s to be sent by the sender and a response of size R_s to be received.

Furthermore To model the average checkpointing-recovery-rollback costs, we need to evaluate additional load in the network, execution time of the checkpoint, time to detect failure and time to recover state after a failure, so we need these additional variables:

- _ D_i : Speed of Local Disk Write in site S_i measured in kilo- bytes per second
- _ F : probability of Sequence Path Failure,
- _ L : factor of acceptable time-out as percentage of expected execution time.

Since a binary search among n nodes implies at average $\log_2(n)$ steps, we conclude that additional load necessary to perform the recovery-rollback procedure is given by next equation:

$$A_L = (\log_2(n) * (I_s + R_s) * (I_s + R_s)) + REK_s \quad (8)$$

Additional load is comprised of all informational messages and responses respectively sent and received plus the message REKs. As assumed above a checkpoint consists of a local disk write of a copy of the M-Explorer, so that total checkpointing time can be calculated as follows:

$$T_{check} = \sum_{i=1}^n \frac{code + state + data}{Di} \quad (9)$$

While recovery-rollback time is calculated like this

$$RR = \left(\log_2(n) * \left(\frac{I_s + R_s}{\tau_m} \right) \right) + \frac{REK_s}{\tau_m} \quad (10)$$

Where τ_m is the average throughput for wireless links in the network. Formulation for expected additional execution time for this fault-tolerance model can be given by this equation:

$$AT = T_{check} + F(RR + L * TT_{mobile}) \quad (11)$$

4 Numerical Validation.

This section tries to compare the RPC based approach and the mobile-agent approach for a typical scenario. For the sake of simplicity and without loss of significance, we assume disk write speeds, identical for all the fixed sites (S1 ...Sn) hosting databases ; and we consider W and S the average waiting time and service time of Web-Services on the enterprise network. Table (1.) presents the presumed characteristics of this typical scenario, these values are proposed from some experimental and benchmarking studies given in works such as [13] [14] [15]. Particularly in [17]. δ_m , τ_m , δ_f , τ_f are average values for wireless and fixed throughputs and latencies (The purpose is essentially to compare the two approaches in the same conditions.

At a first step the M-Explorer migrates from the node (S0) to the first site of its itinerary (S1) through a mobile connection, then performs its itinerary from S1 to Sn through high bandwidth connections and finally returns back from the last site (Sn) to its original location through a mobile connection again. For a number of stations different from one, the number of low bandwidth links increases in the RPC based model so that it is not possible any more to produce good performance in time (fig. 2).

Figure 3 shows that RPC based queries produce fewer loads than MOBIFLEX_Data model; for a number of stations less than six, beyond that, number of low bandwidth interactions increases in the RPC model so that it is not possible any more to produce good performance in load also. Furthermore, figures 4 and 5 show that additional time and load induced by fault-tolerance mechanism are negligible.

Table 1. Parameters Retained for the Case Study

parameter	meaning	value
$Code_s$	Size of mobile agent code	25 Kb
$State_s+data_s$	Size of mobile agent state+data	8 Kb
ρ	Execution time of a local task	100 ms
β_{rs}	Size of the soap request	4Kb
β_p	Size of the soap reply	6 Kb
I_s	Size of informational message	2 Kb
R_s	Size of reply for I_s	3 kb
REK_s	Size of reactivation message	3 Kb
$D_i \quad i=1 \dots n$	Disk write Speed	2000 Kb/s
μ	Marshalling/unmarshalling factor	5 ms /Kb
σ	Compression factor of the agent	0.40
F	Probability of failure	0.1
L	Percentage of acceptable time-out	0.01
$\tau(S0,S1)$	Throughput of wireless link	50 kb/s
$\delta(S0,S1)$	Latency of wireless link	200 ms
$\tau(S_i,S_{i+1}) \quad i=1 \dots n$	Throughput of wired links	500 Kb/s
$\delta\tau(S_i,S_{i+1}) \quad i=1 \dots n$	Latency of wired links	50 ms

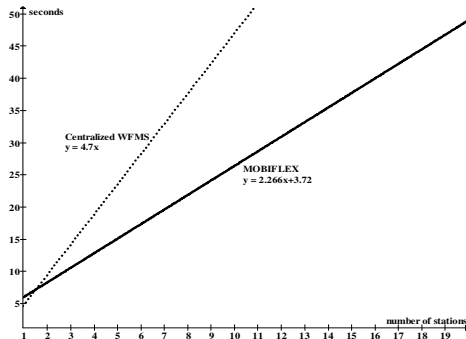


Fig. 2. Execution time of centralized model and MOBIFLEX based model in mobile environment

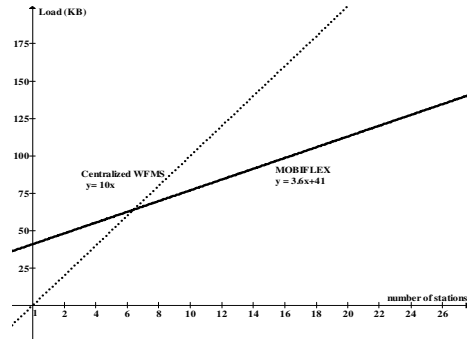


Fig. 3. Comparing the network load in centralized and MOBIFLEX model

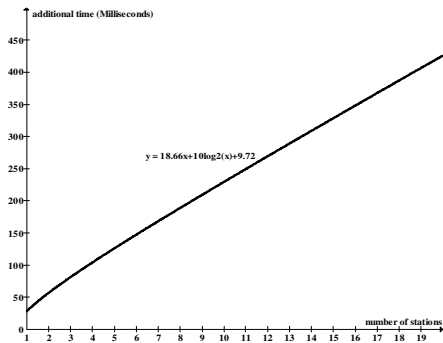


Fig. 4. Additional time induced by fault-tolerance mechanism

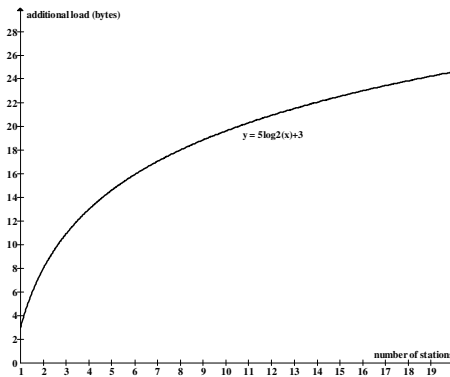


Fig. 5. Additional load induced by fault-tolerance mechanism

4 CONCLUSION

In this paper we showed that mobile agents combined with web-services can be a convenient solution to deal with many issues induced by mobility and affecting databases in mobile environment especially when these databases are distributed. We demonstrate this view point analytically and we can conclude that mobile agents/web-services technology is well-suited to mobile environment in general. Future challenges for this proposition is to work on particular multi-agents platforms suitable for mobile devices making it easy to implement such solutions.

5 REFERENCES

1. Obaid, A., Amja, A.M., Mili, H., Seguin, N. : Query execution on a mobile database system. In: Proceedings of the 27th Annual ACM Symposium on Applied Computing. New York (2012)
2. Unhelkar, B. : Mobile Enterprise Transition and Management. CRC press Taylor and Francis group PP 121 (2009)
3. Walter, T. Bussard, L. Roudier, Y. Haller, J. Kilian-Kehr, R. Posegga J., Robinson, P. : Secure mobile business applications – framework, architecture and implementation. information Security Technical Report, 9 6--21 (2004)
4. Sangho, L., Jangwon, S. , Hyeong-Dong, P. : BoreholeAR: A mobile tablet application for effective borehole data- base visualization using an augmented reality technology. Computers & Geosciences Elsevier 76 , 4149 (2015)
5. Bossea, S. : Unified Distributed Computing and Co-ordination in Pervasive/Ubiquitous Networks with Mobile Multi-Agent Systems using a Modular and Portable Agent Code Processing Platform. Procedia Computer Science Elsevier 63, 56 -- 64 (2015)
6. Sanditaa, A. V., Popirlana, C. I. : Developing A Multi-Agent System in JADE for Information Management in Educational Competence Domains. Procedia Economics and Finance, Elsevier. 23, 478 – 486 (2015)
7. Dzolkhifli, Z. , Ibrahim, H., Affendey, L. S. : Data Caching Strategies for Checking Integrity Constraints of Mobile Database. In : Proceedings of information integration and web-based application services (iiWAS2008) November 24-28, Linz, Austria. 186—192 (2008)
8. Bose, B., Sane, S. S. : DTCOT: distributed time-out based transaction commit protocol for mobile database systems. In: Proceedings of the International Conference and Workshop on Emerging Trends in Technology ICWET '10 Mumbai India. February 26-27 518—523 (2010)
9. Lange, D. B., Oshima, M. : Seven Good Reasons For Mobile Agents. communication of the ACM, 42 88--89 (1999)
10. Selamat , A., Selamat , Md. H. : Analysis on the performance of mobile agents for query retrieval. Information Sciences. Elsevier. 172 281--307 (2005)
11. Bouchoul F. Mostefai, M. : Agent-services and mobile agents for an integrated HCIS. International Journal of Computer Integrated Manufacturing, (IJCIM) Taylor and Francis editor 22 458-471 (2009)
12. Bouchoul F. Mostefai M. and Kaddem,Z. :. Towards MManufacturing - Case Study: a Fault Tolerant Model for M-Maintenance of Spare Parts with Mobile Agents, in IEEE:Proc. of Fourth international conference: Sciences of Electronic, Technologies of Information and Telecommunications SETIT 2007 Hamamet, Tunisia mars 25-29 (2007)
13. Osman, T. Wagealla W., Bargiela, A. : An approach to rollback recovery of collaborating mobile agents In : IEEE Trans. Syst., Man, Cybern. 34 48–57 (2004)
14. Patel R. B. and Garg .K. : A Comparative Study of Mobile Agent and Client-Server technologies in a Real Application. In: 11th International Conference on Management of Data (COMAD 2005), Goa, India, January 6-8 176--182 (2005)
15. Straber, M., Schwehm. M. : A performance model for mobile agent systems. In : Proceeding . of Int. Conference on Parallel and Distributed Processing Techniques and Applications (PDPTA'97) Las Vegas 1132--1140 (1997)
16. Cardoso, J. Sheth, A. Miller, J. Arnold ,and Kochut, K. : Quality of service for workflows and Web-Service processes. Web Semantics: Science, Services and Agents on the World Wide Web. 1 281--308 (2004)
17. Chandrasekaran S. : Composition, performance analysis and simulation of Web-Service. , A thesis submitted to the graduate faculty of the university of Georgia in partial fulfillment of the requirements for the degree master of science Athens,Ggeorgia . (2002)

Multi-database Classification Approaches: A Literature Review

Miloudi Salim, Sid Ahmed Rahal Hebri and Khiat Salim,

University of Sciences and Technology of Oran Mohamed Boudiaf (USTO-MB).
BP 1505 El M'Naouar, 31000 Oran, Algeria
salim.miloudi@univ-usto.dz, Rahalsa2001@yahoo.fr, salim.khiat@univ-usto.dz

Abstract. Many large organizations may need to explore their multiple databases distributed through their branches in order to extract useful information for business decision making. Traditional data mining techniques called mono-database mining integrate all the data from these databases to amass a huge dataset for knowledge discovery. However, this approach may generate an expensive search cost for centralized processing and might disguise some important patterns. To deal with the latter problems, a multi-database classification (MDC) approach is applied to discover the groups of relevant databases we need to analyze to get optimal results. This paper presents a state of the art review on existing MDC approaches and algorithms proposed in the literature. A comparative study is presented in an attempt to improve the existing works.

Keywords: Multi-database classification (MDC), Database clustering, Database selection, Relevance factor, Similarity measure, Goodness measure, Pattern Analysis, Frequent-itemsets, Association rules.

1 Introduction

Large organizations have different types of business distributed through their branches and each branch may have its own database which collects continuously transactions from customers. For analyzing purpose, it is important to mine these multiple databases to discover new patterns useful for the decision making process. Traditional data mining techniques known as *mono-database mining* [1-4] integrate all the data from these databases to form one dataset for knowledge discovery. Nevertheless, this process may accumulate a huge database for centralized processing and may hide some important patterns reflecting the characteristics of the branches. For example, a pattern such as “75% of the branches in certain regions observe that 30% of coffee’s purchases imply also the purchase of sugar” cannot be discovered by using the traditional techniques. In addition, it’s not always obvious to integrate all the data from the multiple databases due to the data privacy and data irrelevancy issues. To overcome the latter problems, one solution is to select the databases which are the most likely relevant to a certain user-request. H. Liu, H. Lu and J. Yao[5,6] have proposed an approach to identify the relevant databases for a certain data-mining task. This approach is referred to as *database-selection*, which is dependent on the application specified by the user. When the data-mining task doesn’t reference any

application, the database-selection approach won't work. In this case, the users need an effective way to classify the multiple databases without specifying any application. That's why Wu X, Zhang C and Zhang S [7] have proposed a new approach for database classification which is independent-application, This MDC approach aims to cluster the multiple databases into disjoint groups of similar databases using an appropriate similarity measure. Then, each database group can be analyzed individually to discover new patterns such as *exceptional patterns* [1], which are useful to make decisions specific to some branches. Few MDC algorithms have been proposed in the literature [7-10]. These algorithms differ in (1) the similarity measure used to identify the relevant databases, (2) the goodness measure used to assess the quality of a classification and (3) The time complexity to find the best classification. Each algorithm has advantages and limitations, which need to be discussed. Designing an efficient MDC algorithm remains an important research topic in developing robust multi-database systems.

The rest of the paper is organized as follows. Section 2 presents in details the existing MDC approaches proposed in the literature. Section 3 discusses and compares the different MDC algorithms. In Section 4, we present some propositions to improve existing MDC approaches and Section 5, concludes the discussion and highlights the future works.

2 Presentation of the MDC Approaches

In the literature, we distinguish two MDC approaches according to whether it is dependent or independent application.

2.1 Dependent-application Approach for MDC

A dependent-application classification strategy referred to as *database-selection* [5,6] aims to identify databases which are relevant to a certain user-request denoted Q . A relevance factor, RF , is proposed in [5,6] to evaluate the deviation between Q and the attributes of each database.

Let $D(A_0, A_1, \dots, A_n)$ be a relational database with $n+1$ attributes and $Q = A_0 \text{ relop } Q_value$ be a user query such that $relop \in \{\leq, \geq, \neq, =, <, >\}$ and Q_value is a constant value in the domain of A_0 . Let $s = A_j \text{ relop } C_k$ be a user-request instance, called a *selector* for $j=1$ to n and $k=1$ to m .

Definition 1. The relevance factor of a selector s with a respect to Q is defined as follows.

$$RF(s, Q) = \Pr(Q \wedge s) \log_2 \frac{\Pr(s|Q)}{\Pr(s)}. \quad (1)$$

Where $\Pr(s \wedge Q)$ is the frequency ratio of appearing of both s and Q together in D and $\Pr(s)$ is the frequency ratio of s appearing alone. $\Pr(s/Q)$ is the frequency ratio of s appearing knowing that Q occurs, that is, $r(s/Q) = \frac{\Pr(s \wedge Q)}{\Pr(Q)}$.

A database is relevant to Q if there exists at least one selector $s = A_j$ relop C_k such that $RF(s, Q) > \delta$ and $\delta > 0$ is a user-defined threshold. More the value of $RF(s, Q)$ is high, more a selector s is relevant with a respect to Q . The logic of proposing such relevance measure in [5,6] is that the ratio $\frac{\Pr(s/Q)}{\Pr(s)}$ measures the degree of correlation between $\Pr(s/Q)$ and $\Pr(s)$. That is, if $\frac{\Pr(s/Q)}{\Pr(s)} > 1$, then s occurs frequently with Q , consequently, s and Q are correlated and D is relevant. Fig.1 depicts the database selection approach described in [5,6]. Once identified, relevant databases are mined to discover useful patterns with a relationship with the user-request.

Database selection is an efficient strategy to reduce the search cost for datamining applications. However, this approach remains dependent on the user-request. In fact, when a datamining task is carried out without referencing any application, database selection cannot be applied. The problem above motivated many authors to design a new MDC algorithms independent-application [7-10] to deal with the limitations of the dependent-application approach.

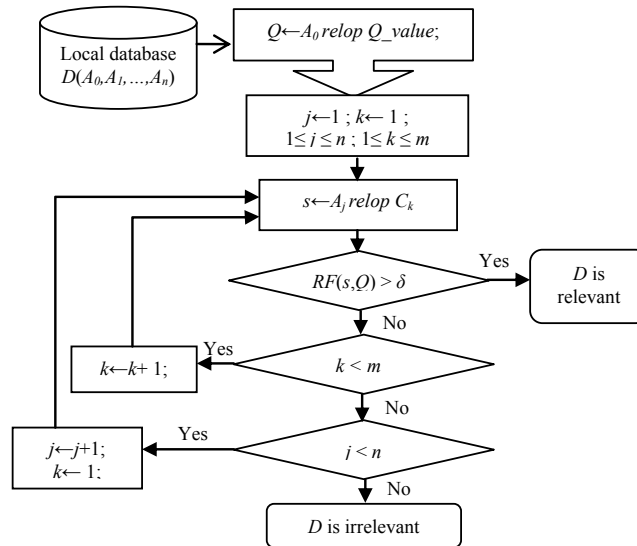


Fig. 1. Database-selection approach.

2.2 Independent-application Approach for MDC

Given a set of n databases D_1, D_2, \dots, D_n corresponding to the n branches of an inter-state company. An independent-application classification strategy is referred to as database clustering which aims to group the n databases into distinct clusters without

specifying any application. For example, if a large company has 10 branches including 5 branches for household appliances, 3 branches for clothing and 2 branches for food, we cannot apply existing data mining techniques over the union of the 10 branch databases. We might need to classify them into 3 clusters according to their type of business, and then we could analyze each database cluster individually. Consequently mining the multiple databases becomes more manageable. Database clustering uses a similarity measure to determine the relevance between databases. Two databases D_i and D_j are relevant if their similarity value is above a certain similarity level δ , that is, $sim(D_i, D_j) \geq \delta$.

To search for the best classification of a set of n databases $D = \{D_1, D_2, \dots, D_n\}$, existing MDC algorithms in [7-10] generate $m \in [1, \frac{n^2-n}{2}]$ candidate classifications incrementally until finding the best classification which optimizes a certain *goodness* measure.

In general, an independent-application MDC algorithm performs as follows.

- a) Build a similarity matrix of size $n \times n$ using a similarity measure *sim*. In Section 3, we present some similarity measures.
- b) For each distinct similarity value δ listed in a sorted order, a candidate classification $class(D, sim, \delta)$ is generated such that two database D_i and D_j are put in the same cluster if $sim(D_i, D_j) \geq \delta$. In [7], each similarity level δ is selected based on a step value δ given initially by the user.
- c) Evaluate each candidate classification using a quality measure *goodness*. The 3 steps above are described in Fig.2.

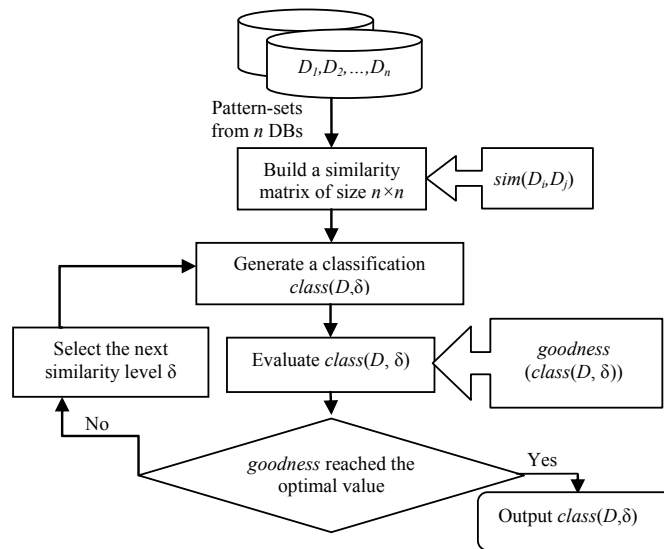


Fig. 2. Multi-database classification independent-application.

Few classification algorithms independent-application have been proposed in the literature [7-10]. An effective database classification depends on the use of an appropriate similarity measure. In fact, to classify the multiple databases, we need to know which parameter is used to calculate the relevance between two databases. In addition, an optimal MDC method depends on the algorithm used to generate and search for the best classification. These algorithms should find the best classification using the minimum of resources in terms of CPU cost and memory usage. In the following section, we present a comparative study of the different MDC algorithms proposed in the literature.

3 Discussing and Comparing Existing MDC Algorithms

The authors in [5,6] have proposed an algorithm to select databases or tables containing specific information with respect to the user-request Q . The time complexity of the proposed algorithm is $O(m \times N \times M)$ times, such that N and M are the maximum number of records and attributes in the m databases respectively. Obviously, for large databases, the time complexity is going to increase significantly. The proposed algorithm named *RelevantDB* shows some limitations too. In fact, as described in [5,6], *RelevantDB* identifies a database as relevant if it contains at least one selector with a high value of a relevance factor RF whereas a database which contains many selectors with RF values smaller but close to the threshold value δ is discarded. Such database may provide useful information for certain data-mining tasks and should be taken into consideration.

Database selection represents a feasible way to avoid joining irrelevant databases with the relevant ones and then it reduces the search space to explore and enhances the quality of discovered patterns with the reference to the user-request. However for real world applications, this method needs to be preformed many times to identify relevant databases for more than one application. Moreover, due to the privacy issue, some branches may refuse to share their original row data. In this case, database selection cannot be applied too since it requires a direct access to the records of each databases.

The previous work motivated Wu X, Zhang C and Zhang S [7] to propose a new approach independent-application for classifying transactional databases. Thus, two similarity measures, sim_1 and sim_2 have been proposed to group similar databases into disjoint clusters without specifying any application.

Definition 2. The similarity $sim_1(D_i, D_j)$ is computed based on the set of items shared between two transactional databases D_i and D_j and it is defined as follows.

$$sim_1(D_i, D_j) = |\text{Items}(D_i) \cap \text{Items}(D_j)| / |\text{Items}(D_i) \cup \text{Items}(D_j)| . \quad (2)$$

Where $|\text{Items}(D_i) \cap \text{Items}(D_j)|$ is the number of elements in the set $\text{Items}(D_i) \cap \text{Items}(D_j)$.

Definition 3. The similarity $sim_2(D_i, D_j)$ is calculated based on the of items shared between the association rule sets S_i and S_j extracted from D_i and D_j respectively.

Such that, an association rule $R: A \rightarrow C$ from S_i is an implication between the frequent itemsets A and C in S_i which confidence value, $\text{supp}(AUC) / \text{supp}(A)$, is above the minimum confidence threshold value. sim_2 is defined follows.

$$\text{sim}_2(D_i, D_j) = |\text{Items}(S_i) \cap \text{Items}(S_j)| / |\text{Items}(S_i) \cup \text{Items}(S_j)|. \quad (3)$$

The number of items involved in computing sim_1 is more than that of sim_2 . At a given minimum support and confidence threshold values, an algorithm for association rule mining may not extract any rule from a database. Hence, the accuracy of sim_1 is higher than that of sim_2 . Based on the previous similarity measures, an algorithm, *BestClassification* [7] has been proposed to search for the best classification of a databases set $D = \{D_1, D_2, \dots, D_n\}$. The algorithm calls a procedure *GreedyClass* to generate a complete classification, $\text{class}(D, \text{sim}, \delta)$, for each similarity level δ (initially defined by the user).

Property 4. Let $\text{class}(D, \text{sim}, \delta) = \{\text{class}_1^\delta, \text{class}_2^\delta, \dots, \text{class}_k^\delta\}$ be a classification of k clusters generated at a similarity level δ . Then, $\text{class}(D, \text{sim}, \delta)$ is complete if the following properties are verified.

- a) $\text{class}_1^\delta \cup \text{class}_2^\delta \cup \dots \cup \text{class}_k^\delta = D$
- b) For any two clusters class_l^δ and class_h^δ , $l \neq h$, $\text{class}_l^\delta \cap \text{class}_h^\delta = \emptyset$
- c) $\forall D_i$ and D_j in class_b^δ , $\text{sim}(D_i, D_j) \geq \delta$
- d) $\forall D_i \in \text{class}_l^\delta$ and $D_j \in \text{class}_h^\delta$, $l \neq h$, $\text{sim}(D_i, D_j) < \delta$

Different classifications could be obtained by varying the similarity level δ . That's why Wu X, Zhang C and Zhang S [7] have proposed a goodness measure to evaluate each candidate classification in order to select the best one.

Definition 5. The goodness value of $\text{class}(D, \text{sim}, \delta)$ is defined as follows.

$$\text{goodness}(\text{class}, \delta) = \sum_{l=1}^k \sum_{D_i, D_j \in \text{class}_l^\delta}^{i \neq j} (1 - \text{sim}(D_i, D_j)). \quad (4)$$

goodness describes the sum of distances $(1 - \text{sim}(D_i, D_j))$ between each database pair (D_i, D_j) in each cluster. Smaller the value of *goodness*, better is the classification.

Definition 6. To select the best complete classification, a distance measure called *distance*(class, δ) is defined as follows.

$$\text{distance}(\text{class}, \delta) = |\text{goodness}(\text{class}, \delta) - k|. \quad (5)$$

Where k is the number of clusters in $\text{class}(D, \text{sim}, \delta)$. The complete classification which gets the smallest value of $\text{distance}(\text{class}, \delta)$, is selected as the best complete classification under the similarity level δ . The time complexity of *BestClassification* [7] is $O(h \times n^4)$, such that n is the database number and h is the number of candidate classification generated before obtaining the best classification. Although good experimental results are obtained in [7] for certain similarity values, the time complexity of the algorithm remains high and becomes severe when the database number increases. Moreover, the proposed algorithm fails to find the best

classification when the step size of searching λ is incorrectly initialized as shown in [8]. In some cases, the while-loop of the algorithm doesn't terminate and may generate an infinite loop without finding any classification. The latter problem is due to the strong dependence of the algorithm on the similarity step size which is a user-input.

Motivated by the previous works, Li H, Hu X and Zhang Y [8] have modified the algorithm *BestClassification* [7] in order to optimize its time complexity and obtain correctly the best complete classification of a set of n databases. Thus, the same concepts (similarity and goodness measures) defined in [7] have been used. In order to avoid missing the best classification in case in which an incorrect step size has been chosen, the distinct similarity values between the n databases are used as similarity levels to generate classifications. Thus, for each distinct similarity value sorted in the increasing order, a classification is produced. The proposed algorithm is optimal comparing to *BestClassification* [7] with a time complexity of $O(h \times n^3)$, such n is the database number and $h \in [1, \frac{n^2-n}{2}]$ is the number of classification produced before obtaining the best classification.

The two algorithms above use the same similarity measure sim_1 [7] to cluster the multiple databases. Using a similarity measure based on items might be useful to estimate the correlation between large databases. In fact, extracting more information such as frequent itemset and association rules could be time consuming. However, sim_1 produces low accuracy in finding the correct similarity between two databases. The reason is that two transactional databases having many items in common are not necessarily similar.

In order to improve the accuracy of sim_1 [7], A.Adhikari and PR .Rao [9] have proposed a novel algorithm for multi-database clustering using a more accurate similarity measure, sim_3 , based on the support of frequent itemsets shared between databases.

Definition 7. sim_3 is defined as follows.

$$sim_3(D_i, D_j) = \frac{\sum_{x \in (FIS(D_i, \alpha) \cap FIS(D_j, \alpha))} \min\{supp(x, D_i), supp(x, D_j)\}}{\sum_{x \in (FIS(D_i, \alpha) \cup FIS(D_j, \alpha))} \max\{supp(x, D_i), supp(x, D_j)\}} \quad (6)$$

Where $\alpha \in [0,1]$ is the minimum support threshold, $FIS(D_i, \alpha)$ denotes the set of frequent itemsets reported from D_i under α and $supp(x, D_i)$ is the support of x in D_i . For each database pair (D_i, D_j) , $1 \leq i < j \leq n$, sim_3 is computed and stored in a similarity table. As in [8], for each distinct similarity value δ sorted in the decreasing order, a classification π^δ is generated.

Definition 8. The following goodness measure is used to evaluate each classification π^δ .

$$goodness(\pi^\delta) = |intra_sim(\pi^\delta) + inter_dist(\pi^\delta) - k| \quad (7)$$

Where $intra_sim(\pi^\delta)$ is the intra-cluster similarity and $inter_dist(\pi^\delta)$ is the inter-cluster distance and k is the number of clusters.

Definition 9. The intra-cluster similarity of π^δ is defined as follows.

$$intra-sim(\pi^\delta) = \sum_{l=1}^k \sum_{D_i, D_j \in class_l^\delta}^{i \neq j} sim_3(D_i, D_j, \alpha) . \quad (8)$$

Definition 10. The inter-cluster distance of π^δ is defined as follows.

$$inter-dist(\pi^\delta) = \sum_{class_l^\delta, class_h^\delta}^{l \neq h} \sum_{D_i \in class_l^\delta, D_j \in class_h^\delta}^{i \neq j} (1 - sim_3(D_i, D_j, \alpha)) . \quad (9)$$

The best classification is selected based on maximizing both the intra-cluster similarity and the inter-cluster distance. Hence, higher the value of *goodness*, better is the clustering.

The proposed algorithm in [9] is optimal in terms of running time. It takes $O(m \times n^2)$ to find the best classification, such that n is the database and $m \in [1, \frac{n^2-n}{2}]$ is the number of all candidate classifications.

The experiments carried out in [9] show that the proposed algorithm is effective and finds the optimal classification only after examining few similarity levels. However, the time complexity of the algorithm still needs to be optimized.

In 2013, Yaqiong LIU, Dingrong YUAN, Yuwei CUAN [10] have proposed a new algorithm for classifying databases based on the same similarity measure proposed by A.Adhikari, PR .Rao [9]. The proposed algorithm proceeds as follows. Initially each class contains one database object. These classes are created at level 1. Based on the classes of the level 1, classes of the level 2 are formed by merging the i -th class containing D_i with the j -th class containing D_j only if $sim_3(D_i, D_j) \geq \delta$. The algorithm continues further until no more class can be generated.

The proposed algorithm generates all the possible classes per level. It is simple but the clustering isn't effective when the database number increases. In fact, the time complexity of the algorithm is exponential $O(t \times 2^n \times n)$ such that n is the database number and t the distinct similarity values between the n databases.

4 Improving Existing MDC Approaches

The efficiency of a MDC approach depends mainly on the accuracy of the similarity measure used to compute the relevance between databases and the time performance of the classification algorithm. Hence, improving the later parameters will lead to develop effective multi-database systems. In the following sections, we present some contributions to achieve our goals.

4.1 Enhancing Quality of the Similarity Measure

The similarity measure proposed in [9], $sim_3(D_i, D_j)$, takes into account only the frequent itemsets supported by both databases D_i and D_j and ignore frequent itemsets supported by one database. When a pattern X is not supported by D_i , that is, $X \notin FIS(D_i, \alpha)$, this doesn't mean that X is not present at all in D_i . It might be present with

a certain support value less than the minimum support threshold α . Hence, X may be frequent when the two databases are integrated and a mono-database mining is applied. Therefore, to estimate the support of X in D_i , in case in which $supp(X, D_i) < \alpha$, we could use the correction factor h proposed in [11].

Definition 11. The estimated support of X in D_i could be obtained as follows [11].

$$supp_s(X, D_i) = h \times \alpha . \quad (10)$$

Where $h \in [0,1]$. Choosing an appropriate correction factor is related to the data distributed in the database. More the subsets of X are frequent with a high support value, higher is the probability to see them appearing together and hence, h must be chosen close to 1 in this case. In the absence of such information, setting $h=0.5$ is a suitable choice.

Definition 12. Based on the correction factor above, sim_3 could be improved as follows.

$$sim_4(D_i, D_j) = \frac{\sum_{x \in (FIS(D_i, \alpha) \cup FIS(D_j, \alpha))} \min \{ \Phi(x, D_i), \Phi(x, D_j) \}}{\sum_{x \in (FIS(D_i, \alpha) \cup FIS(D_j, \alpha))} \max \{ \Phi(x, D_i), \Phi(x, D_j) \}} . \quad (11)$$

Such that, $\Phi(X, D_i) = supp(X, D_i)$ if $X \in FIS(D_i, \alpha)$, otherwise, $\Phi(X, D_i) = supp_s(X, D_i)$

Therefore, when X is not present in $FIS(D_i, \alpha)$, its support value is estimated using the corrector factor h and hence, $sim_4(D_i, D_j)$ will return more accurate results.

4.2 Optimizing the Execution Time

According to the study in the section 3, existing classification algorithms [7-10] generate hierarchical classifications that verify the following property.

Property 13. Let $class(D, sim, \delta_i)$ and $class(D, sim, \delta_j)$ be two candidate classifications of $D = \{D_1, D_2, \dots, D_n\}$ generated at two consecutive similarity level δ_i and δ_j . Then, for each cluster g_x in $class(D, sim, \delta_i)$, there is certainly a cluster g_y in $class(D, sim, \delta_j)$, such that $g_x \subset g_y$.

Despite of the latter property, the existing algorithms produce each classification independently, that is, instead to use the earlier clusters (e.i., generated in the previous classifications) to build the clusters of the next classification, they generate each classification starting from the initial state where each database forms one cluster $\{D_1\}, \{D_2\}, \dots, \{D_n\}$. Consequently the existing algorithms are time consuming and do unnecessary work.

To overcome the later problems, we need to generate each classification from the earlier clusters generated so far. In this section, we describe an improved approach for classifying the multiple databases.

We assume that each database has been mined using algorithms for frequent itemset discovery [12-14]. Let $D=\{D_1, D_2, \dots, D_n\}$ be the set of n transactional database objects to classify, then the problem of generating a classification $class(D, sim, \delta)$ at a similarity level δ , can be described in terms of determining the connected components of an undirected weighted graph $G=(D, E)$. We consider the database set $D=\{D_1, D_2, \dots, D_n\}$ as the vertex set of G and E the edge set. The weight of an edge $(D_i, D_j) \in E$ is the similarity value between the corresponding databases $sim_4(D_i, D_j)$. At a certain similarity level δ , there is an edge connecting two vertices D_i and D_j if $sim_4(D_i, D_j) \geq \delta$.

Initially, the graph $G=(D, E)$ is empty with n disconnected vertices, i.e., $E=\emptyset$. Then, similarities are calculated between each vertex pairs (D_i, D_j) using the similarity measure sim_3 , for $i, j=1$ to n . After that, edges are added to E starting with the vertex pairs having the highest similarity as follows. Let $\delta_1, \delta_2, \dots, \delta_m$ be the m distinct similarity values between the n databases sorted in the decreasing order (e.i., $\delta_1 > \delta_2 > \dots > \delta_m$) and let $E_{\delta_l} = \{(D_i, D_j) \in E, sim_4(D_i, D_j) = \delta_l, i, j=1$ to $n, i \neq j\}$ be the list of edges with weight value equal to δ_l ($l=1$ to m). For each distinct similarity value δ_l , a candidate classification $class(D, sim, \delta_l)$ is generated by adding the edge list E_{δ_l} to the edge set E such that $E = E_{\delta_1} \cup E_{\delta_2} \cup \dots \cup E_{\delta_{l-1}}$. Then, it remains to identify the connected component of G in order to discover the database clusters in $class(D, sim, \delta_l)$.

To determine and maintain the connected component of G , we use a modified version of the disjoint-forest data structure [15]. We have presented the classification algorithm and data structures in details on another paper [16].

At a given similarity level δ_l , if each connected component of G , denoted $g^{\delta_l}_k$ forms a clique (e.i., a subset of vertices, each pair of which is connected by an edge in E), then the corresponding classification $class(D, sim, \delta_l) = \{g^{\delta_l}_1, g^{\delta_l}_2, \dots, g^{\delta_l}_k\}$ is called a *complete* classification. For classification assessment, we use the *goodness* measure proposed in [9]. The complete classification with the maximum goodness value is selected as the best classification of the database set.

To find the best classification of the n multiple databases, the proposed approach examines once all the m edge lists E_{δ} to generate and evaluate m candidate classifications. The average size of each edge list is n^2/m . Therefore, exploring all the m edge lists by our method takes $O(n^2)$ time. The proposed algorithm is optimal when comparing with *BestDatabasePartition*[9], which takes $O(m \times n^2)$ time to find the best classification of the n multiple databases such that $m \in [1, \frac{n^2-n}{2}]$.

4.3 Experiments

To demonstrate the efficiency of the proposed similarity measure sim_4 , we use the database set example from [11]. Let D_1, D_2 and D_3 be three databases and their sizes (e.i number of transaction) are 10,000, 30,000 and 10,000 respectively. The support values of their corresponding itemsets are presented in Table 1.

Let the minimum support value be $\alpha=0.2$. Then, the itemset " $A C$ " will not be reported from D_3 since its support value is less than α , with $supp(A C, D_3)=0.15$.

Also, the itemsets "A D" and "C E" will not be reported from D_1 , because $supp(A D, D_1)=0.08$ and $supp(C E, D_1)=0.07$.

Table 1. Transactional databases with their corresponding itemsets

Databases	size	Itemsets with their support values		
		A C	A D	C E
D_1	10,000	0.30	0.08	0.07
D_2	30,000	0.40	0.35	0.40
D_3	10,000	0.15	0.40	0.50

Now, Let's calculate the similarity between the two databases D_1 and D_3 using $sim_3[9]$: $sim_3(D_1, D_3) = \frac{0+0+0}{0.3+0.4+0.5} = 0$.

Since sim_3 takes into account only the frequent itemsets shared between two databases and in this case "A C", "A D" and "C E" are not reported from D_1 and D_3 , then the numerator of sim_3 will be nil. However "A C", "A D" and "C E" do really exist in the previous databases and we should have estimated their support values to get more accurate results. By using a correction factor $h=0.5$, their estimated support values are obtained as follows : $supp_s(A C, D_3)=supp_s(A D, D_1)=supp_s(C E, D_1)=h \times \alpha=0.1$, which is approximately close to the real values. Now, if we calculate the similarity between D_1 and D_3 while including the estimated support values we get : $sim_4(D_1, D_3) = \frac{0.1+0.1+0.1}{0.3+0.4+0.5} = 0.25$. The similarity values between the remaining databases using sim_3 and sim_4 are presented in Table 2.

Table 2. The similarity table between the databases from Table 1 under sim_3 and sim_4

Databases	D_1		D_2		D_3	
	sim_3	sim_4	sim_3	sim_4	sim_3	sim_4
D_1	1	1	0.26	0.43	0	0.25
D_2	0.26	0.43	1	1	0.57	0.65
D_3	0	0.25	0.57	0.65	1	1

After classifying the 3 databases using $sim_3[9]$ and sim_4 , we got the best classifications presented in Table 3. As we can notice, D_1 does not belong to the cluster $\{D_2, D_3\}$ when using sim_3 because $sim_3(D_1, D_3)=0$. But, after using sim_4 , D_1 is added to $\{D_2, D_3\}$ and the *goodness* value of $\{D_1, D_2, D_3\}$ is larger than that of $\{\{D_1\}, \{D_2, D_3\}\}$. Hence, the proposed similarity measure sim_4 returns more accurate results.

Table 3. The best classification of the databases from Table 1 under sim_3 and sim_4

sim_3		sim_4	
$class(D, sim_3)$	$goodness(D, sim_3)$	$class(D, sim_4)$	$goodness(D, sim_4)$
$\{D_1\}, \{D_2, D_3\}$	0.31	$\{D_1, D_2, D_3\}$	0.33

5 Conclusion and Future Work

Multi-database classification (MDC) approaches have been improved from based on a given application to independent-application. In this paper, we have discussed the existing MDC approaches by presenting their advantages and point out their limitations. Inspired by the existing works, we have proposed some contributions to improve the existing classification algorithms. Future work will be directed toward assessing the proposed approach using real-world datasets and validate the tests on a real multi-databases system.

References

1. Zhang, S., Zaki, M.J.: Mining multiple data sources: local pattern analysis. *Data Mining and Knowledge Discovery*. Springer, pp. 121--125 (2006)
2. Zhang, S., Wu, X., Zhang, C.: Multi-database mining. *IEEE Comput. Intell. Bull*, 2 (1): 5-13 (2003)
3. Zhang S, Zhang C,Wu, X.: *Knowledge discovery in multiple databases*. Springer, New York (2004)
4. Adhikari, A., Ramachandrarao, PR., Pedrycz, W.: *Developing multi-database mining applications*, Advanced Information and Knowledge Processing. Springer-Verlag, London Limited (2010)
5. Liu, H., Lu, H., Yao, J.: Identifying relevant databases for multidatabase mining. In: *Proceedings of the Second Pacific-Asia Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, April 15--18 (1998)
6. Liu, H., Lu, H., Yao, J.: Toward multi-database mining: identifying relevant databases. *IEEE Trans. Knowledge Data Eng.* 13(4): 541--553 (2001)
7. Wu, X., Zhang C., Zhang, S.: Database classification for multi-database mining. *Information Systems*, 30(1): 71--88 (2005)
8. Li, H., Hu, X., Zhang, Y.: An improved database classification algorithm for multi-database mining. In: *Proceedings of the 3d International Workshop on Frontiers in Algorithmics*, Springer, Berlin/Heidelberg, pp. 346--357 (2009)
9. Adhikari, A., Rao, PR.: Efficient clustering of databases induced by local patterns. *Decision Support Systems*, 44(4): 925--943 (2007)
10. Yaqiong, L., Dingrong, Y., Yuwei, C.: Completely clustering for multi-databases mining. *Journal of Computational Information Systems*, 9: 16 (2013)
11. Thirunavukkarasu, Ramkumar., Rengaramanujam, Srinivasan.: The Effect of Correction Factor in Synthesizing Global Rules in a Multi-databases Mining Scenario. *Journal of computer science*, 6(3): (2009)
12. Agrawal, R., Shafer, J.:Parallel mining of association rules. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 8(6): pp. 962--969 (1999)
13. Agrawal, R., Ramakrishnan, S.: Fast algorithms for mining association rules. In: *VLDB'94*, pp. 487--499 (1994)
14. Jiawi, H., Jina, P., Yiwen, Y., Runying, M.: Mining frequent fatterns without candidate generation: a frequent-pattern tree approach. *Data Mining and Knowledge Discovery*, pp. 53--87 (2000)
15. Cormen, T.H., Leiserson, C.E., Rivest, R.L.: *Introduction to algorithms*. Cambridge, MA: MIT Press (1990)
16. Miloudi, S., Rahal, S.A., Khiat, S.: Contribution to improve database classification algorithms for multi-database mining, unpublished

Proposition d'une Approche de Médiation Sémantique dans MedPeer: Un Système d'Intégration de Sources de Données Hétérogènes Basé sur les Ontologies

Naïma Souâd Ougouti^{1,1}, Haféda Belbachir¹, Youssef Amghar²

¹University des Sciences et de la Technologie d'Oran-Mohamed Boudiaf (USTO-MB)
{Souad.ougouti@univ-usto.dz; s_ougouti@yahoo.fr; h_belbach@yahoo.fr;}

²LIRIS UMR 5205, Insa of Lyon,
{youssef.amghar@insa-lyon.fr}

Abstract. L'infrastructure Pair-à-Pair (P2P) combinée aux nouveaux concepts apportés par le web sémantique tel que les ontologies ont donné un nouveau souffle à la recherche dans le domaine des systèmes d'intégration de sources de données hétérogènes. Dans ce cadre, nous avons proposé un nouveau système de gestion de données hétérogènes et distribuées dans un environnement P2P nommé MedPeer. Parmi les fonctions de ce système, nous nous intéressons dans cet article au processus de médiation sémantique entre les pairs. Nous présentons donc les mesures de similarités utilisées pour trouver les correspondances entre les ontologies locales représentant les sources de données présentes au niveau des pairs et l'ontologie de domaine présente au niveau du super-pair.

Keywords: Web sémantique - Ontologies - Similarité – Voisinage sémantique.

1 Introduction

L'expansion des sources de données sur le web a généré un nouveau type d'applications ayant pour but l'intégration des données provenant de différentes sources qui sont souvent réparties, autonomes et hétérogènes. Dans le but de partager efficacement ce genre d'information, plusieurs solutions ont été proposées. Les systèmes pair-à-pair (P2P) en font partie. Dans ce contexte, nous avons présenté un nouveau système d'intégration des données hétérogènes dans un environnement P2P nommé MedPeer [1]. Ce système est basé sur une architecture Super-pair s'appuyant sur un regroupement des pairs selon le type de média (Textes, Images, Bases de données relationnelles, semi-structurées...). Chaque super-pair doit disposer d'une ontologie de domaine spécifique au type de média qu'il est en charge de représenter et doit gérer les pairs contenant des sources de ce type. Lorsque les pairs ont des schémas différents à gérer, une médiation sémantique est nécessaire pour venir à bout de l'hétérogénéité sémantique entre ces schémas.

Dans cet article, nous nous intéressons à ce dernier problème puisque nous présenterons une mesure de similarité globale entre les concepts d'une ontologie de domaine et ceux des ontologies locales propres aux différents pairs. Dans ce travail,

nous faisons l'hypothèse de pairs contenant des bases de données relationnelles. En première étape, des ontologies locales doivent être générées pour décrire les schémas de ces bases de données, ceci est réalisé par le biais d'une nouvelle méthode que nous avons proposée nommée Relationnel.OWL2E, qui permet à partir d'un schéma relationnel de générer automatiquement son ontologie correspondante basée sur le langage OWL2 [2] et [3]. En deuxième étape, le processus de médiation sémantique peut commencer, en comparant les concepts des deux ontologies dans le but de trouver des correspondances, qui seront stockées et utilisées dans le routage sémantique et la réécriture des requêtes.

Cet article est organisé comme suit : dans la section 2, nous présentons un état de l'art des principales approches d'alignement d'ontologies. En section 3, nous introduisons la fonction de mesure de similarité utilisée dans le cadre de notre travail. Dans la section 4 nous mettons l'accent sur la similarité de voisinage qui constitue la contribution essentielle de ce travail. La section 5 est consacrée à la présentation et à la discussion des résultats. Enfin nous terminons par une conclusion.

2 Etat de l'art

Pour pouvoir comparer un ensemble de concepts, il est nécessaire de disposer d'une mesure de similarité qui permet de trancher sur la similitude ou la dissimilitude de ces concepts. Dans le domaine de l'alignement des ontologies, plusieurs travaux sur l'état de l'art ont été proposés, on peut notamment citer : [4], [5] et [6]. Certains travaux sont basés sur une mesure de similarité globale qui est une somme pondérée de plusieurs caractéristiques tels que les éléments lexicaux, les relations structurelles, la structure interne, les relations sémantiques et enfin les extensions (instances de classes et valeurs des propriétés). Parmi ces approches d'alignement d'ontologies, nous citerons par exemple les systèmes : OLA (OWL Lite Alignment) [7], ASMOV (Automated Semantic Mapping of Ontologies with Validation) [8], H-MATCH [9] et COMA++ (COMbining MAtching) [10]. D'autres systèmes plus récents correspondent à HurTUDA [11], LogMap [12], LYAM++ [13] et enfin S-Match1 [14]. Enfin, pour plus d'informations, il existe une campagne annuelle d'évaluation des outils d'alignement, appelée L'OAEI (The Ontology Alignment Evaluation Initiative) qui permet de comparer les résultats obtenus par les méthodes d'alignement participantes sur différents jeux d'ontologies, et dont le dernier rapport est disponible dans [15]. Par rapport aux travaux cités plus haut, nous nous sommes focalisés sur le rôle important que peuvent avoir les liens hiérarchiques et sémantiques entre les concepts pour détecter une similarité qui jusque là ne pouvait être détectée par les mesures partiels linguistiques ou structurelles. Ceci peut améliorer le résultat de l'algorithme d'alignement d'une façon significative.

3 Médiation sémantique

L'alignement des ontologies locales avec l'ontologie de domaine a pour but de trouver l'ensemble des correspondances sémantiques établies grâce à des mesures de

similarité entre leurs concepts. Pour calculer la similarité globale entre deux concepts, nous avons fait le choix de nous baser sur la mesure de similarité introduite dans Senpeer [16], qui elle-même est basée sur d'autres méthodes telles que [17] et [9]. Cette méthode n'est pas appliquée sur des ontologies mais sur le concept de sGraph qui est une représentation interne des bases de données relationnelles proposée dans ce travail et qui peut être sérialisée avec XML. Cette représentation XML ne donne pas beaucoup de facilités et n'est pas assez souple pour modéliser au mieux les relations sémantiques entre concepts et la recherche approfondie du voisinage sémantique. La similarité entre deux nœuds appartenant à deux sGraphs différents est fonction de :

- Leurs descriptions sémantiques avec des mots-clés et leurs types ;
- Leurs relations sémantiques avec les autres concepts (voisinage).

Malgré ses avantages par rapport aux autres modèles étudiés, nous avons estimé que ce modèle pouvait être amélioré afin d'être plus précis, c'est-à-dire en prenant compte du plus fin niveau de définition des concepts, et également afin d'être plus général, c'est-à-dire en prenant compte le fait que les propriétés des concepts peuvent être de différentes natures: des mots, mais également des textes ou des domaines de valeurs. Nous essaierons par là de tirer profit du maximum d'information contenue dans l'ontologie. Nous avons par la suite comparé les résultats obtenus avec ceux de SenPeer pour montrer l'apport de l'application de cette mesure sur des ontologies ainsi que l'apport des différentes améliorations apportées.

La similarité que nous avons choisie d'utiliser repose sur une méthode qui combine plusieurs techniques d'appariement et où le score global est une somme pondérée des scores d'appariement partiels, elle est basée sur des techniques linguistiques et structurelles.

Etant donné deux ontologies Od (ontologie de domaine) et Ol (ontologie locale), l'alignement de ces deux ontologies consiste à trouver $|Od| \times |Ol|$ éléments de correspondances $\langle ID_{ij}, ci(od),cj(ol),\gamma_{ij} \rangle$, avec ID_{ij} identifiant unique de la correspondance, le concept $ci(od) \in Od$, le concept $cj(ol) \in Ol$ et γ_{ij} le degré de similarité entre les deux concepts. L'affinité sémantique entre les concepts est établie si leur similarité est supérieure à un seuil minimum de similarité. Notons aussi que la qualité de l'appariement est évaluée dans l'intervalle $[0,1]$ par souci de normalisation, et que nous ne considérons que les correspondances sémantiques exactes et directes (équivalence).

La similarité entre deux concepts est fonction de :

- Leur similarité linguistique (similarité de leurs ensembles de synonymes, des textes les décrivant et de leurs types).
- La similarité de leurs voisinages sémantiques.

La similarité globale entre deux concepts $(ci(od),cj(ol))$ est donc calculée comme suit :

$$Sim_g(ci(od),cj(ol)) = \lambda \cdot Sim_l(ci(od),cj(ol)) + (1-\lambda) \cdot Sim_v(ci(od),cj(ol)) \quad (1)$$

Avec Sim_l : la similarité linguistique des deux concepts, Sim_v la similarité de leurs voisinages sémantiques et $\lambda \in [0,1]$. Ces deux mesures sont calculées sur la base d'un autre type de similarité qu'est la similarité lexicale entre deux concepts et que nous introduisons dans la prochaine section.

3.1 Similarité lexicale

L'appariement entre deux termes A et B est calculé en utilisant la similarité lexicale $SL(A,B)$ proposée par [18], elle-même basée sur la distance dl de Levenshtein [19] qui est égale au nombre minimal de caractères qu'il faut supprimer, insérer ou remplacer pour passer d'une chaîne à l'autre. $SL(A,B)$ est donnée par la formule suivante :

$$SL(A, B) = \max \left(0, \frac{\min(|A|,|B|) - dl(A,B)}{\min(|A|,|B|)} \right) \in [0,1] \quad (2)$$

3.2 Similarité linguistique

La similarité linguistique de deux concepts est une somme pondérée de la similarité de leurs deux ensembles de synonymes $Sim_{syn}(ci(od),cj(ol))$, de la similarité de leurs types $Sim_{type}(ci(od),cj(ol))$ et de la similarité des commentaires $Sim_{com}(ci(od),cj(ol))$

$$Sim_l(ci(od),cj(ol)) = \omega \cdot Sim_{syn}(ci(od),cj(ol)) + \alpha \cdot Sim_{type}(ci(od),cj(ol)) + \mu \cdot Sim_{com}(ci(od),cj(ol)) \quad (3)$$

avec $\omega, \alpha, \mu \geq 0$ et $\omega + \alpha + \mu = 1$

3.2.1 Similarité des types. Elle est basée sur la similarité des types fournit par le système Cupid [20] qui utilise une table fournissant des coefficients de similarité dans l'intervalle [0, 1] entre des paires de types de données.

3.2.2 Similarité des synonymes. Pour calculer la similarité entre deux ensembles de synonymes, on se base sur la mesure de Tversky [21] qui calcule la similarité de deux objets en comparant leurs caractéristiques communes et distinctives : plus les objets partagent des caractéristiques, et moins ils ont de caractéristiques distinctives, plus ils sont similaires.

$$Sim_{syn}(c_i(od), c_j(ol)) = \frac{|syn(c_i(od)) \cap syn(c_j(ol))|}{|syn(c_i(od)) \cap syn(c_j(ol))| + \alpha |syn(c_i(od)) \setminus syn(c_j(ol))| + (1 - \alpha) |syn(c_j(ol)) \setminus syn(c_i(od))|} \quad (4)$$

Avec :

- $syn(ci(od))$: ensemble des synonymes du concept i de l'ontologie de domaine.
- $syn(cj(ol))$: ensemble des synonymes du concept j de l'ontologie locale.
- $0 \leq \alpha \leq 1$, « \cap » représente l'intersection et « \setminus » représente la différence.

Cette mesure telle qu'elle est présentée fait un appariement exact entre les termes. Par exemple les termes « date-naissance » et « datenaissance » seront considérés différents alors que normalement ils sont équivalents à une transformation prés. Pour cette raison, l'appariement exact a été remplacé par un appariement flou et donc L'intersection et la différence seront remplacés par une intersection floue et une différence floue tel que définie ci-dessous :

$$\text{syn}(c_i(\text{od})) \cap \text{syn}(c_j(\text{ol})) = \{a \in \text{syn}(c_i(\text{od})) / \max (b \in \text{syn}(c_j(\text{ol}))) \text{SL}(a,b) > \varepsilon_{\text{acc}}\} \quad (5)$$

$$\text{syn}(c_i(\text{od})) - \text{syn}(c_j(\text{ol})) = \{a \in \text{syn}(c_i(\text{od})) / \max (b \in \text{syn}(c_j(\text{ol}))) \text{SL}(a,b) \leq \varepsilon_{\text{acc}}\} \quad (6)$$

ε_{acc} est le seuil au dessus duquel la similarité calculée est considérée comme acceptable et $\text{SL}(a,b)$ est la similarité lexicale entre les deux termes a et b.

La similarité entre deux ensembles de synonymes $\in [0,1]$ devient alors :

$$\text{Sim}_{\text{syn}}(c_i(\text{od}), c_j(\text{ol})) = \frac{|\text{syn}(c_i(\text{od})) \cap \text{syn}(c_j(\text{ol}))|}{|\text{syn}(c_i(\text{od})) \cap \text{syn}(c_j(\text{ol}))| + \alpha |\text{syn}(c_i(\text{od})) - \text{syn}(c_j(\text{ol}))| + (1 - \alpha) |\text{syn}(c_j(\text{ol})) - \text{syn}(c_i(\text{od}))|} \quad (7)$$

3.3 Similarité des étiquettes et des commentaires

Les propriétés d'annotations comblent le fossé entre la modélisation ontologique d'un domaine et le lexique du domaine. Parmi ces propriétés nous citons en premier `rdfs:label` qui permet d'associer à une ressource un terme du langage utilisé pour dénoter cette ressource. Ces étiquettes, une fois extraites sont ajoutées à l'ensemble des synonymes si elles ne s'y trouvent pas déjà. Une deuxième propriété intéressante est `rdfs:comment` qui permet de fournir une description textuelle de la ressource. Pour calculer la similarité des textes contenus dans les commentaires nous utilisons la fonction cosinus qui utilise la représentation vectorielle complète (fréquence des mots) et qui quantifie la similarité entre deux vecteurs comme le cosinus de l'angle entre eux. Quand les commentaires sont identiques, l'angle entre les vecteurs est nul et le cosinus vaut 1 et à l'opposé des commentaires entièrement différents sont représentés par des vecteurs orthogonaux donc leur similarité est nulle.

$$\text{similarité}(A, B) = \cos(\theta) = \frac{A \cdot B}{\|A\| \|B\|} = \frac{\sum_{i=1}^n A_i \times B_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n A_i^2} \times \sqrt{\sum_{i=1}^n B_i^2}} \quad (8)$$

Puisque les poids ne peuvent pas être négatifs, alors on aura $0 \leq \text{similarité}(A,B) \leq 1$.

4 La similarité du voisinage sémantique

Le contexte d'un concept est très important dans le calcul de la similarité sémantique, nous partons de l'intuition que deux concepts sont similaires s'ils sont liés à d'autres concepts eux même similaires. Nous considérons le voisinage sémantique d'un concept i noté $V(c_i)$ comme étant l'ensemble des concepts ayant un lien sémantique direct ou indirect avec ce concept.

Soit G le graphe correspondant à l'ontologie O , $G = \{N, R\}$ où N est l'ensemble des nœuds (concepts) de ce graphe et R l'ensemble des arcs (liens sémantiques) entre ces concepts. Nous introduisons les notions suivantes :

- Nœud(c_i) : le nœud correspondant au concept c_i .
- Père(n) : le nœud père de n
- Fils(n) : Le nœud fils de n

Soit $n_1 = \text{nœud}(c_1)$ et $n_2 = \text{nœud}(c_2)$, $r = \text{le lien entre } n_1 \text{ et } n_2$, les opérations sont formulées comme suit :

- Arrivant_à : $n_2 \in \text{arrivant_à}(n_1; r)$ ssi $n_2 = \text{Père}(n_1)$ et $I[(n_2; n_1)] = r$;
- Sortant_de : $n_2 \in \text{sortant_de}(n_1; r)$ ssi $n_2 = \text{fils}(n_1) \wedge I[(n_1; n_2)] = r$;

Nous définissons le voisinage d'ordre 1 (liens directs) du nœud n_i comme suit :

$$V1(n_i) = \{n_j / n_j \in \text{arrivant_à}(n_i; r_1) \text{ ou } n_j \in \text{sortant_de}(n_i; r_2)\}$$

Dans notre travail nous considérons le voisinage indirect d'ordre n , défini comme suit :

$$V(n_i) = V1(n_i) \cup V2(n_i) \cup V3(n_i) \cup \dots \cup Vn(n_i)$$

$V_k(n_i)$ contient les voisins directs des concepts présents dans $V_{k-1}(n_i)$:

$$\forall c_i \in V_{k-1}(n_i) \quad V_k(n_i) = \cup V1(c_i)$$

Ce voisinage peut être vu comme l'ensemble des concepts qui se trouvent à un rayon n du concept n_i dans le graphe. Ce rayon sera défini selon les besoins (expérimentation) et selon la taille du graphe des ontologies.

La similarité de voisinage entre deux concepts est le rapport entre le nombre de correspondances (similarités linguistiques) entre les deux ensembles de voisinage et le nombre total des concepts des deux voisinages. Elle est définie comme suit :

$$Sim_v(c_i(od), c_j(ol)) = \frac{|\{x \in V(c_i(od)) / \exists y \in V(c_j(ol)) \wedge Sim_l(x, y) > \epsilon_{acc}\}|}{|V(c_i(od)) \cup V(c_j(ol))|} \quad (9)$$

Exemple

Soit l'ontologie locale **BDMED1** (Fig. 1) et une partie de l'ontologie de domaine (Fig. 2)

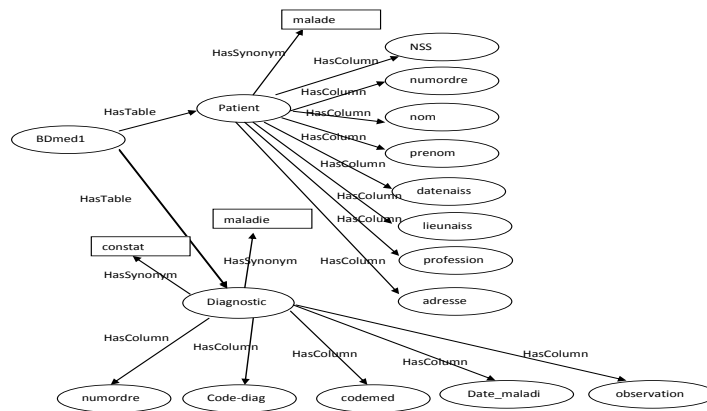


Fig. 1. Une partie de l'ontologie descriptive de BD MED1

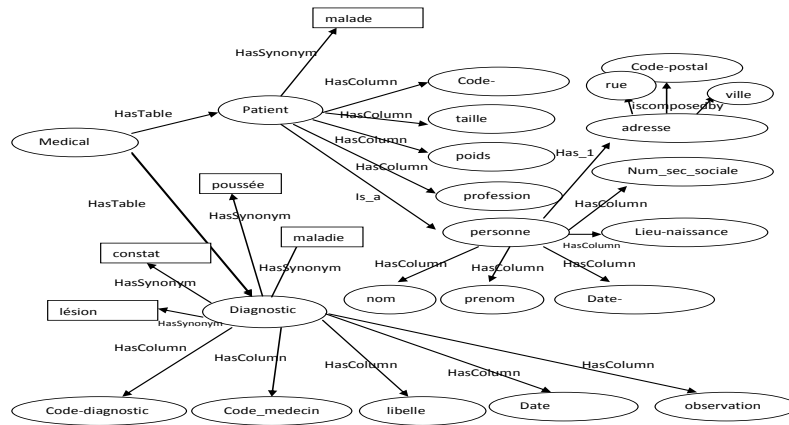


Fig. 2. Une Partie de l'ontologie de domaine

Nous allons dérouler notre algorithme de calcul de la similarité entre les deux concepts « num_sec_sociale » de l'ontologie de domaine et « NSS » de l'ontologie locale BDMEDI. Nous faisons l'hypothèse pour cet exemple que les commentaires n'ont pas été renseignés, que toutes les pondérations sont fixées à 0,5 et que le seuil de similarité ϵ_{acc} vaut 0,6.

La similarité globale est donnée par la formule suivante :

$$Sim_g(num_sec_social, NSS) = 0,5 \times Sim_i(num_sec_sociale, NSS) + 0,5 \times Sim_v(num_sec_sociale, NSS)$$

Avec

$$Sim_i(num_sec_sociale, NSS) = 0,5 \times Sim_{syn}(num_sec_sociale, NSS) + 0,5 \times Sim_l(num_sec_sociale, NSS).$$

« Num_sec_sociale » et « NSS » sont tous les deux de types string donc la similarité de type $Sim_l(num_sec_sociale, NSS)$ vaut 1.

Les synonymes de num_sec_sociale sont : {NSS, num_sec_soc}

Les synonymes de NSS sont : {Numss, num_sec_sociale, NSS}

Les termes « num_sec_sociale » et « num_sec_soc » sont considérés comme identiques lexicalement puisque leur similarité lexicale $Sim_l = 0,63$ qui est supérieur au seuil (0,6).

$$Sim_{syn}(num_sec_sociale, NSS) = \frac{|(NSS, num_sec_soc)|}{|(NSS, num_sec_soc)| + 0,5 \{ | \} + 0,5 \{ Numss \}} = \frac{2}{2,5} = 0,8$$

Donc la similarité linguistique entre les deux concepts vaut:

$$Sim_i(num_sec_sociale, NSS) = 0,5 \times 0,8 + 0,5 \times 1 = 0,9$$

La similarité de voisinage $Sim_v(num_sec_sociale, NSS)$ s'exprime ainsi :

$$Sim_v(num_sec_sociale, NSS) = \frac{| \{ x \in V(num_sec_sociale) / \exists y \in V(NSS) \wedge Sim_l(x, y) > \epsilon_{acc} \} |}{|V(num_sec_sociale) \cup V(NSS)|}$$

Nous allons définir les voisinages $V(num_sec_sociale)$ et $V(NSS)$

Voisinage de « num_sec_sociale »

$V1(\text{num_sec_sociale}) = \{\text{personne}\}$

$V2(\text{num_sec_sociale}) = V1(\text{personne}) = \{\text{patient, adresse, lieu-naissance, prénom, nom, date-naissance}\}$

$V3(\text{num_sec_sociale}) = V1(\text{adresse}) \cup V1(\text{patient}) = \{\text{rue, code-postal, ville}\} \cup \{\text{malade, code-patient, poids, taille, profession}\} = \{\text{rue, code-postal, ville, malade, code-patient, poids, taille, profession}\}$ Donc :

$V(\text{num_sec_sociale}) = V1(\text{num_sec_sociale}) \cup V2(\text{num_sec_sociale}) \cup$

$V3(\text{num_sec_sociale}) = \{\text{personne, patient, adresse, lieu-naissance, prénom, nom, date-naissance, rue, code-postal, ville, malade, code-patient, poids, taille, profession}\}$

Voisinage de « NSS »

$V1(\text{NSS}) = \{\text{patient}\}$

$V2(\text{NSS}) = V1(\text{patient}) = \{\text{malade, numordre, nom, prénom, lieu-naiss, datenaiss, profession, adresse}\}$

$V(\text{NSS}) = V1(\text{NSS}) \cup V2(\text{NSS}) = \{\text{patient, malade, numordre, nom, prénom, lieu-naiss, datenaiss, profession, adresse}\}$

La similarité linguistique entre les concepts suivants a été établie :

Patient \rightarrow Patient, Malade \rightarrow Patient, Malade \rightarrow Malade, Numordre \rightarrow code-patient,

nom \rightarrow nom, prénom \rightarrow prénom, lieu-naissance \rightarrow lieu-naiss, date-naissance \rightarrow datenaiss

profession \rightarrow profession, Adresse \rightarrow Adresse

Nous avons donc 10 correspondances et la similarité de voisinage sera égale à :

$$\text{Sim}_v(\text{num_sec_sociale}, \text{NSS}) = 10/24 = 0,41$$

La similarité globale est égale à :

$$\text{Sim}_g(\text{num_sec_sociale}, \text{NSS}) = 0.5 \times 0.9 + 0.5 \times 0,41 = 0.65 > \epsilon_{\text{acc}} = 0.6$$

La similarité est donc établie entre les deux concepts «num_soc_sociale» et «NSS».

Considérons maintenant le cas où nous prenons en compte que le voisinage d'ordre 1 dans le calcul de la similarité de voisinage :

$V(\text{NSS}) = \{\text{patient}\}$

$V(\text{num_sec_sociale}) = \{\text{personne}\}$

$\text{Sim}_1(\text{personne}, \text{patient}) = 0.5 \times 1 = 0.5 < \epsilon_{\text{acc}}$, La similarité linguistique entre les deux concepts n'est donc pas établie.

$$\text{Sim}_v(\text{num_sec_sociale}, \text{NSS}) = 0/2 = 0$$

Nous avons déjà trouvé que $\text{Sim}_1(\text{num_sec_sociale}, \text{NSS}) = 0,9$

Donc :

$$\text{Sim}_g(\text{num_sec_sociale}, \text{NSS}) = 0.5 \times 0.9 + 0.5 \times 0 = 0.45 < \epsilon_{\text{acc}}$$

Il faut noter ici que si nous avons considéré uniquement les liens directs, la similarité de voisinage aurait été égale à 0 car les concepts « patient » et « personne » ne sont pas similaires et donc la similarité globale aurait été égale à 0,45 et donc non établie entre les deux concepts « NSS » et « num_sec_sociale ».

Cet exemple montre bien l'importance de considérer les liens indirects qui explorent différents niveaux de profondeur dans le calcul de la similarité de

voisinage. Ceci représente la contribution principale de notre méthode comparée aux autres approches telles que celle de Senpeer qui arrête le voisinage aux liens directs.

5 Présentation des résultats et discussion

Pour évaluer et mesurer la qualité des résultats de la fonction de similarité introduite dans la section précédente, nous utilisons les mesures utilisées dans la recherche d'information à savoir le rappel, la précision, leur moyenne harmonique la F-mesure et la métrique Global. Nous avons besoin donc de connaître le nombre de correspondances trouvées par le système et jugées correctes par un expert, les vrais positifs (TP), le nombre de correspondances trouvées par le système et jugées incorrectes par l'expert du domaine, les faux positifs (FP) et le nombre de correspondances non trouvées par le système et jugées correctes par l'expert, les faux négatifs (FN). Ces mesures sont exprimées par les formules suivantes :

$$\text{Précision} = \frac{|TP|}{|TP + FP|} \quad (10)$$

$$\text{Rappel} = \frac{|TP|}{|TP + FN|} \quad (11)$$

$$F - \text{mesure} = \frac{2}{\frac{1}{\text{Rappel}} + \frac{1}{\text{Précision}}} = \frac{2 \times \text{Rappel} \times \text{Précision}}{\text{Précision} + \text{Rappel}} \quad (12)$$

$$\text{Global} = \text{Rappel} * \left(2 - \frac{1}{\text{Précision}} \right) \quad (13)$$

Puisque notre méthode de recherche des correspondances est une extension de la méthode utilisée dans Senpeer, nous avons essayé de savoir si les améliorations proposées ont été efficaces. Pour cela, nous avons comparé nos résultats avec ceux de Senpeer pour deux jeux de tests différents :

Le premier jeu concerne l'exemple utilisé par Senpeer. Les données sont représentées dans un format propre à cette approche qui s'appelle le sGraph puis sérialisé grâce à XML. La figure 3 montre un sGraph partiel de l'exemple utilisé. Pour les besoins de notre algorithme, nous avons transformé ce sGraph en ontologies OWL2, ce qui nous a permis de comparer notre méthode par rapport à celle utilisée dans Senpeer.

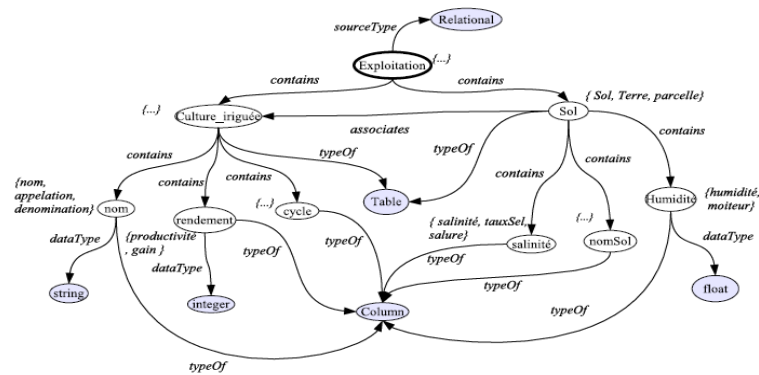


Fig.3. sGraph Partiel du jeu de test de Senpeer

Les résultats obtenus sont les suivants :

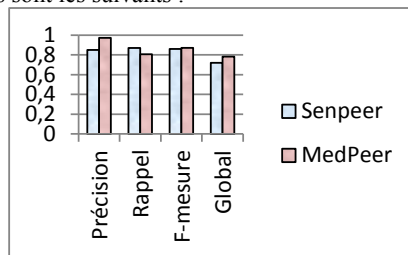


Fig. 4. Comparaison entre SenPeer et MedPeer par métrique

Ces différents résultats montrent que notre approche se comporte bien et qu'elle est aussi efficace que Senpeer pour cet exemple. Rappelons que Senpeer ne considère que le voisinage d'ordre 1, c'est-à-dire que les liens directs.

Le deuxième jeu de tests englobe notre ontologie de domaine (Fig. 2.) qui contient 178 concepts et deux ontologies locales Bdmed1 (Fig. 1.) avec 16 concepts et Bdmed2 avec 23 concepts dont la base de données correspondante est la suivante :

Base de données 2 : Bdmed2

Malade (code,nom_malade,prenom_malade,datenaissance,ville_naissance,N_rue, rue,codepostal, ville, NSS)

Dossier-medical (code,id_dossier,date-creation)

Maladie (code,id_dossier,code_diag,date_diag,observation)

Dans cet exemple nous allons montrer que la méthode de SenPeer ne se comporte pas bien puisque le taux des réponses False Négative sera très élevé à cause de certains liens non pris en compte dans le voisinage. En effet, la méthode SenPeer ne prend en compte dans le voisinage que les liens père et fils.

En réalisant les tests sur les ontologies locales bdmed1, bdmed2 et l'ontologie de domaine les résultats ont été peu concluants au regard des valeurs des métriques retournées et données par le graphique suivant :

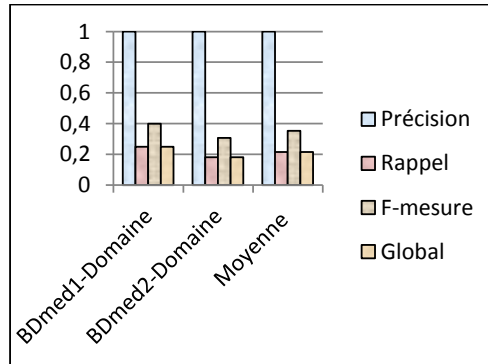


Fig. 5. Résultats de l'application de SenPeer sur les ontologies du domaine Médical.

Nous avons appliqué notre méthode sur les mêmes ontologies. Nous sommes partis au début de notre intuition que l'exploration de tous les liens sémantiques pour enrichir le voisinage donnerait de meilleurs résultats. Nous avons remarqué que pour certaines correspondances, ceci s'est révélé très intéressant par contre pour d'autres correspondances qui étaient déjà établies, la similarité ne l'était plus. Nous avons fait la constatation suivante : Il y a certains cas où en élargissant le voisinage à plusieurs liens (grand rayon), le nombre de voisins augmente et la similarité de voisinage chute. Exemple de « patient.numordre » de bdmed1 avec « patient.codepatient » de l'ontologie de domaine, la similarité de voisinage était à 0,5 et la similarité globale établie alors qu'en élargissant le voisinage, la similarité de voisinage a chuté à 0,07 ce qui a conduit à un résultat False Négative. En faisant ce constat, nous avons décidé de ne pas explorer d'emblée tous les liens dès le début mais de calculer à chaque niveau d'exploration la similarité de voisinage, puis de prendre la valeur maximale trouvée. Ceci nous a permis de personnaliser le calcul de la similarité de voisinage à chaque cas de similarité. Certaines sont établies uniquement en explorant les liens directs, d'autres ont eu besoin de pousser la recherche en élargissant le rayon.

Nous remarquons une nette amélioration des indices de Précision, rappel, F-mesure et Global, il y a beaucoup plus de similarités retournées par rapport à la méthode de SenPeer. Comme le montre l'histogramme suivant :

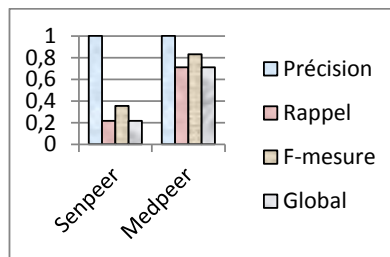


Fig. 6. Histogramme comparatif entre notre approche Medpeer et celle de Senpeer

6 Conclusion

Nous avons présenté dans cet article une technique de découverte des correspondances sémantiques entre les concepts de différentes ontologies implémentées au sein de notre nouveau système d'intégration de données hétérogènes nommé MedPeer. Les modèles combinant plusieurs aspects des concepts (propriétés, position dans la hiérarchie, contexte) ont pour avantage d'être complets et de prendre en compte le maximum d'information contenue dans l'ontologie, c'est pour cette raison que la mesure de similarité globale que nous avons introduite est basée sur plusieurs mesures dont la plus importante est la mesure du voisinage sémantique qui doit explorer un certain nombre de liens sémantiques. Ceci est facilité par le choix d'utiliser des ontologies comme format de description des sources locales, car il exploite toute la richesse des relations sémantiques offertes par celles-ci. Le modèle de similarité sémantique proposé constitue donc une amélioration générale d'un modèle de similarité sémantique pouvant être adopté dans d'autres domaines.

Références

1. Ougouti, N.S., Belbachir, H., Amghar, Y., Benharkat, N.: Architecture Of MedPeer: A New P2P-based System for Integration of Heterogeneous Data Sources. In: Proceedings of the International Conference on Knowledge Management and Information Sharing (KMIS), Paris, 351--354 (2011)
2. Ougouti, N.S., Belbachir, H., Some F., Ouattara I.: Relational.OWL2E: Une nouvelle approche de représentation du schéma d'une base de données relationnelle basée sur OWL. In : International Journal of Information Technology and Computer Science, 48--53 (2013).
3. Ougouti, N. S., Belbachir, H., Amghar, Y.: A New OWL2 Based Approach for Relational Database Description. International Journal of Information Technology and Computer Science, 48--53 (2015)
4. Shvaiko, P., Euzenat J.: Ontology matching : state of the art and future challenges. In: IEEE Trans. Knowl. Data Eng. 25(1), 158--176 (2013)
5. Bernstein, P.A., Madhavan J., Rahm E.: Generic schema matching, ten years later. In: PVLDB 4(11), 695--701 (2011)
6. Rahm, E.: Towards large-scale schema and ontology matching. In: Schema Matching and Mapping, pp. 3--27 (2011)
7. Euzenat, J., Loup, D. , Touzani, M., Valtchev, P.: Ontology alignment with OLA. In: Proceedings of Third International Semantic Web Conference (2004)
8. Jean-Mary, Y., Kabuka, M.R.: ASMOV: Ontology Alignment with Semantic Validation. In: SWDB-ODDIS Workshop, Vienna, Austria, 15--20 (2007)
9. Castano, S., Ferrara, A., Montanelli, S.: H-match: an algorithm for dynamically matching ontologies in peer-based systems. In: Proceedings of the 1st VLDB International Workshop on Semantic Web and Databases, Berlin, Germany, 231--250 (2003)
10. Aumüller, D., Do, H. H., Massmann, S., Rahm, E.: Schema and Ontology Matching with COMA++. In: Proc. SIGMOD Conf., ACM Press, 906--908 (2005)
11. Hertling S.: Hertuda: Results for OEAI 2012. In: Seventh International Workshop on Ontology Matching , (2012)
12. Jimenez-Ruiz E. Cuenca Grau B.: Logmap: Logic-based and scalable on-ontology matching. In: The Semantic Web--ISWC 2011, pages 273--288. Springer, (2011)

13. Tigrine A., Bellahsene Z., Todorov. K. : LYAM++ Results for OAEI 2015. In: Proc. 20th ISWC ontology matching workshop (OM), Boston (MA US), 176--180 (2015)
14. Giunchiglia F., Autayeu A., Pane J.: S-Match: An Open Source Framework for Matching Lightweight Ontologies. In: Semantic Web *J.*, vol. 3, no. 3, 307--317 (2012)
15. Cheatham M., Dragisic Z., Euzenat J., Faria D., Ferrara A., Flouris G., Fundulaki I., Granada R., Ivanova V., Jimenez-Ruiz E., Lambrix P., Montanelli S., Pesquita C., Saveta T., Shvaiko P., Solimando A., Trojahn C., Zamazal O.: Results of the Ontology Alignment Evaluation Initiative 2015. In : Proc. 20th ISWC ontology matching workshop (OM), Boston (MA US), 60--115 (2015)
16. Faye, D. C. : Médiation de données sémantique dans SenPeer, un système pair-à-pair de gestion de données. PHD thesis, Nantes University, (2007)
17. Rodriguez, A. M., Egenhofer, M. J.: Determining semantic similarity among entity classes from different ontologies. In: IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering, 15(2), 442--456 (2003)
18. Maedche A., Staab S.: Measuring similarity between ontologies. In : EKAW '02: Proceedings of the 13th International Conference on Knowledge Engineering and Knowledge Management. Ontologies and the Semantic Web, 251--263 (2002)
19. Levenshtein, V.: Binary codes capable of correcting deletions, insertions, and reversals. Soviet Physics Doklady, 10(8), 707--710 (1966)
20. Madhavan J., Bernstein P. A., Rahm E.: Generic schema matching with cupid. In : VLDB'01: Proceedings of the 27th International Conference on Very Large Data Bases, San Francisco, CA, USA, 49--58, (2001)
21. Tversky A.: Features of similarity. Psychological Review, (84), 327--352 (1977)

Expérimentation d'une nouvelle stratégie pour le Calcul du Skyline sur GPU

Hadjer Belaïcha¹, Zekri Lougmiri² et Larbi Sekhri³

¹ Université d'Oran 1 Ahmed BenBella, Lab. LITIO, BP 1524, El-M'Naouer, 31000 Oran, Algérie.

² Université d'Oran 1 Ahmed BenBella, Lab. LAPECI, BP 1524, El-M'Naouer, 31000 Oran, Algérie.

³ Université d'Oran 1 Ahmed BenBella, Lab. RIIR, BP 1524, El-M'Naouer, 31000 Oran, Algérie.

¹ belaichahadjer@gmail.com

² lougmiri@gmail.com

³ sekhrilarbi@yahoo.fr

Résumé. Les processeurs graphiques, ou GPUs pour Graphics Processing Units, sont devenus, à l'heure actuelle, un outil important pour le calcul intensif fortement parallèle dans différents domaines scientifiques et industriels. Ces mêmes GPUs ont été initialement dédiés au traitement graphique massivement parallèle, notamment dans les jeux. La raison est que les GPUs offrent la possibilité d'exécuter une instruction sur une grande quantité de données simultanément, réduisant ainsi les temps de traitement. Dans ce papier, nous nous intéressons au calcul du skyline d'une base de données multidimensionnelle. Ce calcul consiste à retourner tous les objets non dominés par d'autres objets selon certains critères donnés. Plusieurs travaux se sont intéressés au calcul du skyline sur un ou plusieurs CPUs alors que peu de travaux exploitent les GPUs malgré le parallélisme élevé qu'ils fournissent. Nous présentons une nouvelle stratégie pour le calcul intensif du skyline sur GPU. Nous comparons cette stratégie avec la méthode Divide-and-Conquer qui s'exécute sur le CPU. Les expérimentations menées montrent des gains en termes de temps considérables.

Mots Clés : Skyline, recherche d'information, CPU, GPU, données multidimensionnelles.

1 Introduction

Les systèmes d'information actuels donnent accès à un grand nombre de sources de données. Lorsque l'utilisateur soumet une requête, il est confronté à des réponses qui sont souvent conflictuelles de façon qu'il ne soit pas facile de décider lesquelles sont les meilleures. Dans ce contexte, le calcul du skyline est devenu un paradigme important afin d'aider l'utilisateur d'en-choisir à partir d'énorme quantité de données disponibles en identifiant un ensemble d'objets de données intéressants. Par exemple, un système de classification des hôtels est interrogé pour trouver les hôtels qui ne sont

pas chers et qui sont près de la mer ; alors que, les hôtels qui sont près de la mer sont plus chers que ceux qui sont éloignés, donc il est difficile de faire ressortir le meilleur hôtel qui satisfait les deux critères. Pour ceci l'opérateur skyline consiste à localiser l'ensemble d'objets (points) concurrents d'une certaine base de données selon la relation de dominance $>$ qui est définie comme suit : Soient D l'ensemble de critères $D = \{1,2,\dots, d\}$, et p et q sont deux objets de la base de données S , et pour $1 < i, j \leq d$, p domine q noté :

$$p > q. \Leftrightarrow \begin{cases} \forall d_i \in D / p(i) \leq q(i) \dots (1) \\ \exists d_j \in D / p(j) < q(j) \dots (2) \end{cases} \text{ et}$$

Lorsque $p \not> q$ et $q \not> p$ donc p et q sont dits non dominés ou concurrents. A partir l'ensemble de données S , l'opérateur skyline renvoie l'ensemble des points qui ne sont dominés par aucun autre, suivant toutes les dimensions D : [8]

$$Sky_D(S) = \{p \in S \mid \nexists q \in S : q > p\}$$

Exemple : Considérons l'exemple des hôtels où chaque hôtel est caractérisé par son prix, sa distance par rapport à la plage, et son degré de nuisance (voir la figure 1. Les hôtels sont représentés par des points dans un espace à trois dimensions (x,y,z) qui correspondent aux trois critères (prix, distance, nuisance) respectivement. La requête d'un utilisateur qui veut avoir les meilleurs hôtels selon les trois critères précédents vise à récupérer les points en rouge puisque ces derniers vérifient les conditions de dominance.

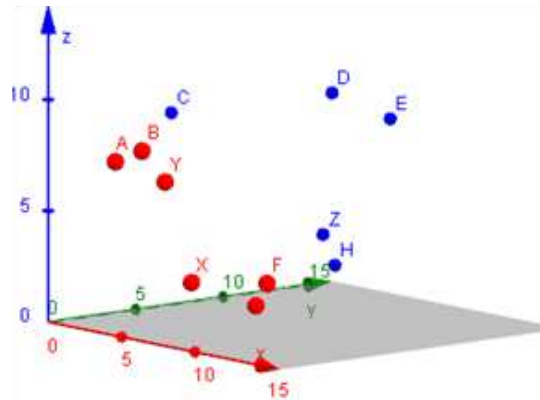


Fig. 1. Exemple du skyline

Depuis la définition de l'opérateur skyline en 2001[2], plusieurs travaux ont répondu à ce problème dans différents systèmes tels que les systèmes centralisés à un seul processeur (CPU), et les systèmes distribués multiprocesseurs (Multi-CPU). Bien que les algorithmes proposés aient bien résolu le problème du skyline, leur résolution est coûteuse en temps de calcul. Ils restent donc insuffisants en matière d'exploitation des nouvelles machines parallèles, d'autant plus que les bases de données actuelles sont devenues plus larges. A fin de remédier à ce problème, les sociétés comme

NVIDIA et AMD, se sont mises à développer des architectures, permettant le développement et l'exécution de codes généraux sur GPU et d'utiliser les processeurs de la carte graphique comme un outil de calcul puissant de haute performance. Ces processeurs graphiques ont été initialement utilisés pour les calculs 3D issus des jeux et aux applications multimédia, mais maintenant, ces capacités sont exploitées de façon plus générale pour accélérer la charge de travail de calcul dans des domaines multiples. Actuellement, les processeurs graphiques sont devenus de véritables plateformes de calcul intensif et permettent également d'alléger le CPU d'une certaine quantité de travail.

Les processeurs graphiques tirent leur attrait, dans la résolution de problèmes de calcul scientifique, à partir de deux points importants. Premièrement, les GPUs sont d'une architecture massivement parallèle. Il reste aux utilisateurs de trouver le moyen efficace pour exploiter efficacement les GPUs; ce moyen permettra une accélération significative des codes de calculs. Deuxièmement, le faible coût des cartes graphiques porte un intérêt économique important comparativement au prix d'un microprocesseur classique. Ces deux points expliquent l'utilisation active des GPU.

Dans ce papier, nous présentons une solution de type BNL qui ouvre plusieurs fenêtres en parallèle. Notre solution exploite au maximum le parallélisme offert par la carte graphique. Cette manière d'exploitation permet d'éviter l'oisiveté des processus de laquelle pourrait souffrir les travaux tournant sur cette plate-forme de calcul.

Le reste de ce papier se présente comme suit. La section 2 donne un état de l'art du calcul du Skyline depuis sa naissance. Ensuite nous détaillons notre approche dans la section 3. La section 4 présente les résultats obtenus en comparant notre approche avec l'approche Divide and Conquer qui tourne sur le CPU. Nous finissons par une conclusion dans la section 5.

2 Etat de l'art

L'opérateur skyline et son calcul ont attiré beaucoup d'attention depuis 2001 avec l'apparition de [2] qui a adapté le calcul du front de Pareto dans les bases de données. Ceci est principalement dû à l'importance des résultats skyline dans de nombreuses applications, telles que la prise de décision multicritères, data mining, la visualisation et les préférences des utilisateurs exprimées par une requête donnée.

Depuis, plusieurs approches ont été proposées pour rendre le calcul plus efficace. Ces approches peuvent être divisées en deux grandes classes. La première classe qui regroupe toutes les solutions qui s'exécutent dans le CPU. Ces solutions, elles-mêmes, se divisent en trois sous classes : CPU centralisé, distribué et multi-cœurs. Parmi les approches qui s'exécutent dans le CPU centralisé on rencontre l'algorithme BNL (Block Nested Loop) [2] qui teste chaque point avec tous les autres points. Son problème est qu'il consomme beaucoup de mémoire et du temps d'exécution. L'algorithme DC (Divide and Conquer) [2] divise l'ensemble de données d'entrée en plusieurs partitions. Le skyline partiel de chaque partition est calculé ; ensuite, le DC fusionne tous ces skylines partiels pour trouver le skyline final, mais cette fusion cause de multiples tests de duplication. Le NN (Nearset Neighbor) [4] est une méthode qui utilise les R-Trees comme une structure d'index. NN trouve le point le

plus proche à l'origine, ensuite partitionne l'espace selon chaque axe par rapport à ce point. Cet algorithme est bien adapté pour les applications progressives. Il fonctionne efficacement dans un espace à deux dimensions, mais il souffre de problèmes de duplications des éliminations lorsque la dimension dépasse trois [8]. Les auteurs de [7] ont proposé une nouvelle structure qu'ils ont appelée Skycube. Celle-ci consiste à calculer toutes les combinaisons possibles du treillis afin de générer selon leurs deux algorithmes BUS et TDS le skyline. Nous avons analysé ces algorithmes et nous avons montré qu'ils ne retournent pas le bon skyline. Les auteurs calculent les skylines fils et lorsqu'ils passent au niveau supérieur ou inférieur du treillis, ils fusionnent les fils sans tester la dominance entre leurs points. Ce qui donne en fin de calcul un ensemble erroné. [8] ayant remarqué que des points ne feront jamais partie du skyline final, et dans l'objectif de réduire le nombre de tests de dominance, [8] propose une méthode de filtrage qui permet d'éliminer ce type de points. Plusieurs algorithmes ont été conçus pour les applications distribuées ; par exemple [5] est un algorithme qui calcule le skyline dans un environnement distribué en utilisant des vues qui stockent un pré-calcul de résultat skyline d'un sous-espace de la base de données d'entrée. Le but est de minimiser le coût total d'accès en triant l'ensemble des entrées à l'avance et de réduire le nombre de tests de dominance en stockant les points non skyline, mais ces derniers vont occuper un espace mémoire inutile vu qu'ils n'ont pas d'importance pour l'utilisateur. Dans les architectures multi-cœurs, les cœurs participant à l'intérieur d'un processeur et communiquent tout simplement en mettant à jour la mémoire principale. APSkyline [6] est un algorithme de calcul du skyline dans un système multi-cœurs. Il utilise le modèle de partitionnement à base d'angle. APSkyline s'exécute en deux phases comme le DC, sauf que pour le partitionnement un pourcentage configurable de l'ensemble de données est utilisé pour pré-calculer les limites de partitionnement. Dans ce travail les auteurs proposent une heuristique pour trouver le bon partitionnement qui peut ne pas être la solution optimale.

La deuxième classe regroupe les travaux proposés pour résoudre le skyline dans le GPU. Peu de travaux ont été proposés dans cette classe. On rencontre [3] où les auteurs ont proposé une technique d'optimisation pour la conception d'algorithmes de traitement du skyline qui utilise le modèle SIMD (Single Instruction Multiple Data). Ils ont appliqué l'algorithme BNL dans une version parallèle sur GPU; son but était de minimiser le nombre de threads morts pendant l'exécution. Le GNL se déroule principalement en deux phases. La première consiste à partitionner la base de données en sous-ensembles sur les différents blocs où chaque thread teste un point avec tous les autres points d'un même bloc ; ensuite, dans la deuxième phase, l'algorithme fusionne les skyline partiels des différents blocs de la même manière. Cette méthode simple peut être utilisée comme une méthode naïve applicable sur GPU, mais le manque de la communication entre les threads durant l'exécution cause des tests inutiles qui augmentent le temps d'exécution. [1] présentent un algorithme GGS (GPGPU skyline) qui vise à partager la charge entre le CPU et le GPU d'une manière à profiter pleinement de leurs capacités. Ils utilisent le CPU pour garder la trace des données à traiter dans le GPU, ainsi que le filtrage des points en éliminant ceux qui sont dominés, tandis que le GPU traite des lots de données d'une taille fixe α où α indique le nombre de points à comparer avec un seul point à chaque itération. L'idée principale de cet algorithme est de trier selon une fonction monotone, en suite chaque thread compare chaque point de l'ensemble de données avec les α premiers points du

même ensemble, jusqu'à ce que toute la base de données soit traitée. Bien que cet algorithme soit adapté aux applications GPGPU, mais le transfert de données entre le CPU et le GPU cause un surcoût de communication entre ces deux derniers lorsque la taille de la base de données est considérable. Dans cet algorithme, l'estimation du paramètre α dépend du type de données d'entrée.

3 Calcul du skyline sur GPU

Bien que plusieurs algorithmes ont été proposés pour résoudre le skyline mais leurs résolution reste coûteuse en temps d'exécution. Cette imperfection est due aux tests de dominance CPU. Pour réduire ce coût, la plupart des algorithmes skyline ont pensé à éviter les tests de dominance non nécessaires le plus tôt possible en éliminant les points non skyline ou en partitionnant l'ensemble de données d'entrée en plusieurs partitions comme dans l'algorithme Divide and Conquer [2].

A partir de cette remarque, il est important de bien schématiser un algorithme efficace sur GPU, afin de réduire le coût des tests de dominance tout en limitant le transfert de données entre le CPU et le GPU, et en exploitant au maximum les ressources et la capacité de la GPU (multithreading, global and shared memories).

3.1 GPU Skyline Algorithme

Dans cette partie, nous présentons une nouvelle méthode pour le calcul du skyline sur GPU appelée « GSA » pour GPU Skyline Algorithme. GSA utilise le modèle Single Instruction Multiple Data (SIMD) et la fonctionnalité du GPU pour le calcul parallèle des tests de dominance, les fusions partielles des skyline partiels aux et la déduction du skyline final. Notre algorithme est conçu pour prendre en compte les limitations de saturation de mémoire et évite l'exécution des tests de dominance inutiles.

Nous disposons d'un ensemble de points E dans un espace vectoriel de d dimensions. Ces dimensions sont les critères numériques sur lesquels se fera le calcul.

Au début la base de données en entrée est divisée en parties égales selon le nombre de blocs de la carte graphique. Chaque bloc va par la suite charger la partie qui lui a été destinée initialement, jusqu'à son épuisement. Le reste se fait d'une manière répétée comme nous l'expliquerons dans la suite.

Le reste de GSA se déroule en deux phases. La première consiste à calculer le skyline partiel de chaque bloc. Et la deuxième phase fusionne les skyline partiels de chaque bloc déjà calculés dans la phase 1 pour compléter le calcul du skyline final.

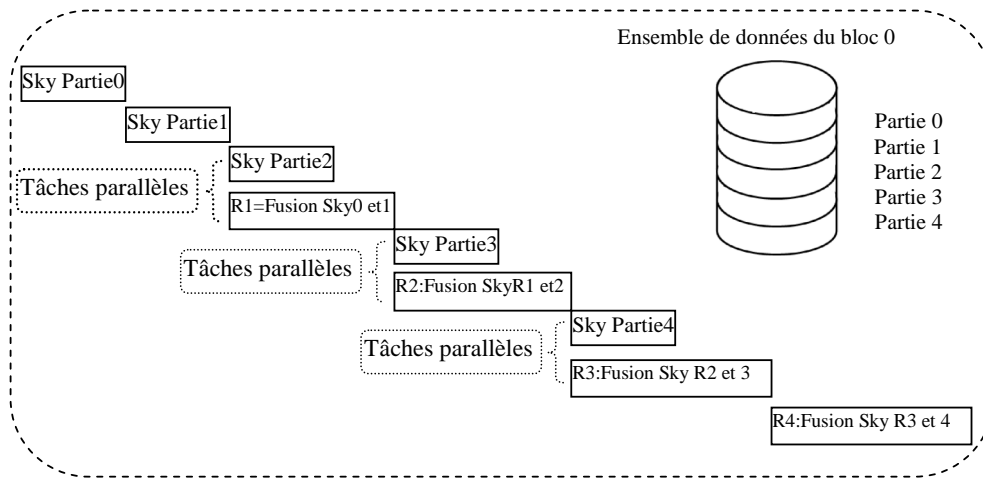


Fig. 2. Processus de fusion d'un bloc

Phase 1 : calcul du skyline partiel

Dans cette phase, chaque bloc est responsable de ses propres données ; celles-ci sont stockées dans la mémoire partagée, où les threads d'un même bloc accèdent librement à cet ensemble. Cette phase se déroule en deux étapes qui s'exécutent en parallèle :

1. **Etape 1 :** Le calcul du skyline de chaque partie ;

Au départ, et pour une raison d'accélération de calcul et gestion de la saturation de la mémoire, l'ensemble de données d'entrée initial de chaque bloc est divisé en petites parties. Ensuite, le skyline de chaque partie est calculé de la manière illustrée dans la figure 2 par multiple de deux jusqu'à ce que toutes les parties soient parcourues.

2. **Etape 2 :** La fusion des résultats des différentes parties ;

Une fois le résultat du calcul du skyline des deux premières parties est retourné, la fusion de ces deux derniers commence en parallèle avec le calcul du skyline de la troisième partie.

Ces deux étapes sont répétées jusqu'à ce que toutes les parties soient traitées et le skyline partiel de chaque bloc est retourné.

La figure 2 montre la stratégie du calcul du skyline partiel d'un seul bloc.

Phase 2 : calcul du skyline final :

Après le calcul du skyline de chaque bloc, des tests de dominance entre les blocs doivent être effectués pour calculer le skyline final. Puisque les threads d'un bloc ne peuvent pas accéder aux données d'un autre bloc, nous avons opté de faire la fusion directement dans la mémoire globale pour éviter la saturation de la mémoire partagée et accélérer le calcul puisque les threads des différents blocs vont partager ce calcul.

Nous procédons à la manière Round-Robine, c'est-à-dire que le skyline du premier bloc va se fusionner avec le skyline du deuxième bloc. Ce résultat sera lui-même fusionné avec le skyline du bloc suivant jusqu'à ce qu'on revienne au premier bloc.

Pour accélérer le calcul de la fusion entre les skyline de deux blocs, et une exploitation maximale de la GPU, nous divisons le skyline partiel du premier bloc en N parties (où N est le nombre de blocs) et chaque bloc va être responsable de la partie qu'il va fusionner avec le skyline du deuxième bloc. La figure 3 donne une illustration de la fusion du skyline de deux blocs.

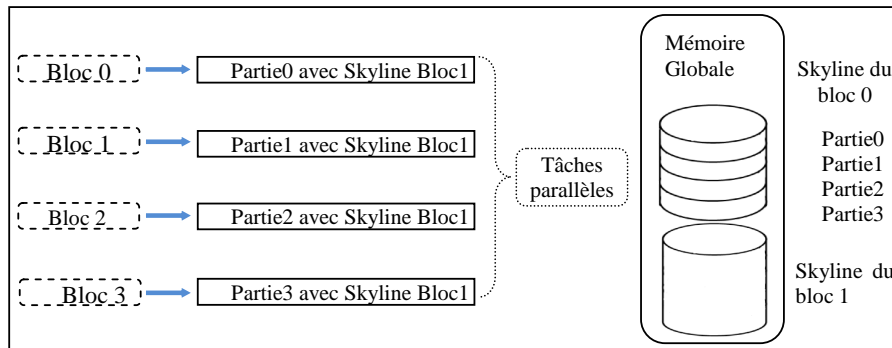


Fig. 3. Fusion des skyline des blocs

3.2 Exploitation maximale de la GPU

Réduire le temps d'exécution reste un défi à relever surtout quand le nombre de critères est important. Pour minimiser ce temps, nous chargeons d threads (au nombre de critères) pour comparer les points deux à deux. Chaque thread compare d critères. Nous disposons aussi d'un thread coordinateur entre les threads d'une seule comparaison. Pour tester la dominance entre deux points de d critères, il nous faut $(d+1)$ threads (voir la figure 4), de cette manière, le traitement sera parallélisé entre les différents threads en faisant une exploitation maximale des ressources de la GPU.

Le tableau 1 donne un exemple illustratif afin de montrer le déroulement du calcul. Notons que chaque axe représente un critère de choix.

Table 1. Exemple de trois critères.

	Axe 1	Axe 2	Axe 3
A	1	3	7
B	4	2	8
C	6	2	9
D	11	7	11
E	9	12	9
F	3	10	1
G	7	6	1
H	10	8	3
Y	2	5	6
Z	8	9	4

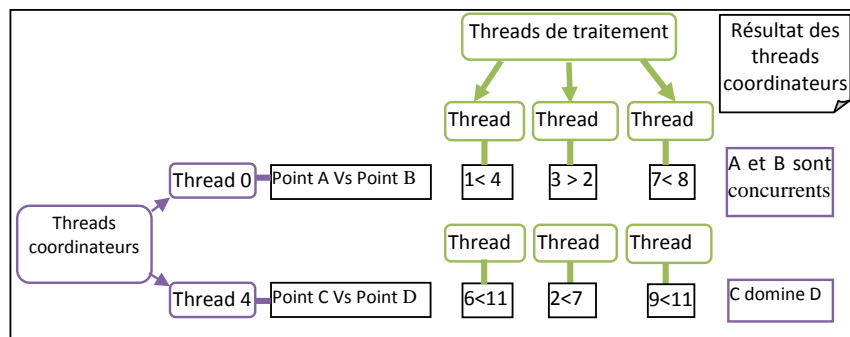


Fig. 4. Processus de comparaison des points

3.3 Gestion de la mémoire

Le trafic du transfert de données entre le CPU et la GPU est coûteux, donc nous devons réduire ce trafic en transférant les données une seule fois.

Selon l'architecture de la GPU, la latence de lecture de la mémoire globale de la GPU est relativement lente, donc on utilise la mémoire partagée qui peut être accédée par un groupe de threads connue comme bloc, l'accès à cette mémoire est plus rapide, vu qu'elle est proche des threads, mais elle est d'une capacité limitée.

Pour éviter la surcharge de la mémoire partagée, nous avons partitionné les données en plusieurs partitions qui vont être traitées une après l'autre. La communication entre les threads se fait via cette mémoire où la mise à jour se fait rapidement. Ce procédé permet d'éviter les tests inutiles.

4 Expérimentations

Les expérimentations ont été réalisées sur une machine dotée d'Intel Core i5 2,50 GHz, et d'une mémoire de 4 Go, équipée d'une carte graphique NVIDIA GeForce GT 525 M avec 2 Go. Sous Ubuntu 12.04. Les mêmes bases de données synthétiques de [2] et [4] ont été utilisées. Il s'agit de trois types de données : corrélées, anti-corrélées et indépendantes. Nous avons varié la dimensionnalité d dans l'intervalle [2,10] et la cardinalité n dans l'intervalle [10.000,100.000] points. Nous avons comparé GSA avec DC selon ces deux paramètres. Nous avons calculé le temps nécessaire en secondes pour retourner le skyline.

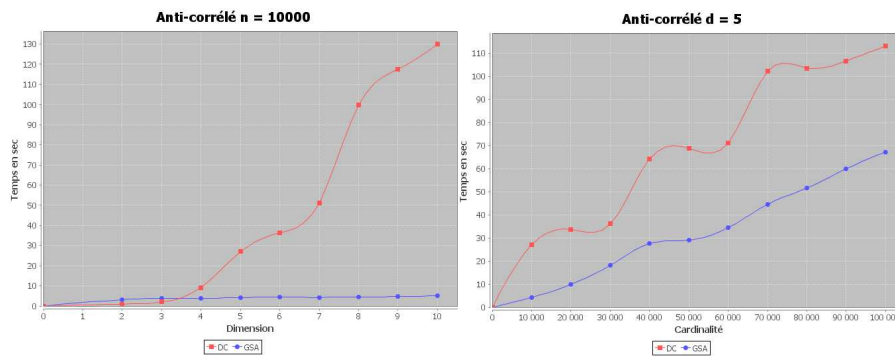


Fig. 5. Temps écoulé pour calculer le skyline sur les données Anti-corrélées

La figure 5 illustre les temps effectués par DC et GSA pour calculer le skyline. En variant la dimension de 2 à 10, nous remarquons un accroissement des temps effectués par DC, plus la dimension augmente plus le temps augmente. Cette augmentation est due à la logique de DC. Sur chaque dimension, il calcule la médiane dans un procédé one-way ou multi-way. Ensuite, il calcule le skyline suivant cette dimension. Ce procédé se répète sur toutes les dimensions. Ce qui explique la montée dans le temps de cette courbe. A la différence de DC, les temps effectués par GSA sont stables. Ceci est un procédé bien connu dans ce domaine. Cette stabilité est due au multithreading. Nous proposons d'utiliser autant de threads que de dimensions et chaque thread exécute les tests sur une seule dimension en parallèle à la fois. Ce qui explique ces temps.

En variant la cardinalité, nous remarquons que DC a effectué plus temps que GSA. Ce dernier a augmenté son temps, car plus le nombre de points augmente plus il y a des partitions causant plus de swapping entre la shared memory et la global memory. Mais l'utilisation massive du parallélisme a fait que GSA a consommé moins de temps que DC.

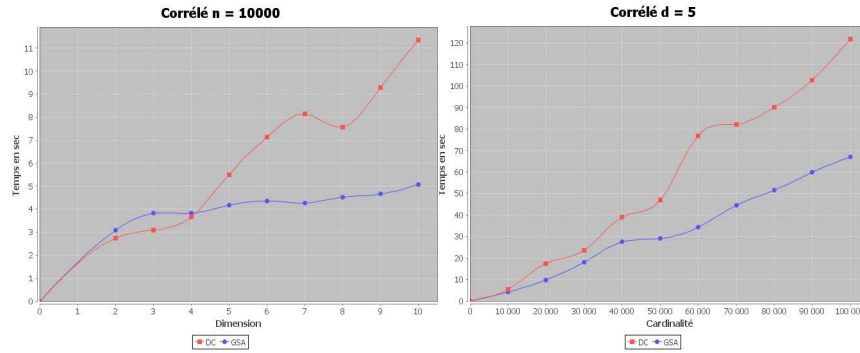


Fig. 6. Temps écoulé pour calculer le skyline sur les données Corréliées

La figure 6 présente l'exécution de DC et GSA sur les données corréliées. Pour les petites dimensions 2, 3 et 4 DC a consommé moins de temps que GSA, mais ce type de problème se fait pour un nombre important de dimensions. On remarque alors que GSA a été plus rapide que DC, suite à la manière avec laquelle on exécute les tests. Les d threads comparent les points deux-à-deux sur la même composante.

En variant la dimension, les deux algorithmes ont vu leurs courbes augmenter. Mais GSA reste toujours plus performant. L'exploitation massive du parallélisme est fructueuse. Dans notre méthode, tous les threads sont fonctionnels et se divisent la charge : le chargement, les calculs des skyline partiels et la fusion.

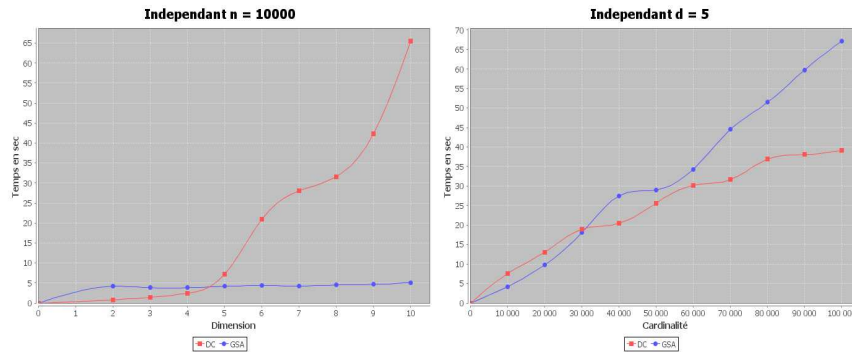


Fig. 7. Temps écoulé pour calculer le skyline sur les données Indépendantes

La figure 7 montre la comparaison entre DC et GSA en termes des temps effectués sur les données indépendantes. En variant la dimension, pour les petites dimensions DC était plus rapide. En réalité, pour un nombre réduit de threads le séquentiel est meilleur car les procédés de synchronisation ralentissent l'exécution. Mais avec

l'augmentation des dimensions, GSA devient plus performant et mieux encore fournit des temps stables. Ce constat est le fruit de l'exécution des tests parallèles sur les composantes du même rang des points.

La variation de la cardinalité a fait profiter à DC. En réalité, le type indépendant est difficile à manipuler (Börzsonyi et al 2001), les chercheurs souhaitent éviter ce type de données. Ce type est caractérisé par un nombre important de skyline ; d'où GSA a sauvé beaucoup de points et a fait plus d'accès à la mémoire globale qui est lente. C'est pour cette raison, que DC a consommé moins de temps que GSA.

5 Conclusion

Dans ce papier, nous avons traité le problème des requêtes skyline dans la GPU. Ces requêtes sont importantes pour la prise de décisions multicritères, puisqu'il est impossible d'établir un ordre total sur des données contradictoires.

Nous avons défini l'opérateur skyline en donnant un exemple illustratif et nous avons donné un état de l'art qui regroupe un ensemble de travaux du domaine.

Nous avons introduit la technique de tests de dominance en utilisant la GPU, qui peut réduire considérablement le coût de ces tests par rapport à la solution CPU. Nous avons aussi fait communiquer les threads pour éviter les tests inutiles, et nous avons proposé un partitionnement de données pour une bonne gestion de la mémoire.

Bien que GSA soit plus performant que DC sur la plupart des données, il a présenté moins de performance en variant le nombre de points pour le type indépendant.

La solution que nous avons présentée a pris pour but d'éviter que des threads restent oisifs ce qui réduit considérablement les temps d'exécution.

Comme perspective, nous projetons de travailler GSA encore sur le type indépendant. Actuellement, nous expérimentons notre approche sur de larges bases de données avec un nombre de critères plus élevé. Aussi, nous travaillons sur l'hybridation entre le CPU et la GPU ainsi que l'exploitation de multiple GPUs.

References

1. Bogh, k., Assents, I., Magnani, M. : Efficient gpu-based skyline computation. In DaMoN'13(2013).
2. Börzsonyi, S., Kossmann, D., Stocker, K. : The skyline operator. In ICDE2001. volume pages 421-430(2001).
3. Choi, W., Liu, L., Yu, B.: Multi-criteria decision making with skyline computation. In IEEE IRI 2012(2012).
4. Kossmann, D., Ramsak, F., Rost, S.: Shooting stars in the sky ; an online algorithm for skyline queries. In Lochovsky et Shan. volume pages 475-286 (2002).
5. Lee, J., Kim, J., Hwang, S.: Supporting efficient distributed skyline computation using skyline views. In International Conference on Data Warehousing and Knowledge Discovery (DaWaK)(2009).
6. Linkes, S., Vlachou, A., Doukeridis, C.: Improved skyline computation for multicore architectures. In DASFAA (2014).

7. Yuan, Y., Lin, X., Lui, Q. : Efficient computation of the skyline cube. In VLDB, volume pages 241-252(2015).
8. Zekri, L., BELAICHA, H. : Contribution au calcul du skyline par réduction de l'espace candidat. In EGC. Volume pages 221-226(2015).

Optimisation I

Contrôle en temps de l'équation linéaire unidimensionnelle de la chaleur avec paramètre d'échelle

Karim Benalia¹, Brahim Oukacha¹, and Claire David²

¹ Université Mouloud Mammeri - Tizi-Ouzou - Algérie,
benalia.karim@yahoo.fr,oukachabrahim@yahoo.fr ,
Laboratoire de Recherche Oopérationnelle et de Mathématiques de la Dcision
² Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, CNRS, UMR 7598, Laboratoire
Jacques-Louis Lions, 4, place Jussieu 75005, Paris, France

Résumé On s'intéresse, ici, à l'étude d'un problème de contrôle optimal en temps de l'équation de la chaleur linéaire, unidimensionnelle, en présence d'un paramètre d'échelle. A cet effet, nous construisons en premier lieu une solution exacte. La dépendance de cette solution par rapport au paramètre d'échelle conduit ainsi à étudier l'existence et l'unicité d'un contrôle optimal en temps de l'équation de la chaleur. En supposant la L^∞ -contrôlabilité à zéro, on peut établir une propriété de type bang-bang.

Keywords: Contrôle en temps optimal, contrôlabilité, équation de la chaleur linéaire, l'invariance d'échelle

1 Introduction

Dans un problème de contrôle en temps optimal, on cherche le temps minimal pour qu'un contrôle admissible amène un système dynamique d'un point initial arbitraire au point final prescrit. Ce problème est classique en dimension finie, et il est bien connu qu'un contrôle en temps optimal possède des propriétés intéressantes, en raison du principe du maximum de Pontriaguine, et de la propriété de bang-bang qui en résulte (voir l'article seminal de R. Bellman, I. Glicksberg et O. Gross [1]).

L'extension en dimension infinie a été initiée par H.O. Fattorini [2], [3], [4], et développée par J.L. Lions [5]. L'ouvrage de M. Tucsnak et G. Weiss [6] est une référence incontournable en matière de contrôle.

Le but de notre travail est d'étudier l'existence et l'unicité d'un contrôle en temps optimal, pour l'équation de la chaleur linéaire, unidimensionnelle, en présence d'un paramètre d'échelle, et de déterminer si la propriété de bang-bang peut être satisfaite.

Le problème général, pour l'équation de la chaleur linéaire, unidimensionnelle, sur un compact $K \subset \mathbb{R}$, peut être énoncé sous la forme suivante :

$$\begin{cases} \dot{y}(x, t) = \Delta y(x, t) + 1_\omega(x) u(x, t) & \forall (x, t) \in K \times \mathbb{R}_+ \\ y(x, t) = 0 & \forall x \in \partial K, \forall t \in \mathbb{R}_+ \\ y(0, \cdot) = \tilde{y} \in L^2(K) \end{cases}$$

où $T > 0$, $\omega \subset \Omega$, 1_ω étant la fonction caractéristique de ω :

$$\forall x \in K : \quad 1_\omega(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x \in \omega \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

où u est dans $L^\infty([0, T], U)$, et où :

$$\|u\|_{L^\infty([0, T], U)} \leq 1 \quad \text{pour presque tout } t \in [0, T]$$

Definition 1. On dit qu'un élément y^f est accessible s'il existe un réel strictement positif $\tau > 0$, et u dans $L^\infty([0, T], U)$ tels que :

$$\|u\|_{L^\infty([0, T], U)} \leq 1 \quad \text{pour presque tout } t \in [0, T].$$

et tels que la solution du système précédent satisfasse :

$$y(\tau, \cdot) = y^f(\cdot)$$

L'objectif de ce travail est de trouver le contrôle u^* qui soit accessible, avec un temps final τ^* le plus petit possible.

On peut obtenir la propriété de bang-bang pour le contrôle en temps optimal en passant par le principe du maximum, la condition à vérifier étant la contrôlabilité exacte du système (voir par exemple, l'article de J. Lohéac et de M. Tucsnak [7]).

On sait que pour certaines équations, comme pour l'équation de la chaleur, la contrôlabilité exacte n'est pas vérifiée. C'est pour cette raison qu'on étudie d'autres conditions non basées sur le principe du maximum pour qu'un contrôle en temps optimal satisfasse la propriété de bang-bang. Avec une hypothèse sur la L^∞ -contrôlabilité à zéro, on peut établir la propriété de bang-bang (voir l'article de S. Micu, I. Roventa et M. Tucsnak [8] et l'article de G. Wang [9]).

2 Solutions invariantes d'échelle pour l'équation de la chaleur linéaire unidimensionnelle

On s'intéresse, dans ce qui suit, à l'équation de la chaleur linéaire unidimensionnelle normalisée :

$$\frac{\partial y}{\partial t} = \frac{\partial^2 y}{\partial x^2} \quad \forall (x, t) \in \mathbb{R} \times [0, T]$$

où T est un réel strictement positif, avec la condition initiale :

$$y(x, 0) = y_0(x) \quad \forall x \in \mathbb{R}$$

y_0 étant une fonction donnée.

La solution analytique est donnée, pour tout (x, t) de $\mathbb{R} \times [0, T]$, par :

$$y_{classical}(x, t) = \frac{1}{2\sqrt{\pi t}} \int_{-\infty}^{\infty} y_0(u) e^{-\frac{(x-u)^2}{4t}} du$$

L'équation linéaire de la chaleur possède une invariance naturelle d'échelle. Si l'on désigne par y une solution, alors, pour tout réel strictement positif Λ , l'application :

$$(t, x) \mapsto y_\Lambda(t, x) = \Lambda y(\Lambda^2 t, \Lambda x)$$

est aussi solution.

En appliquant la méthode développée par Jean-Yves Chemin et Claire David [10], [11], on définit l'application \mathcal{F} , de $L^2_{loc}(\mathbb{R}) \times \mathbb{R}_+^* \times \mathbb{N}^*$ par :

$$\mathcal{F}(y_0, \Lambda, N_0) = y_0 + \varepsilon \sum_{j=1}^{N_0} \Lambda^{-j} y_0(\Lambda^{-j} \cdot) \quad , \quad \varepsilon \in \{-1, +1\}, N_0 \in \mathbb{N}^*$$

La construction de cette application est issue de la théorie dite « des profils », introduite par P. Gérard et H. Bahouri [12]. Elle repose sur l'idée selon laquelle deux solutions d'une équation d'évolution, d'échelles suffisamment différentes, n'interagissent presque pas.

On s'intéresse donc, dans ce qui suit, à des données initiales de la forme :

$$y_0(x) + \varepsilon \sum_{j=1}^{N_0} y_{0,\Lambda,j}(x) = y_0(x) + \varepsilon \sum_{j=1}^{N_0} \frac{1}{\Lambda^j} y_0\left(\frac{x}{\Lambda^j}\right) \quad , \quad \Lambda > 0$$

La solution analytique exacte \tilde{y} , qui dépend de la variable d'espace x , du temps t , et du paramètre d'échelle Λ , est donnée par :

$$\tilde{y}(x, t, \Lambda) = y_{classical}(x, t) + \varepsilon \frac{1}{2\sqrt{\pi t}} \int_{-\infty}^{\infty} \sum_{j=1}^{N_0} y_{0,\Lambda,j}(u) e^{-\frac{(x-u)^2}{4t}} du$$

Il est intéressant de remarquer que :

$$\tilde{y}(x, t, \Lambda) = y_{classical}(x, t) + \varepsilon \sum_{j=1}^{N_0} \frac{1}{\Lambda} y_{classical}\left(\frac{x}{\Lambda^j}, \frac{t}{\Lambda^{2j}}\right)$$

On a alors :

$$\Delta \tilde{y}(x, t, \Lambda) = \Delta y_{classical}(x, t) + \frac{\varepsilon}{\Lambda} \sum_{j=1}^{N_0} \Delta y_{classical} \left(\frac{x}{\Lambda^j}, \frac{t}{\Lambda^{2j}} \right)$$

On construit, ainsi, une solution exacte de l'équation linéaire de la chaleur. La dépendance de cette solution par rapport au paramètre d'échelle Λ conduit, naturellement, à un problème de contrôle interne avec paramètre, que l'on peut formuler de la façon suivante : si l'on se donne un compact $K = [\alpha, \beta] \subset \mathbb{R}$, et un domaine $\omega \subset K$, quel type de contrôle u doit-on exercer pour obtenir un résultat donné ? Le système associé est le suivant :

$$\begin{cases} \dot{\tilde{y}}(x, t, \Lambda) = \Delta \tilde{y}(x, t, \Lambda) + 1_\omega(x) u(x, t) & \forall (x, t, \Lambda) \in K \times \mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}_+^* \\ \tilde{y}(x, t, \Lambda) = 0 & \forall x \in \partial K, \forall (t, \Lambda) \in \mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}_+^* \\ \tilde{y}(0, \cdot, \Lambda) = \tilde{y}_0 \in L^2(K) & \forall \Lambda \in \mathbb{R}_+^* \end{cases} \quad (1)$$

où 1_ω est la fonction caractéristique de ω :

$$\forall x \in K : \quad 1_\omega(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } x \in \omega \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

et où u est un contrôle vérifiant :

$$\forall t \geq 0 : \quad \|u\|_{L^2(K)} \leq C_0$$

C_0 étant une constante strictement positive, dépendant de la condition initiale y_0 . Dans ce qui suit, la condition initiale sera ajustée afin que l'on ait :

$$C_0 \leq 1$$

On rappelle les résultats classiques suivants :

Proposition 1. *Pour tout réel strictement positif T , et toute fonction continue u sur $\omega \times [0, T]$, l'unique solution y telle que :*

$$y(t = 0, \cdot) = y_0(\cdot)$$

est donnée, pour tout x de K , et tout t de $[0, T]$, par :

$$y(x, t) = e^{t\Delta} y_0(x) + \int_0^t e^{(t-\tau)\Delta} 1_\omega(x) u(\tau, x) d\tau$$

Proposition 2. *Pour tout réel strictement positif T , et toute fonction continue u de $L^2(\omega \times [0, T])$, le système (1) admet une solution unique \tilde{y}_u telle que :*

$$\tilde{y} \in C([0, T], H_1^0(K)) \quad , \quad \frac{\partial \tilde{y}}{\partial t} \in L^2([0, T], L^2(K))$$

Comme rappelé dans [13], il est alors naturel d'introduire, pour tout réel strictement positif T , l'ensemble des états atteignables à l'instant T associé au système (1) :

$$\mathcal{R}(T) = \{\tilde{y}(T) \mid u \in L^2(K \times [0, T])\}$$

Proposition 3. ([13])

Pour tout réel strictement positif T , l'ensemble $\mathcal{R}(T)$ est dense dans $L^2(K)$.

Démonstration. L'ensemble $\mathcal{R}(T)$ est bien un sous-espace vectoriel de $L^2(K)$.

Intéressons-nous à l'orthogonal de $\mathcal{R}(T)$ dans $L^2(K)$. A cet effet, on considère le problème rétrograde :

$$\begin{cases} -\dot{\varphi}(x, t) = \Delta \varphi(x, t) & \forall (x, t) \in K \times [0, T] \\ \varphi(x, t) = 0 & \forall (x, t) \in \partial K \times [0, T] \\ \varphi(\cdot, T) = \varphi_0 \in L^2(K) \end{cases} \quad (2)$$

Ce problème, qui se ramène à l'équation de la chaleur classique via le changement de variable

$$t \mapsto T - t$$

admet une solution unique φ dans

$$C([0, T], L^2(K)) \cap L^2([0, T], H_1^0(K))$$

avec :

$$\frac{\partial \varphi}{\partial t} \in L^2([0, T], H^{-1}(K))$$

En multipliant membre à membre par φ la relation :

$$\dot{y} = \Delta y + 1_\omega u$$

on obtient :

$$\varphi \dot{y} = \varphi \Delta y$$

ce qui, en intégrant, conduit à :

$$\int_0^T \int_K \varphi \dot{y} dx dt = \int_0^T \int_{\partial K} \varphi \Delta y dx dt - \int_0^T \int_K \frac{\partial \varphi}{\partial x} \frac{\partial \varphi}{\partial x} dx dt + \int_0^T \int_K \varphi u dx dt$$

soit :

$$\int_0^T \int_K \varphi \dot{y} dx dt = - \int_0^T \int_K \frac{\partial \varphi}{\partial x} \frac{\partial \varphi}{\partial x} dx dt + \int_0^T \int_K \varphi u dx dt$$

soit :

$$\int_0^T \int_K \varphi \dot{y} dx dt = - \int_0^T \int_{\partial K} \frac{\partial \varphi}{\partial x} y dx dt + \int_0^T \int_K \frac{\partial^2 \varphi}{\partial x^2} y dx dt + \int_0^T \int_K \varphi u dx dt$$

soit :

$$\int_0^T \int_K \varphi \dot{y} dx dt = \int_0^T \int_K \frac{\partial^2 \varphi}{\partial x^2} y dx dt + \int_0^T \int_K \varphi u dx dt$$

puisque φ et y s'annulent sur la frontière ∂K . Une nouvelle intégration par parties conduit :

$$y(\cdot, T) \varphi(\cdot, T) - \int_0^T \int_K \dot{\varphi} y dx dt = \int_0^T \int_K \frac{\partial^2 \varphi}{\partial x^2} y dx dt + \int_0^T \int_\omega \varphi u dx dt$$

Compte-tenu de :

$$-\dot{\varphi} = \Delta \varphi$$

on a donc :

$$y(\cdot, T) \varphi_0(\cdot, T) = \int_0^T \int_\omega \varphi u dx dt$$

Comme

$$\varphi_0 \in \mathcal{R}(T)^\perp$$

on en déduit alors :

$$\int_0^T \int_\omega \varphi u dx dt = y(\cdot, T) \varphi_0(\cdot, T) = 0$$

La fonction contrôle u étant quelconque, il en résulte :

$$\varphi = 0 \quad \text{dans } K \times [0, T]$$

Le résultat de prolongement de Mizohata [14] permet d'en déduire :

$$\varphi = 0 \quad \text{dans } K \times [0, T]$$

Par suite :

$$\varphi_0 = 0$$

L'orthogonal de $\mathcal{R}(T)$ dans $L^2(K)$ est donc réduit au singleton $\{0\}$.

On peut alors appliquer le critère de densité, corollaire du théorème de Hahn-Banach :

$$(\mathcal{R}(T)^\perp)_\perp = \{\varphi \in L^2(K) \mid \forall \psi \in \mathcal{R}(T)^\perp : \langle \varphi, \psi \rangle = 0\} = \overline{\mathcal{R}(T)}$$

qui permet d'affirmer que la condition nécessaire et suffisante de densité de $\mathcal{R}(T)$ dans $L^2(K)$:

$$\overline{\mathcal{R}(T)} = L^2(K)$$

équivalent donc à :

$$\mathcal{R}(T)^\perp = \{0\}$$

Corollary 1. *Etant donné \hat{y} dans $L^2(K)$, et un réel strictement positif ε , il existe un contrôle u appartenant à $L^2(K \times [0, T])$ tel que :*

$$\|y(\cdot, T) - \hat{y}\|_{L^2(K)} \leq \varepsilon$$

Remark 1. Ainsi, l'étude de la contrôlabilité approchée de notre système linéaire (1) se ramène à un problème de continuais, pour le problème adjoint associé.

Notre but étant, ici, est de déterminer si l'on peut trouver un contrôle u qui permette de vérifier la propriété de type bang-bang suivante :

$$\|u(\cdot, t)\|_{L^2(K)} = 1 \quad \text{pour tout } t \in [0, \tau^*]$$

où τ^* est un unique temps optimal permettant d'amener la solution de (1) du point initial \tilde{y}_0 au point final \tilde{y}^f au temps τ^* , on retombe donc sur les résultats présentés dans les travaux de G. Lebeau et L. Robbiano [15], qui conduisent au résultat suivant :

Proposition 4. *Pour tout \tilde{y}_0 et tout \tilde{y}^f de $L^2(K)$ tels que*

$$\tilde{y}_0 \neq \tilde{y}^f$$

si \tilde{y} est solution du système (1), associé au contrôle u^ , il existe un unique temps optimal τ^* permettant d'amener la solution de (1) du point initial \tilde{y}_0 au point final \tilde{y}^f au temps τ^* .*

De plus, u^ vérifie la propriété de bang-bang, i.e. :*

$$\|u(\cdot, t)\|_{L^2(K)} = 1 \quad \text{pour tout } t \in [0, \tau^*]$$

3 Application numérique

Notre application numérique est réalisée grâce à une méthode de type directe (par discrétisation totale), de l'équation de la chaleur, en présence d'un paramètre d'échelle $\Lambda > 0$, avec un contrôle interne dans un domaine $\omega \subset [0, 1]$. Plus précisément, on considère le système suivant :

$$\Lambda^2 y(\Lambda x, \Lambda^2 t) = \Lambda^2 \Delta y(\Lambda x, \Lambda^2 t) + 1_{[\frac{1}{3}, \frac{2}{3}]}(x) u(x) \quad \forall x \in [0, 1], \quad \forall t \in [0, t_f], \quad \forall \Lambda > 0$$

$$y(0, t, \Lambda) = 0 \quad , \quad y(1, t, \Lambda) = 0 \quad , \quad \forall t \in [0, t_f], \quad \Lambda > 0$$

La discrétisation est effectuée par différences finies, avec un schéma d'Euler implicite pour la discrétisation en temps. On introduit :

$$0 = t_0 < t_1 < \dots < t_i < \dots < t_n = t_f$$

la discrétisation en temps par n intervalles, et

$$0 = x_0 < x_1 < \dots < x_j < \dots < x_{N+1} = 1$$

la discrétisation en espace par $N + 1$ intervalles.

Pour tout i de $\{0, \dots, n\}$ et tout j de $\{0, \dots, N + 1\}$, désignons par

$$y_{i,j} = y_\Lambda(t_i, x_j)$$

la valeur de la solution au temps t_i et au point x_j , pour le paramètre d'échelle Λ .

Nos approximations sont les suivantes :

$$\dot{y}_\Lambda(t_i, x_j) \approx \frac{y_{i,j} - y_{i-1,j}}{t_h}$$

et :

$$\Delta y_A(t_i, x_j) \approx \frac{y_{i,j+1} + y_{i,j-1} - 2y_{i,j}}{x_h^2}$$

où :

$$t_h = \frac{t_f}{n} \quad , \quad x_h = \frac{\Lambda}{N+1} \quad , \quad t_f = \Lambda^2$$

Pour tout entier i de $\{1, \dots, N\}$, on pose :

$$Y_i = \begin{pmatrix} y_{i,1} \\ y_{i,2} \\ \vdots \\ y_{i,N} \end{pmatrix}$$

On peut donc écrire le système discrétisé correspondant sous forme matricielle :

$$\Lambda^2 \frac{Y_{i+1} - Y_i}{t_h} = A_h \cdot Y_{i+1} + B_h \cdot U_{i+1} \quad (3)$$

où la matrice A_h , de taille $N \times N$, est donnée par :

$$A_h = \frac{\Lambda^2}{x_h^2} \begin{pmatrix} -2 & 1 & 0 & \dots & 0 \\ 1 & -2 & \ddots & & \vdots \\ 0 & \ddots & \ddots & \ddots & 0 \\ \vdots & & \ddots & -2 & 1 \\ 0 & \dots & 0 & 1 & -2 \end{pmatrix}$$

et où la matrice diagonale B_h , de taille $N \times N$, est donnée par :

$$B_h = \text{diag} (\alpha_1, \dots, \alpha_N)$$

avec, pour tout entier i de $\{1, \dots, N\}$:

$$\alpha_i = \begin{cases} 1 & \text{si } \frac{1}{3} \leq x_i \leq \frac{2}{3} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

et :

$$U_{i+1} = \begin{pmatrix} u_{i,1} \\ \vdots \\ u_{i,N} \end{pmatrix}$$

où $u_{i,j}$ est la valeur choisie pour le contrôle au temps t_i , au point x_j .

Par un simple calcul, résoudre (3) revient à résoudre, pour tout i de $\{1, \dots, N\}$, le système :

$$C Y_{i+1} = Y_i + \frac{t_h}{\Lambda^2} B_h \cdot U_i$$

où

$$C = I_N - \frac{1}{\Lambda^2} t_h \cdot A_h$$

I_N étant la matrice identité d'ordre N .

A chaque pas de temps, on inverse donc la matrice C , pour calculer Y_{i+1} en fonction des valeurs de Y_i et U_i .

Désignons par X une variable qui contient toutes les valeurs $u_{i,j}, i \in [1, N], j \in [1, N]$, ainsi que le temps final t_f .

On rappelle que le principe de la méthode directe est de minimiser une fonction F qui rend t_f avec les contraintes sur le contrôle, i.e., pour tout entier i de $\{1, \dots, N\}$:

$$\|U_i\|_{L^2(\left(\frac{1}{3}, \frac{2}{3}\right))} \leq 1$$

avec la condition finale :

$$Y(t_f) = Y^f$$

On considère ici, comme condition initiale et condition finale respectives :

$$\forall x \in K : y_0(x) = \sin(\pi x) \quad , \quad y^f(x) = 0$$

Notre simulation est effectuée pour :

$$n = N$$

En pratique, on fixe donc le nombre de discrétisations ($N = 10$ par exemple), et on change la valeur du paramètre d'échelle. Les résultats obtenus sont donnés dans le tableau suivant.

λ	1	2	8	10	15	20
t_f^*	0.6769	1.0486	1.7031	2.4861	4.3337	6.1435

Table 1. Temps final - Temps optimal

Les figures suivantes présentent l'évolution de la norme L^2 du contrôle en temps.

On remarque que la norme L^2 du contrôle en temps est égale à 1 pour tout t de l'intervalle $[0, t_f^*]$. Ainsi, le contrôle possède bien la propriété de bang-bang. Il est intéressant de noter que, si le paramètre d'échelle λ augmente, il en est de même pour le temps final numérique, mais la propriété de bang-bang est toujours vérifiée.

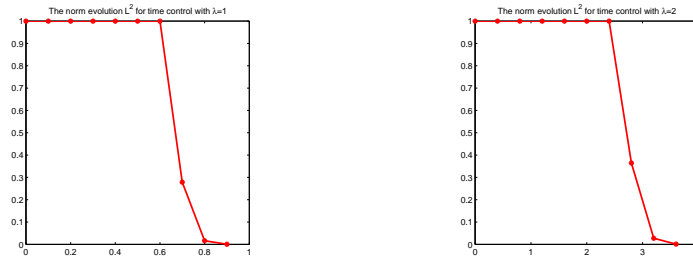


Figure 1. Fig1

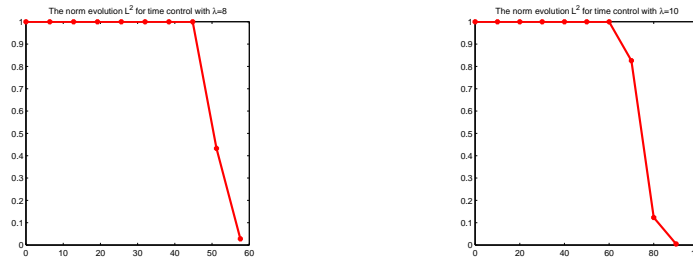


Figure 2. Fig2

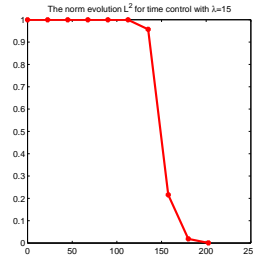


Figure 3. Fig3

4 Perspectives

Notre approche a, classiquement, consisté à étudier un système avec contrôle interne, en présence d'un paramètre d'échelle. Il est intéressant de remarquer que, du fait de l'expression de la solution avec paramètre :

$$\tilde{y}(x, t, \Lambda) = y_{classical}(x, t) + \varepsilon \sum_{j=1}^{N_0} \frac{1}{\Lambda^j} y_{classical} \left(\frac{x}{\Lambda^j}, \frac{t}{\Lambda^{2j}} \right)$$

il apparaît comme intéressant de considérer un contrôle de la forme :

$$\varepsilon \sum_{j=1}^{N_0} \frac{u_j}{\Lambda^j} y_{classical} \left(\frac{x}{\Lambda^j}, \frac{t}{\Lambda^{2j}} \right)$$

On obtient, ainsi, un système affine en contrôle. Pour tout entier j de $\{1, \dots, N_0\}$, le contrôle u_j correspond donc à un déplacement dans la direction

$$f_j = \varepsilon \frac{1}{\Lambda^j} y_{classical} \left(\frac{x}{\Lambda^j}, \frac{t}{\Lambda^{2j}} \right)$$

ce qui conduit à s'intéresser à l'algèbre de Lie engendrée par la famille

$$(f_j)_{1 \leq i \leq N_0}$$

dans l'esprit de ce qui est présenté dans [16], [17], dans la mesure où se déplacer, sur des sous-intervalles de K , dans des directions données $f_i, f_j, i \neq j$, fait intervenir les crochets de Lie desdites directions.

Références

1. R. Bellman, I. Glicksberg, and O. Gross, On the "bang-bang" control problem, Quart. Appl. Math., **14**, 1956, pages 11-18.
2. H. O. Fattorini, Time-optimal control of solutions of operational differential equations, J. Soc. Indust. Appl. Math. Ser. A Control, **2**, 1964, pages 54-59.

3. H. O. Fattorini, A remark on the "bang-bang" principle for linear control systems in infinite dimensional spaces, *SIAM J. Control*, 1968.
4. H. O. Fattorini, H. O. Fattorini. Infinite dimensional linear control systems, volume 201 of North-Holland Mathematics Studies. Elsevier Science B.V., Amsterdam, 2005. The time optimal and norm optimal problems..
5. J.-L. Lions, Contrôle optimal de systèmes gouvernés par des équations aux dérivées partielles, Avant propos de P. Lelong. Dunod, Paris, 1968.
6. M. Tucsnak and G. Weiss, Observation and control for operator semigroups, Birkhäuser Advanced Texts : Basler Lehrbücher. [Birkhäuser Advanced Texts : Basel Textbooks]. Birkhäuser Verlag, Basel, 2009.
7. J. Lohac and M. Tucsnak, Maximum principle and bang-bang property of time optimal controls for Schrödinger type systems, 2012.
8. S. Micu, I. Roventa, and M. Tucsnak, Time optimal boundary controls for the heat equation, November 2011.
9. G. Wang., L^∞ -null controllability for the heat equation and its consequences for the time optimal control problem, *SIAM J. Control Optim.*, **47**(4), 2008, pages 1701-1720.
10. Jean-Yves Chemin, Cl. David, Sur la construction de grandes solutions pour des équations de Schrödinger de type " masse critique ", Séminaire Laurent Schwartz - EDP et applications, 2013.
11. Jean-Yves Chemin, Cl. David, From an initial data to a global solution of the nonlinear Schrödinger equation : a building process, *International Mathematica Research Notices*, 2015, rnv199, doi :10.1093/imrn/rnv199.
12. H. Bahouri and P. Gérard, High frequency approximation of solutions to critical nonlinear wave equations, *American Journal of Math*, **112**, 1999, pages 131-175.
13. Jean-Pierre Puel, Contrôle et équations aux dérivées partielles, XUPS 99, pages 169-188.
14. Unicité du prolongement des solutions pour quelques opérateurs paraboliques, *Mem. Coll. Sci. Univ. Kyoto, Ser. A31*, 1958, pages 219-239.
15. G. Lebeau and L. Robbiano, Contrôle exact de l'équation de la chaleur, *Comm. Partial Differential Equations*, **20**(1-2), 1995, pages 335-356.
16. Jean-Michel Coron, Quelques résultats sur la commandabilité et la stabilisation des systèmes non linéaires, XUPS 99-02, pages 123-168.
17. Wei Liang Chow, Uber systeme von linearen partiellen differentialgleichung ester ordnung, *Math. Ann.*, **117**, 1939, pages 98-105.

Efficient combination of two lower bound functions in univariate global optimization .

OUANES MOHAND¹ , CHEBBAH MOHAMMED¹, Zidna Ahmed² ,²

¹ Laboratoire LAROMAD University Tizi ouzou,

¹ ouanes_mohand@yahoo.fr ,¹ chbbhea@yahoo.fr ,

² Laboratoire de l'Informatique Theorique Appliquee UFR MIM
University Paul Verlaine - Metz, Ile du Saulcy, 57045 Metz, France

² ahmed.zidna@univ-lorraine.fr ,² ,

Abstract. We propose a new method for solving univariate global optimization problems by combining a lower bound function given in α BB method [1], with the improved lower bound function of the method developed in [5]. The new lower bound function is better than the two lower bound functions by its construction. The complementarity of the two lower bound functions allows us to derive the convex/concave test and the pruning step which accelerate the convergence of the proposed method. Illustrative examples are treated efficiently .

Keywords: Global optimization, α BB method, quadratic lower bound function, Branch and Bound, pruning method.

1 Introduction

We consider the following problem

$$(P) \begin{cases} \min f(x) \\ x \in [x^0, x^1] \subset R \end{cases}$$

with $f(x)$ a non-convex C^2 -continuous function on the interval $[x^0, x^1]$ of R . Univariate global optimization problems attract attention of researchers not only because they arise in many real-life applications but also the methods for these problems are useful for the extension for the multivariate case or by reducing the multidimensional case to the univariate case. One class of deterministic approaches, which called lower bounding method, emerged from the natural strategy to find a global minimum for sure. The efficiency of a method is in the construction of tight lower bound and to discard a large regions which do not contain the global minimum as quickly as possible.

In order to solve the global optimization problem, many envelope methods have been proposed (see [3] and references therein). Several methods have been studied in the literature for univariate global optimization problems, among them we can cite the classical α BB method developed in [1], another method

using a quadratic lower bound is developed in [5] for univariate case. The latter is generalized to multivariate case in [7]. In [?], tight convex lower bound for univariate C^2 -continuous functions are proposed by using a piecewise quadratic lower bound obtained by α BB method which allows to find convex envelope in finite number of subdivisions. In [6], a branch and prune algorithm is proposed, the pruning step(outer and inner) consists in solving linear equation, the linear bounding function is obtained by interval analysis.

The main contributions of this paper are:

1. Improvement of the quadratic lower bound function given in [5].
2. A combination of this improved quadratic lower bound function with the lower bound function of the α BB method (see [1]) is proposed. This combination results in a non differentiable but a tight lower bound function. To compute its minimum, we solve a convex program.
3. A Convex/concave test and a pruning step which accelerate the convergence of the proposed algorithm is given.

The structure of the paper is as follows. The two lower bound functions in [1] and in [5] with their properties and the improved quadratic lower bound function are presented in section 2. In section 3, a new lower bound is stated and its properties are shown. In section 4, the algorithm is described and its convergence is shown. Section 5 presents some computational results.

2 Background

2.1 Lower bound function in α BB method [1]

The lower bound function in α BB method on the interval $[x^0, x^1]$ is given by :

$$LB_{\alpha}(x) = f(x) - \frac{K_{\alpha}}{2}(x - x^0)(x^1 - x)$$

with $K_{\alpha} \geq \max\{0, -f''(x)\}, \forall x \in [x^0, x^1]$. The main properties of this lower bound function are:

1. It is convex (i.e. $LB_{\alpha}''(x) = f''(x) + K_{\alpha} \geq 0, \forall x \in [x^0, x^1]$).
2. It coincides with the function $f(x)$ at the endpoints of the interval $[x^0, x^1]$ (i.e. by construction of $(LB_{\alpha}(x))$).
3. It is a lower bound function (i.e. $f(x) - LB_{\alpha}(x) = \frac{K_{\alpha}}{2}(x - x^0)(x^1 - x) \geq 0, \forall x \in [x^0, x^1]$).

For more details one see [1].

2.2 Quadratic lower bound function [5]

The quadratic lower bound developed in [5] on the interval $[x^0, x^1]$ is given by :

$$LB_{LO}(x) = f(x^0) \frac{x^1 - x}{x^1 - x^0} + f(x^1) \frac{x - x^0}{x^1 - x^0} - \frac{K}{2}(x - x^0)(x^1 - x)$$

with $K \geq |f''(x)|, \forall x \in [x_0, x_1]$. The main properties of this lower bound function are:

1. It is convex (i.e. $LB''_{LO}(x) = K \geq 0$).
2. It coincides with the function $f(x)$ at the endpoints of the interval $[x^0, x^1]$ (i.e. by construction of $LB_{LO}(x)$).
3. It is a lower bound function (i.e. $(f(x) - LB_{LO}(x))'' = f''(x) - K \leq 0, \forall x \in [x^0, x^1]$.) which implies that $(f(x) - LB_{LO}(x))$ is concave, it vanishes at the endpoints of $[x^0, x^1]$ then $f(x) \geq LB_{LO}(x), \forall x \in [x^0, x^1]$.

3 New lower bound function

We begin by improving this quadratic lower bound function LB_{LO} by taking the constant $K_q \geq \max\{0, f''(x)\}, \forall x \in [x_0, x_1]$ instead of $K \geq |f''(x)|$, as in [5]. Let consider the improved quadratic lower bound

$$LB_q(x) = f(x^0) \frac{x^1 - x}{x^1 - x^0} + f(x^1) \frac{x - x^0}{x^1 - x^0} - \frac{K_q}{2} (x - x^0)(x^1 - x)$$

proposition 1

$LB_q(x) \geq LB_{LO}(x), \forall x \in [x_0, x_1]$

proof One has $LB_q(x) - LB_{LO}(x) = \frac{K - K_q}{2} (x - x^0)(x^1 - x) \geq 0, \forall x \in [x^0, x^1]$ (i.e. $K \geq K_q$) and the proposition is proved

proposition 2

1. $LB_q(x)$ is convex on $[x^0, x^1]$
2. $LB_q(x)$ coincides with the function $f(x)$ at the endpoints of the interval $[x^0, x^1]$.
3. $LB_q(x)$ is a lower bound function of $f(x)$ on the interval $[x^0, x^1]$.

Proof. 1. $LB''_q(x) = K_q \geq 0, \forall x \in [x^0, x^1]$ then $LB_q(x)$ is convex.

2. By construction of $LB_q(x)$.

3. One has $(f(x) - LB_q(x))'' = f''(x) - K_q = f''(x) - \max\{0, f''(x)\} \leq 0, \forall x \in [x^0, x^1]$ which implies that $(f(x) - LB_q(x))$ is concave on $[x^0, x^1]$, it vanishes at the endpoints of $[x^0, x^1]$ then $f(x) \geq LB_q(x), \forall x \in [x^0, x^1]$.

We now present the new lower bound function on the interval $[x^0, x^1]$,

$$LB(x) = \max\{LB_\alpha(x), LB_q(x)\}$$

proposition 3

1. $LB(x)$ is convex on the interval $[x^0, x^1]$
2. It coincides with the objective function at the endpoints of the interval $[x^0, x^1]$.
3. It is a lower bound function of $f(x)$ on $[x^0, x^1]$ and better than the two lower bounds $LB_\alpha(x)$ and $LB_q(x)$ on $[x^0, x^1]$.

Proof. 1. It is a maximum of convex functions on the interval $[x^0, x^1]$ then it is convex.

2. By construction of $LB(x)$
3. One has $LB_\alpha(x) \leq f(x), \forall x \in [x^0, x^1]$ and $LB_q(x) \leq f(x), \forall x \in [x^0, x^1]$ then $LB(x) = \max\{LB_\alpha(x), LB_q(x)\} \leq f(x), \forall x \in [x^0, x^1]$, moreover it is better than the lower bound functions By construction.

This new lower bound is a non-smooth function. In order to compute its minimum on the interval $[x^0, x^1]$, we solve the problem $\min_{x \in [x^0, x^1]} \max\{LB_\alpha(x), LB_q(x)\}$ which is equivalent to the following convex problem

$$\begin{cases} \min z \\ \text{s.t. } LB_\alpha(x) \leq z \quad LB_q(x) \leq z \\ x \in [x^0, x^1], z \in R \end{cases}$$

3.1 Convex/concave test

At iteration k we compute $K_q^k \geq \max\{0, f''(x)\}$ and $K_\alpha^k \geq \max\{0, -f''(x)\}$ on the interval $[a_k, b_k]$.

1. If $K_\alpha^k = 0$ (i.e. $-f''(x) \leq 0, \forall x \in [a_k, b_k]$) then $f(x)$ is convex on the interval $[a_k, b_k]$, any local search gives a global minimum on this interval.
2. If $K_q^k = 0$ (i.e. $f''(x) \leq 0, \forall x \in [a_k, b_k]$) then $f(x)$ is concave on the interval $[a_k, b_k]$ and its minimum is reached at the endpoints of this interval.

remark 1

The algorithm may stop by the convex/concave test if it is satisfied for all subintervals.

3.2 Pruning method

Let $LB_q^k(x)$ the quadratic lower bound on the interval $[a_k, b_k]$ and UB_k the current upper bound in the Branch and prune algorithm. We solve the quadratic equation $LB_q^k(x) = UB_k$ as shown in [8][9]. We have three cases :

1. There is no solution then the entire interval $[a_k, b_k]$ is fathomed (i.e. $LB_q^k(x) > UB_k$ on $[a_k, b_k]$ then this interval can't contain a global minimum).
2. There is a double solution \tilde{s}^k , if $f(\tilde{x}^k) = UB_k = LB_q^k(\tilde{s}^k)$, the interval is reduced to one point(this solution) and we update the set points which gives the upper bound, and the interval $[a_k, b_k]$ is fathomed(i.e. the minimum of $f(s)$ on $[a_k, b_k]$ is reached at \tilde{s}^k) otherwise the entire interval $[a_k, b_k]$ is fathomed (i.e. $f(x) > UB_k$ on $[a_k, b_k]$)

3. There is two distinct solutions $a_k^{r_1}$ and $b_k^{r_1}$ then the interval $[a_k, b_k]$ is reduced to $[a_k^{r_1}, b_k^{r_1}]$ (i.e. $f(x) \geq LB_q^k(x) > UB_k$ on the two intervals $[a_k, a_k^{r_1}]$ and $]b_k^{r_1}, b_k]$ then these two intervals can't contain a global minimum). We repeat this procedure until $f(a_k^{r_{j_k}}) = f(b_k^{r_{j_k}}) = UB_k$.

remark 2

If the optimal solution is found at iteration k and the stopping rule $UB_k - LB_k < \varepsilon$ is not satisfied, the pruning method allows us to confirm this solution and to stop the algorithm.

We present two simple examples.

example 1

Let f be a function such that $f(x) = -x^3 + x^2, x \in [0, 2]$. We have $f''(x) = -6x + 2$ and $-10 \leq f''(x) \leq 2, K_q = 2, K_\alpha = 10$. The lower bound are given by

$$LB_q(x) = x^2 - 4x, \quad LB_\alpha(x) = -x^3 + 6x^2 - 10x$$

The minimum of $LB_q(x)$ is attained at $x = 2$ and then is the global minimum of the objective function. The minimum of $LB_\alpha(x)$ is attained at the point $x = 2 - \frac{\sqrt{3}}{3}$ which is not the global minimum of the objective function. For this example $LB_q(x)$ is better than $LB_\alpha(x)$.

remark 3

If we take $f(x) = x^3 - x^2, x \in [0, 2]$. We obtain $K_q = 10$ and $K_\alpha = 2$. Consequently $LB_\alpha(x)$ is better than $LB_q(x)$.

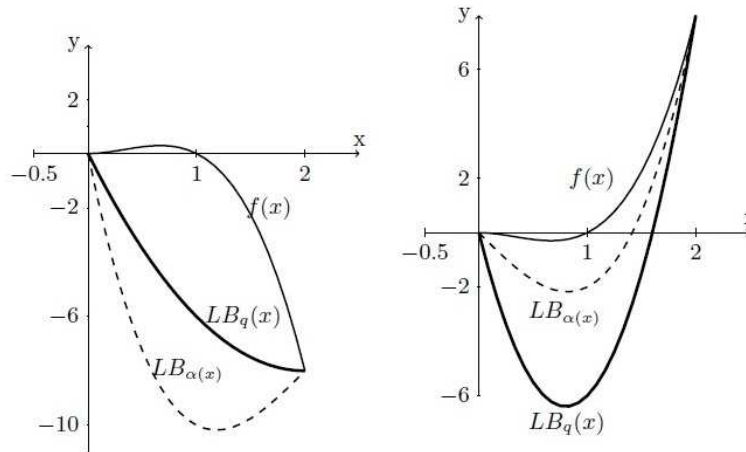


Fig. 1. (left) : $f(x) = -x^3 + x^2$ and its two lower bounds $LB_\alpha(x)$ (dashed) and $LB_q(x)$ (bold). (Right) : $f(x) = x^3 - x^2$ and its two lower bounds $LB_\alpha(x)$ (dashed) and $LB_q(x)$ (bold)

example 2

Let f be the function $f(x) = \sin x + \cos x, x \in [0, 2\pi]$. We have $f''(x) = -\sin x -$

$\cos x$ and $-2 \leq f''(x) \leq 2; K_\alpha = K_q = 2$. The two lower bounds are given by

$$LB_q(x) = 1 - x(2\pi - x), \quad LB_\alpha(x) = \sin x + \cos x - x(2\pi - x).$$

The minimum of $LB_q(x)$ is attained at $x = 3.141592653589794$, and $LB_q(3.141592653589794) = -8.869604401089358$. The minimum of $LB_\alpha(x)$ is attained at the point $x = 3.459948778957892$, and $LB_\alpha(3.459948778957892) = -11.031010734063276$. For this example $LB_q(x)$ is better than $LB_\alpha(x)$.

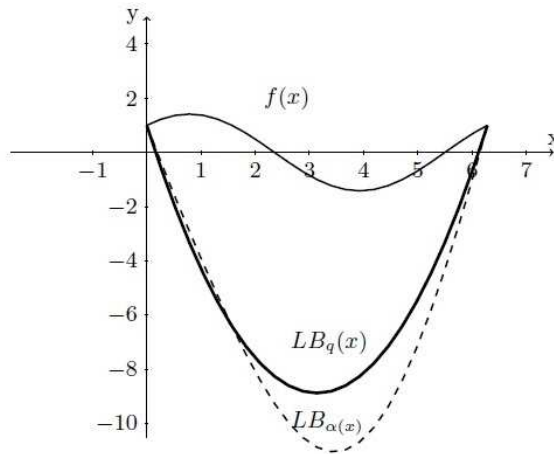


Fig. 2. The function $f(x) = \sin(x) + \cos(x)$ (bold) and its the lower bounds $LB_\alpha(x)$ (dashed) and $LB_q(x)$ (bold)

4 Branch and Bound Algorithm and its convergence

Method based on Branch-and-bound (BB) is one of the most popular deterministic global optimization frameworks. It consists on subdividing the solution space into smaller regions where the upper and lower bounds to the objective function value are computed. According to these bounds, each region is explored or fathomed out of the built Branch and Bound tree. Global solution is then obtained once the current best upper bound (UB) value is close to current best lower bound (LB) value within a specified tolerance ε . In this section, we introduce the algorithm for finding the global solution of problem (P) and we show its convergence.

Algorithm Branch and Bound (BB)
Step 1 : Initialization

- a) Let ε be a given small number and let $[a_0, b_0]$ the initial interval
- b) Compute $K_\alpha^0 = \max\{0, \sup_{x \in [a_0, b_0]}(-f''(x))\}$ and $K_q^0 = \max\{0, \sup_{x \in [a_0, b_0]}f''(x)\}$

- c) Apply Convex/concave test
- d) Apply the pruning test in order to reduce and update the searching interval
- e) Set $k := 0$; $T^0 = [a_0, b_0]$; $M := T^0$
- f) Compute $LB_\alpha^0(x)$ and $LB_q^0(x)$ on T^0 , and solve the convex program to obtain an optimal solution z^0 and s_0^* .

$$\min \left\{ z : LB_\alpha^0(x) \leq z, LB_q^0(x) \leq z, z \in R, x \in T^0 \right\} \quad (1)$$

- g) Set $UB_0 := \min \{f(a_0), f(b_0), f(s_0^*)\} = f(\bar{s}^0)$, $LB_0 = LB(T^0) := z^0$.
- h) **If** $UB_0 - LB_0 \leq \varepsilon$ **then print** \bar{s}^0 as an ε -optimal solution; **EXIT** the algorithm.
else Set $M \leftarrow \{T^0\}$, $k \leftarrow 1$

Step 2 : Iteration

a) Selection step

- Select $T^k = [a_k, b_k] \in M$, the interval such that $LB_k = \min LB(T^k)$

b) Bisection step

- Bisect T^k into two sub-rectangles $T_1^k = [a_k^1, b_k^1]$, $T_2^k = [a_k^2, b_k^2]$ by w-subdivision procedure via s_k^*

c) Computing step

- **For** $i = 1, 2$ **do**
 1. Compute K_α^{ki} and K_q^{ki} on the interval T_i^k
 2. Convex test : if $K_\alpha^{ki} = 0$ then update $LB(T_i^k)$ and $UB(T_i^k)$ and go to **step 5d**
 3. Concave test: if $K_q^{ki} = 0$ then update $LB(T_i^k)$ and $UB(T_i^k)$ and go to **step 5d**
 4. Pruning test : Compute LB_q^{ki} and solve $LB_q^{ki} = UB_k$ to reduce the searching interval $[a_k^i, b_k^i]$
 5. Compute $LB_\alpha^{ki}(x)$. Let z^{ki} and s_{ki}^* be the solution of the convex problem

$$\min \left\{ z : LB_\alpha^{ki}(x) \leq z, LB_q^{ki}(x) \leq z, z \in R, x \in T_i^k \right\} \quad (2)$$

and $LB(T_i^k) = z^{ki}$

6. Set $M \leftarrow M \cup \{T_i^k : UB_k - LB(T_i^k) \geq \varepsilon, i = 1, 2\} \setminus \{T^k\}$

d) Updating step

- Update the lower bound: $LB_k = \min\{LB(T) : T \in M\}$.
- Delete from M all the intervals T such that $LB(T) > UB_k - \varepsilon$.

e) Stopping step

- **If** $M = \emptyset$ **then Output** \bar{s}^k as an optimal solution and exit algorithm
- **else** set $k \leftarrow k + 1$, and return to **Step 2a**).

4.1 Convergence

In the following theorem, we show the convergence of our algorithm.

theorem The sequence $\{\bar{s}^k\}$ generated by the algorithm converges to an optimal solution of the problem (P)

Proof. If the algorithm stops at iteration k which may be obtained by the stopping rule $UB_k - LB_k < \varepsilon$ or the convex/concave test or the pruning method then one obtains an exact or an ε -optimal solution.

Assume now that the algorithm is infinite, then it must generate an infinite sequence $\{T^k\}$ with $T^k = [a_k, b_k]$ of intervals whose lengths decrease to zero, then the whole sequence $\{T^k\}$ shrinks to a singleton. Moreover we must show that $\lim_{k \rightarrow \infty} (UB_k - LB_k) = 0$

Let UB_{LO}^k and LB_{LO}^k the upper and lower bound obtained in [5]. One can show easily that $UB_k - LB_k \leq UB_{LO}^k - LB_{LO}^k$. Indeed, we have

1. $UB_{LO}^k \geq UB_k$, since we add in our algorithm the pruning step and the convex/concave test which improve the upper bound.
2. $LB_{LO}^k \leq LB_k$ by construction of $LB_k(x)$.

Consequently, we have

$$\begin{aligned} 0 &\leq UB_k - LB_k \leq UB_{LO}^k - LB_{LO}^k \\ &= f(\bar{s}^k) - f(a_k) \frac{b_k - s_k^*}{b_k - a_k} - f(b_k) \frac{s_k^* - a_k}{b_k - a_k} + \frac{K}{2} (s_k^* - a_k)(b_k - s_k^*) \end{aligned}$$

Since, we have[[2],[5]]

$$f(\bar{s}^k) - f(a_k) \frac{b_k - s_k^*}{b_k - a_k} - f(b_k) \frac{s_k^* - a_k}{b_k - a_k} \leq \frac{K}{8} (b_k - a_k)^2$$

and

$$\frac{K}{2} (s_k^* - a_k)(b_k - s_k^*) \leq \max_{x \in [a_k, b_k]} \left(\frac{K}{2} (x - a_k)(b_k - x) \right) = \frac{K}{8} (b_k - a_k)^2$$

Hence $(UB_k - LB_k) \rightarrow 0$ when $k \rightarrow \infty$ and the sequence $\{\bar{s}^k\}$ converges to an optimal solution of the problem (P). The theorem is proved.

5 Computational results

We begin by illustrative simple examples :

example 3

Let consider the function $f(x) = \sin x, x \in [0, 2\pi]$. We have $f''(x) = -\sin x; -1 \leq f''(x) \leq 1; K_\alpha = K_q = 1$. The lower bound are $LB_q(x) = -\frac{1}{2}x(2\pi - x); LB_\alpha(x) = \sin x - \frac{1}{2}x(2\pi - x)$. Since $f(0) = f(2\pi) = 0$, there is no pruning step. By solving the convex problem

$$\min z : \sin x - \frac{1}{2}x(2\pi - x) \leq z, -\frac{1}{2}x(2\pi - x) \leq z, z \in R, x \in [0, 2\pi]$$

we obtain, $z^0 = -\frac{1}{2}\pi^2, s_0^* = \pi$ and $LB_0 = z^0, UB_0 = 0$. We bisect $[0, 2\pi]$ by w -subdivision via $s_0^* = \pi$.

Let us consider firstly the interval $[0, \pi]$, we compute $K_\alpha^1 = 1, K_q^1 = 0$. For the Convex/concave test: $K_q^1 = 0 \Rightarrow f$ is concave on $[0, \pi]$ its minimum is attained at 0 and π . In the same way, for the interval $[\pi, 2\pi]$, we compute $K_\alpha^2 = 0$ and $K_q^2 = 1$. By using the Convex/concave test : since $K_\alpha^2 = 0$, then f is convex on the interval $[\pi, 2\pi]$. Its minimum is attained at $\frac{3\pi}{2}$. The algorithm stops at the global minimum $\bar{s}^1 = \frac{3\pi}{2}$ with $f(\frac{3\pi}{2}) = -1$

example 4

We take the same example as in section 3. we have $f(x) = \sin(x) + \cos(x), x \in [0, 2\pi]$. $f''(x) = -\sin(x) - \cos(x); -2 \leq f''(x) \leq 2; K_\alpha = K_q = 2$. The lower bounds are given by

$$LB_q(x) = 1 - x(2\pi - x), \quad LB_\alpha(x) = \sin(x) + \cos(x) - x(2\pi - x).$$

Since $f(0) = f(2\pi) = 0$ then there is no pruning step. By solving the convex problem

$$\min z : \sin(x) + \cos(x) - \frac{1}{2}x(2\pi - x) \leq z, 1 - \frac{1}{2}x(2\pi - x) \leq z, z \in R, x \in [0, 2\pi] \quad ,$$

we obtain $z^0 = 1 - \pi^2, x_0^* = \pi$ and $LB_0 = z^0, UB_0 = -1, \bar{s}^0 = \pi$. Then we bisect $[0, 2\pi]$ by w -subdivision via $s_0^* = \pi$. Let start with the interval $[0, \pi]$, we compute $K_\alpha^{11} = \sqrt{2}$ and $K_q^{11} = 1$. By using the Convex/concave test, there is no discarded intervals. By using the Pruning step, we compute $LB_q^{11}(x) = 1 - \frac{2x}{\pi} - \frac{1}{2}x(\pi - x) = UB_0 = -1$. we find two solutions, $\frac{1}{2}$ and π then the interval $[0, \pi]$ is reduced to the interval $[\frac{1}{2}, \pi]$ (i.e. the part $[0, \frac{1}{2}]$ is discarded). Again, we compute $LB_q^{1r11}(x)$ on the interval $[\frac{1}{2}, \pi]$ and we solve the quadratic equation $LB_q^{1r11}(x) = -1$, this procedure stops when the interval $[\frac{1}{2}, \pi]$ is reduced to one point π then $UB_{11} = LB_{11} = -1$.

Now let consider the second interval $[\pi, 2\pi]$, we compute $K_\alpha^{12} = 0$ then by the convex/concave test, f is convex on the interval $[\pi, 2\pi]$, we apply local search and find its minimum $s_{12}^* = \frac{5\pi}{4}; f(s_{12}^*) = -\sqrt{2} = UB_{12} = LB_{12}$.

We have $UB_1 = LB_1 = -\sqrt{2}$ and the algorithm stops after two iterations with the optimal solution $\bar{s}^1 = \frac{5\pi}{4}$ with $f(\frac{5\pi}{4}) = -\sqrt{2}$.

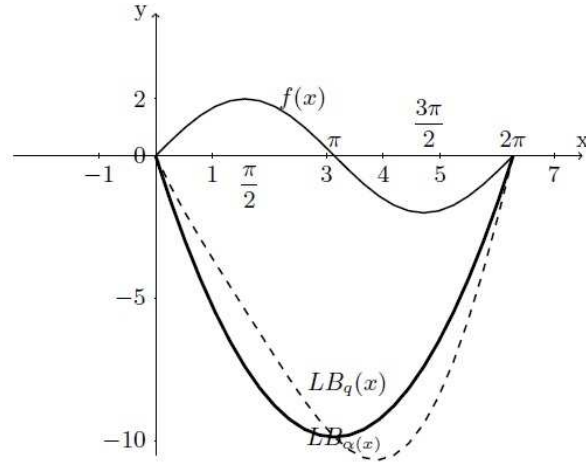


Fig. 3. The function $\sin(x)$ (bold), the lower bound $LB_\alpha(x)$ (dashed) and the lower bound $LB_q(x)$ (bold)

Now we give some test problems and compare our method with the method presented in [5] in terms of the number of iterations. The experimental environment is implemented in MATLAB programs and executed on a DELL Computer with the configuration of Intel Core I3 CPU M370 at 2.40 GHz and 4GB RAM

Table 1. Comparative computational results with the algorithm in [5] with $\varepsilon = 10^{-6}$.

Problem	Function	$[a, b]$	$Nb_{Iteration}$ our algorithm	$Nb_{Iteration}$ of algorithm in [5]	optimal solution
1	$x^6 - 15x^4 + 27x^2 + 250$	$[-4, 4]$	2	17	2.999934
2	$\frac{x^2 - 5x + 6}{x^2 + 1}$	$[-5, 5]$	2	120	2.414197
3	$(3x - 1.4) \sin(18x)$	$[0, 1]$	1	3	0.966086
4	$2(x - 3)^2 + e^{\frac{x-2}{2}}$	$[-3, 3]$	1	13	1.590704
5	$(x + \sin(x))e^{-x^2}$	$[-10, 10]$	7	100	-0.679576
6	$-\sum_{i=1}^{i=5} \sin((i + 1)x + i)$	$[-10, 10]$	20	31	-0.436912
7	$\sin(x) + \sin(\frac{3x}{10}) + \ln(x) - 0.84x$	$[2.5, 7.5]$	2	11	5.846301
8	$\sin(x) + \sin(\frac{2x}{3})$	$[3.1, 20.4]$	7	23	5.455267
					17.039213

remark 4

We see in the above table that the number of iterations in our branch and prune algorithm is less than the number of iterations in the algorithm of [5] for all test functions. The new lower bound function combined with pruning step and the convex/concave test have allowed us to significantly reduce the number of iterations.

Without comparing both lower bounds and by only solving the convex problem in the proposed BB algorithm may result in most cases in a strictly better solution than both lower bounds. Indeed at the point of their intersection it is often greater than their minimum.

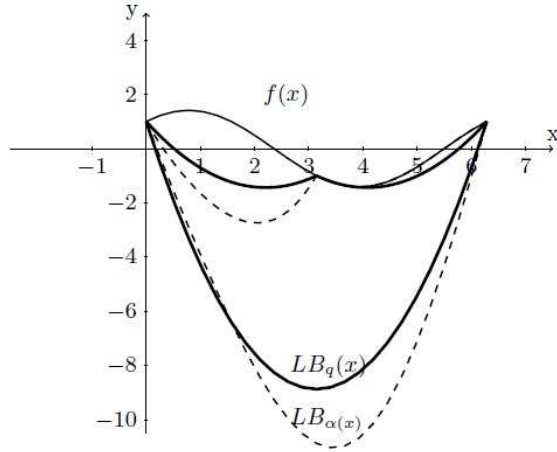


Fig. 4. The function $\sin(x) + \cos(x)$, the lower bound $LB_\alpha(x)$ (dashed) and the lower bound $LB_q(x)$ (bold) on the interval $[0, 2\pi]$. Also the lower bounds $LB_\alpha^1(x)$ and $LB_q^1(x)$, respectively $LB_\alpha^2(x)$ and $LB_q^2(x)$ are given on $[0, \pi]$ respectively $[\pi, 2\pi]$. Note that $LB_\alpha^2(x)$ coincides with f since $K_q^2 = 0$

we have a comparison between our method and the method of section [4] (Floudas), our results are very excellent .

6 Conclusion

In this paper we proposed a branch and prune algorithm for computing all global minimizers of univariate functions subject to bound constraints. The algorithm uses a combination of two lower bounds and utilizes a pruning technique as well as a convex/concave test in order to accelerate the search process. Numerical results show that the proposed method is efficient.

The developed software is based on the algorithm presented in our article . Which, we can consider the procedure **Prunning**, such as an optimization method CSP Type (e.g) and therefore convergence's acceleration .

The software (developed on matlab 2009), was tested on 40 article testing problems[4] . The article [4] was interested Only with the number of iterations (a very important parameter) .In a Next article we will emphasize time parameter CPU execution.

7 prospect

- * We intend to improve the work in R^n
- ** Get algorithm for multi-objective case , in R^n
- *** Find new necessary and sufficient conditions with fuzzy and stochastic parameters in R^n
- *** We intend to improve the work in R^n Discrete Space

References

1. I.P. Androulakis, C.D. Marinas, C.A. Floudas, αBB : A global optimization method for general constrained nonconvex problems J. Glob. Optim. (1995), 7, 337-363.

2. C de Boor, *A practical Guide to Splines Applied Mathematical Sciences*. Springer-Verlag (1978).
3. C. A. Floudas and C. E. Gounaris, *A review of recent advances in global optimization*, J Glob Optim. (2008), DOI 10.1007/s10898-008-9332-8
4. Chrysanthos E. Gounaris Christodoulos A. Floudas. *Tight convex underestimators for C2-continuous problems: I. univariate functions* J Glob Optim (2008) 42:51 - 67 DOI 10.1007/s10898-008-9287-9 Received: 14 December 2006 / Accepted: 6 February 2008 / Published online: 13 March 2008 Springer Science+Business Media, LLC. 2008
5. Le Thi Hoai An and Ouanes Mohand, *Convex quadratic underestimation and Branch and Bound for univariate global optimization with one nonconvex constraint*, RAIRO Oper. Res. (2006) 40: 285-302.
6. D.G. Sotiropoulos and T.N. Grapsa, *Optimal centers in branch-and-prune algorithms for univariate global optimization*, Applied Mathematics and Computation, 169 (2005), pp.247-277.
7. Mohand Ouanes, Hoai An Le Thi, Trong Phuc Nguyen, Ahmed Zidna, *New quadratic lower bound for multivariate functions in global optimization* Mathematics and Computers in Simulation, (2015) 109, 197-211.
8. Le Thi Hoai An, Mohand Ouanes, Ahmed Zidna, *An Adapted Branch and Bound Algorithm for Approximating Real Root of a Ploynomial*. MCO 2008: 182-189
9. Le Thi, H.A., Ouanes, M., Zidna, A. *Computing real zeros of a polynomial by branch and bound and branch and reduce algorithms* Yugoslav Journal of Operations Research (2014)24,53-69.

Utilisation de la méthode de descente globale pour résoudre des problèmes d'optimisation discrète

KETFI-CHERIF Amine et ZIADI abdelkader

Département de Mathématiques, Faculté des Sciences
Université Ferhat Abbas Sétif 1

Résumé Le but de cet article est de donner une version de la méthode de descente globale pour l'optimisation discrète en utilisant notre fonction proposée dans la référence [1]. Les propriétés de la nouvelle fonction sont étudiées pour l'optimisation discrète, afin d'établir un algorithme d'optimisation correspondant. Nous avons effectué des expériences numériques sur cet algorithme; les résultats illustrent l'efficacité de notre approche.

Mots-clés : optimisation discrète; optimisation globale; fonction de descente globale.

1 Introduction

Plusieurs méthodes déterministes et stochastiques ont été développées pour résoudre des problèmes d'optimisation discrète au cours de ces dernières décennies. Bien que chaque méthode a ses propres avantages, elles sont toutes confrontées à des difficultés plus ou moins surmontables. Par exemple, les méthodes de type séparation et évaluation ne réussissent pas généralement à trouver une solution optimale si la fonction objectif n'est pas convexe.

Plusieurs approches stochastiques pour le cas continu sont aussi appliquées à l'optimisation discrète, par exemple, la méthode du Recuit Simulé et les algorithmes génétiques. Malgré qu'il n'y ait aucune garantie que ces méthodes obtiennent une optimalité globale, elles réussissent généralement à trouver des solutions dites quasi-optimales pour une variété de problèmes d'optimisation globale discrète.

Le but de ce papier est de donner une version de la méthode de descente globale pour l'optimisation discrète en utilisant notre fonction proposée dans l'article [1].

2 Préliminaire sur l'optimisation discrète

Dans cette section, nous rappelons quelques notions d'analyse et de l'optimisation discrète. Pour plus de détails, il suffit de voir les références [2, 4].

Definition 1. Une suite $\{x^{(i)}\}_{i=0}^{u+1}$ est appelée chemin discret dans un ensemble \mathbb{X} entre deux points distincts x^* et x^{**} de \mathbb{X} si :

- $x^{(0)} = x^*$, $x^{(u+1)} = x^{**}$ et pour tout $i \in \{0, \dots, u+1\} : x^{(i)} \in \mathbb{X}$.
- $x^{(i)} \neq x^{(j)}$ pour $i \neq j$.
- Pour tout $i \in \{0, \dots, u\} : \|x^{(i+1)} - x^{(i)}\| = 1$,
où $\|\cdot\|$ désigne la norme euclidienne.

Si un tel chemin discret existe, alors on dit que x^* et x^{**} sont connectés dans \mathbb{X} . En outre, on dit que \mathbb{X} est un ensemble connecté si n'importe quels deux points de \mathbb{X} sont connectés.

Soit

$$\mathbb{D} = \{\pm e_i, i = 1, \dots, n\}$$

l'ensemble des directions axiales, où e_i est un vecteur unitaire de dimension n (la i -ème composante est égale à un et les autres sont des zéros).

Definition 2. Pour tout $x \in \mathbb{Z}^n$, un voisinage discret de x est l'ensemble suivant :

$$V(x) = \{x, x \pm d, d \in \mathbb{D}\}.$$

Definition 3. Un point $x \in \mathbb{X}$ est appelé coin (sommet) de \mathbb{X} si pour chaque $d \in \mathbb{D}$, $x + d \in \mathbb{X}$ implique $x - d \notin \mathbb{X}$.

On note par $S_{\mathbb{X}}$ l'ensemble des points coins d'un ensemble \mathbb{X} .

Definition 4. Un point $x^* \in \mathbb{X}$ est appelé minimiseur local discret de f sur \mathbb{X} si : $f(x^*) \leq f(x)$ pour tout $x \in \mathbb{X} \cap V(x^*)$. De plus, si $f(x^*) \leq f(x)$ pour tout $x \in \mathbb{X}$ alors x^* est appelé minimiseur global discret de f sur \mathbb{X} .

3 Quelques propriétés de la fonction de descente globale pour l'optimisation discrète

Dans l'article [1], on a proposé une fonction auxiliaire, dite descente globale, pour résoudre des problèmes généraux d'optimisation continue, définie comme suit :

$$G_{\omega}(x, x^*) = -\varphi(\|x - x^*\|) + \omega \min \{f(x) - f(x^*), \omega \eta(x)\} - \omega^2 \eta(x), \quad (1)$$

avec :

- x^* un minimiseur local de f sur un compact Ω .
- ω un paramètre à ajuster.
- La fonction η est définie comme suit :

$$\eta(x) = \sum_{i=1}^m \min [0, -g_i(x)],$$

où les $g_i, i = 1, \dots, m$, sont des fonctions continues définissent un ensemble de contraintes avec Ω .

- La fonction $\varphi : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$ vérifie les conditions suivantes :
 - φ est continûment différentiable et lipschitzienne de constante L_{φ} .
 - Pour tout $t \in [0, +\infty[$, $\varphi'(t) > 0$.

Dans ce travail, nous utilisons la fonction G_ω pour résoudre le problème d'optimisation globale suivant :

$$(PD) \begin{cases} \text{Glob min } f(x) \\ s.c. \\ x \in \mathbb{X}, \end{cases}$$

où \mathbb{X} est un ensemble connecté fini et f une fonction réelle définie sur chaque point de \mathbb{X} .

Dans ce cas, l'expression de G_ω sera comme suit :

$$G_\omega(x, x^*) = -\varphi(\|x - x^*\|) + \omega \min \{f(x) - f(x^*), 0\}.$$

Dans la suite, nous utilisons les notations suivantes :

- $K_{\mathbb{X}}$ est une constante positive telle que

$$0 < \max_{x', x'' \in \mathbb{X}} \|x' - x''\| \leq K_{\mathbb{X}} < \infty.$$

- τ est une constante telle que

$$0 < \tau \leq \min\{|f(x') - f(x'')| : x', x'' \in \mathbb{X}, f(x') \neq f(x'')\}.$$

- $\kappa = \frac{L_\varphi K_{\mathbb{X}}}{\tau}$.

On fait l'hypothèse suivante :

- **Hypothèse 1** : il existe au moins un minimiseur global strict de (PD) contenu dans $\mathbb{X} \setminus S_{\mathbb{X}}$.

Dans les prochains résultats, nous montrons que G_ω vérifie les conditions de la définition de la fonction de descente globale suivante :

Definition 5. Une fonction $G : \mathbb{X} \rightarrow \mathbb{R}$ est dite fonction de descente globale discrète d'une fonction f en un minimiseur local x^* de f , si elle vérifie les conditions suivantes :

(D1) x^* représente un maximiseur global strict de G sur \mathbb{X} .

(D2) G n'admet aucun minimiseur local sur $\hat{\mathbb{X}}(x^*) \setminus S_{\mathbb{X}}$, où

$$\hat{\mathbb{X}}(x^*) = \{x \in \mathbb{X} : x \neq x^*, f(x) \geq f(x^*)\}.$$

(D3) Soit x' un minimiseur local de G sur \mathbb{X} . S'il existe une direction faisable d^* sur x' tel que $\|x' + d^* - x^*\| > \|x' - x^*\|$, alors x' représente un minimiseur local de f sur \mathbb{X} .

(D4) Si $x^{**} \in \mathbb{X}$ est un minimiseur local strict de f sur \mathbb{X} avec $f(x^{**}) < f(x^*)$, alors x^{**} est un minimiseur local strict de G sur \mathbb{X} .

Lemma 1. *On a les assertions suivantes :*

1. *Pour tous $x^*, x^{**} \in \mathbb{X}$ et $d \in \mathbb{D}$, on a*

$$\|x^{**} - x^*\| \neq \|x^{**} + d - x^*\|.$$

2. *Pour tous $x^*, x^{**} \in \mathbb{X}$, s'il existe $i \in \{1, \dots, n\}$ tel que $x^* \pm e_i \in \mathbb{X}$, alors il existe une direction $d \in \mathbb{D}$ telle que $\|x^{**} + d - x^*\| > \|x^{**} - x^*\|$.*

Lemma 2. *Pour tous $x_1, x_2 \in \mathbb{X}$ vérifiant $f(x_1) \geq f(x^*)$ et $f(x_2) \geq f(x^*)$, on a $\|x_2 - x^*\| > \|x_1 - x^*\|$ si et seulement si $G_\omega(x_2, x^*) < G_\omega(x_1, x^*)$.*

Lemma 3. *Pour tous $x_1, x_2 \in \mathbb{X}$ vérifiant les conditions suivantes :*

1) $f(x_1) \geq f(x^*) > f(x_2)$,

2) $\|x_2 - x^*\| > \|x_1 - x^*\|$,

on a :

$$G_\omega(x_2, x^*) < G_\omega(x_1, x^*).$$

Lemma 4. *Pour tous $x_1, x_2 \in \mathbb{X}$ vérifiant les conditions suivantes :*

1) $f(x^*) \geq f(x_1) > f(x_2)$,

2) $\|x_1 - x^*\| < \|x_2 - x^*\|$,

on a :

$$G_\omega(x_1, x^*) > G_\omega(x_2, x^*).$$

Theorem 1. x^* représente un maximiseur global strict de G_ω sur \mathbb{X} .

Démonstration.

Pour tout $x \in \mathbb{X}$ tel que $x \neq x^*$, on a

$$\begin{aligned} G_\omega(x, x^*) &= -\varphi(\|x - x^*\|) + \omega \min \{f(x) - f(x^*), 0\} \\ &\leq -\varphi(\|x - x^*\|) \\ &< -\varphi(0) \\ &= G_\omega(x^*, x^*). \end{aligned}$$

D'où, x^* représente un maximiseur global strict de G_ω sur \mathbb{X} .

Theorem 2. G_ω n'a pas de minimiseur dans la région $\widehat{\mathbb{X}}(x^*) \setminus S_{\mathbb{X}}$.

Démonstration.

Pour tout $x \in \widehat{\mathbb{X}}(x^*) \setminus S_{\mathbb{X}}$, il existe $i \in \{1, \dots, n\}$ tel que $x \pm e_i \in \mathbb{X}$. D'après Lemme 1, il existe une direction $\bar{d} \in \mathbb{D}$ telle que

$$\|x + \bar{d} - x^*\| > \|x - x^*\|.$$

On considère les deux cas suivants :

1) Si $f(x + \bar{d}) \geq f(x^*)$, alors d'après Lemme 2 on obtient

$$G_\omega(x + \bar{d}, x^*) < G_\omega(x, x^*).$$

2) Si $f(x + \bar{d}) < f(x^*)$, alors d'après Lemme 3 on trouve

$$G_\omega(x + \bar{d}, x^*) < G_\omega(x, x^*).$$

D'où, G_ω n'a pas de minimiseurs dans la région $\widehat{\mathbb{X}}(x^*) \setminus S_{\mathbb{X}}$.

Theorem 3. *Soit x' un minimiseur local de G_ω sur \mathbb{X} . On suppose qu'il existe une direction faisable d^* sur x' telle que $\|x' + d^* - x^*\| > \|x' - x^*\|$, alors il existe une constante $\kappa_1 < \kappa$, telle que si $\omega > \kappa_1$, x' représente un minimiseur local de f sur \mathbb{X} .*

Démonstration.

D'abord, puisque x' est un minimiseur local de G_ω , alors pour toute direction faisable $d \in \mathbb{D}$ sur x' , on a

$$G_\omega(x', x^*) \leq G_\omega(x' + d, x^*).$$

Si on suppose que $f(x') \geq f(x^*)$ alors

$$\begin{aligned} G_\omega(x' + d^*, x^*) &= -\varphi(\|x' + d^* - x^*\|) + \omega \min\{f(x' + d^*) - f(x^*), 0\} \\ &\leq -\varphi(\|x' + d^* - x^*\|) \\ &< -\varphi(\|x' - x^*\|) \\ &= G_\omega(x', x^*). \end{aligned}$$

Il s'agit d'une contradiction et par conséquent $f(x') < f(x^*)$.

Maintenant, si on suppose au contraire qu'il existe une direction $\bar{d} \in \mathbb{D}$ telle que $f(x' + \bar{d}) < f(x')$, alors on a les deux cas suivants :

1) Si $\|x' - x^*\| < \|x' + \bar{d} - x^*\|$, l'utilisation du Lemme 4 nous donne

$$G_\omega(x', x^*) > G_\omega(x' + \bar{d}, x^*).$$

Ce qui contredit le fait que x' est un minimiseur local de G_ω .

2) Si $\|x' - x^*\| \geq \|x' + \bar{d} - x^*\|$, on suppose que

$$\gamma_1 = \min_{d \in \widehat{\mathbb{D}}(x')} \{f(x') - f(x' + d)\} > 0,$$

avec $\widehat{\mathbb{D}}(x') = \{d \in \mathbb{D} : x' + d \in \mathbb{X}, f(x') > f(x' + d)\}$.

Si $\omega > \frac{L_\varphi K_{\mathbb{X}}}{\gamma_1}$, alors

$$\begin{aligned} \omega &> \frac{L_\varphi(\|x' - x^*\| - \|x' + \bar{d} - x^*\|)}{f(x') - f(x' + \bar{d})} \\ &> \frac{\varphi(\|x' - x^*\|) - \varphi(\|x' + \bar{d} - x^*\|)}{f(x') - f(x' + \bar{d})}. \end{aligned}$$

Ce qui implique que

$$\omega\{f(x') - f(x' + \bar{d})\} > \varphi(\|x' - x^*\|) - \varphi(\|x' + \bar{d} - x^*\|).$$

D'où

$$G_\omega(x', x^*) > G_\omega(x' + \bar{d}, x^*).$$

Encore une fois, il s'agit d'une contradiction.

Par conséquent, x' représente un minimiseur local de f si $\omega > \kappa_1 = \frac{L_\varphi K_{\mathbb{X}}}{\gamma_1}$.

Theorem 4. *Soit x^{**} un minimiseur local strict de f sur \mathbb{X} avec $f(x^{**}) < f(x^*)$. Il existe une constante $\kappa_2 < \kappa$ telle que si $\omega > \kappa_2$, x^{**} représente un minimiseur local strict de G_ω sur \mathbb{X} .*

Démonstration.

Soit $\bar{d} \in \mathbb{D}$. D'après Lemme 1, on a

$$\|x^{**} - x^*\| \neq \|x^{**} + \bar{d} - x^*\|.$$

Donc, nous considérons les deux cas suivants :

Premier cas : $\|x^{**} - x^*\| > \|x^{**} + \bar{d} - x^*\|$.

D'une part, si $f(x^{**}) < f(x^{**} + \bar{d}) \leq f(x^*)$, alors par Lemme 4, on obtient

$$G_\omega(x^{**}, x^*) < G_\omega(x^{**} + \bar{d}, x^*).$$

D'autre part, si $f(x^{**}) < f(x^*) \leq f(x^{**} + \bar{d})$, alors, en utilisant Lemme 3, nous obtenons

$$G_\omega(x^{**}, x^*) < G_\omega(x^{**} + \bar{d}, x^*).$$

Deuxième cas : $\|x^{**} - x^*\| < \|x^{**} + \bar{d} - x^*\|$.

Posons

$$\gamma_2 = \min_{d \in \mathbb{D}(x^{**})} \{f(x^{**} + d) - f(x^{**})\} > 0,$$

et

$$\gamma_3 = \min_{\substack{x_1, x_2 \in \mathcal{L}(\mathbb{X}) \\ f(x_1) \neq f(x_2)}} |f(x_1) - f(x_2)|,$$

avec :

- $\widehat{\mathbb{D}}(x^{**}) = \{d \in \mathbb{D} : x^{**} + d \in \mathbb{X}\}$.
- $\mathcal{L}(\mathbb{X})$ l'ensemble des minimiseurs locaux de f sur \mathbb{X} .

Si $f(x^{**}) < f(x^{**} + \bar{d}) \leq f(x^*)$, alors $\omega > \frac{L_\varphi K_{\mathbb{X}}}{\gamma_2}$ implique

$$\omega > \frac{\varphi(\|x^{**} + \bar{d} - x^*\|) - \varphi(\|x^{**} - x^*\|)}{f(x^{**} + \bar{d}) - f(x^{**})}.$$

D'où

$$-\varphi(\|x^{**} + \bar{d} - x^*\|) + \omega\{f(x^{**} + \bar{d}) - f(x^*)\} > -\varphi(\|x^{**} - x^*\|) + \omega\{f(x^{**}) - f(x^*)\}.$$

Ce qui implique que

$$G_\omega(x^{**}, x^*) < G_\omega(x^{**} + \bar{d}, x^*).$$

Si $f(x^{**}) < f(x^*) \leq f(x^{**} + \bar{d})$, alors $\omega > \frac{L_\varphi K_{\mathbb{X}}}{\gamma_3}$ implique que

$$\omega > \frac{\varphi(\|x^{**} + \bar{d} - x^*\|) - \varphi(\|x^{**} - x^*\|)}{f(x^*) - f(x^{**})}.$$

Par conséquent

$$-\varphi(\|x^{**} + \bar{d} - x^*\|) > -\varphi(\|x^{**} - x^*\|) + \omega(f(x^{**}) - f(x^*)).$$

Ce qui donne

$$G_\omega(x^{**}, x^*) < G_\omega(x^{**} + \bar{d}, x^*).$$

Donc x^{**} est un minimiseur local strict de $G_\omega(x, x^*)$ sur \mathbb{X} si $\omega > \kappa_2 = \frac{L_\varphi K_{\mathbb{X}}}{\min\{\gamma_2, \gamma_3\}}$.

4 Description de l'algorithme

En se basant sur les propriétés théoriques de la fonction de descente globale discutée dans la section précédente, une procédure de descente globale peut être donnée comme suit :

Algorithme 1 : L'algorithme de descente globale

Étape 1 Initialisation

- (i) Choisir les composantes suivantes :
 - $\omega_U > 0$ une borne supérieure de ω .
 - ω_0 une valeur initiale du paramètre ω .
 - $\bar{\omega}$ un facteur de croissance.
- (ii) Générer un point initial x_s pour le problème (PD).
- (iii) Poser $k = 1$.

Étape 2

Utiliser une méthode de recherche locale pour trouver un minimiseur local x_k^* de f sur \mathbb{X} en démarrant du point initial x_s .

Étape 3

- Prendre $\omega = \omega_0$.
 Soit $D = \{d_1, \dots, d_{2n}\}$ où $d_i = e_i$ et $d_{n+i} = -e_i$, $i = 1, \dots, n$.
 Poser $i = 1$.
 (a) Appeler une méthode de recherche locale pour résoudre le problème

$$\min_{\mathbb{X}} \text{loc} G_\omega(x, x_k^*)$$

en prenant un point de départ $x_{i,k} = x_k^* + d_i$. Soit $x_{i,k}^*$ le point obtenu.
 Si $i < 2n$, poser $i = i + 1$ et aller à l'étape (3,a). Sinon aller à l'étape suivante.

(b) Poser

$$\bar{x} = \arg \min_i f(x_{i,k}^*).$$

Si $f(\bar{x}) < f(x_k^*)$, prendre $x_s = \bar{x}$, $k = k + 1$ et aller à l'étape 2.
 Sinon, passer à l'étape 4.

Étape 4

Si $\omega \leq \omega_U$, augmenter ω en mettant $\omega = \bar{\omega}\omega$ et aller à l'étape (3,a).
 Sinon, l'algorithme s'arrête.

Quelques remarques sur l'algorithme

- La logique décrite par l'algorithme ci-dessus, se décompose en deux phases principales. La première a pour but de déterminer des minimiseurs locaux de f et la deuxième tente d'atteindre des minimiseurs de la fonction f dans la région

$$\{x \in \mathbb{X} \text{ et } f(x) < f(\bar{x})\},$$

où \bar{x} est le meilleur minimiseur obtenu.

- Dans les applications numériques, on a utilisé une simple version d'une méthode de descente afin de déterminer les minimiseurs locaux, celle-ci est décrite par l'algorithme suivant :

Algorithme 2 : Une procédure de descente pour chercher des minima locaux.

1. Déterminer un point de départ $x_s \in \mathbb{X}$.
2. Évaluer f sur chaque point de $V(x_s)$ et si x_s est minimiseur local, alors arrêter. Sinon, déterminer d^* telle que :

$$f(x_s + d^*) \leq f(x_s + d) \quad \forall d \in \mathbb{D}.$$

3. Poser $x_s = x_s + d^*$, et aller à l'étape 2.
-

- On considère le problème d'optimisation suivant :

$$(PQD) \begin{cases} \min f(x) = \frac{1}{2} \langle x, Ax \rangle + \langle b, x \rangle \\ x_i \in \{1, \dots, m\}, \quad i = 1, \dots, n. \end{cases}$$

où A est une matrice carrée symétrique d'ordre n , $m \in \mathbb{N}^*$ et $b \in \mathbb{R}^n$.

Une condition suffisante d'optimalité globale pour ce problème établie dans [7], est la suivante :

- Si la matrice $\frac{A}{2} - \text{diag}(C_{x^*})$ est semi-définie positive, alors x^* est un minimiseur global du problème (PQD) ,

où $\text{diag}(x_1, \dots, x_n)$ désigne la matrice diagonale dont les éléments diagonaux sont x_1, \dots, x_n , et $C_{x^*} = (C_{x_1^*}, \dots, C_{x_n^*})$ avec

$$C_{x_i^*} = \max \left\{ x_i^*(b + Ax^*), \frac{x_i^*(b + Ax^*)_i}{m} \right\}.$$

On peut utiliser cette condition comme un critère d'arrêt pour l'algorithme de descente globale dans le cas des problèmes de type (PQD) .

5 Exemples illustratifs

Exemple 1 :

On considère le problème (PQD) avec :

$$A = \begin{pmatrix} 3 & 2 & -1 \\ 2 & 2 & 2 \\ -1 & 2 & -1 \end{pmatrix}, \quad b = (1, -5, 1) \quad \text{et} \quad x_i \in \{1, 2, 3\}.$$

En démarrant de trois points différents $(1, 1, 1)$, $(2, 2, 2)$ et $(3, 3, 3)$, la solution obtenue par l'algorithme de descente globale est $x^* = (0, 2, 0)$ en un temps de calcul inférieur à 10^{-6} secondes.

De plus la matrice $\frac{A}{2} - \text{diag}(C_{x_{\text{final}}}) = \begin{pmatrix} 4 & 1 & -0.5 \\ 1 & 1.5 & 1 \\ -0.5 & 1 & 2 \end{pmatrix}$ est semi-définie positive, ce qui signifie que $x^* = (0, 2, 0)$ représente un minimiseur global.

Exemple 2 :

On considère le problème d'optimisation suivant :

$$\begin{cases} \min f(x) = \sum_{i=1}^{n-1} [100(x_{i+1} - x_i)^2 + (1 - x_i)^2], \\ s.c. \\ x \in \mathbb{X} = [-5, +5]^n \cap \mathbb{Z}^n. \end{cases}$$

La fonction objectif est appelée fonction de Rosenbrock [5, 3] et le domaine faisable possède 1.08347×10^{26} points pour $n = 25$. Ce problème a 5 (resp. 6, 7, 8 et 11) minimiseurs locaux pour $n = 2$ (resp. 3, 4, 5 et 6) et un minimiseur global isolé $x^* = (1, \dots, 1)^T$, avec $f(x^*) = 0$.

On a obtenu les résultats suivants :

n	x_0	x_{final}	$f(x_{\text{final}})$	f-eval	G-eval	Temps(sec)
5	(10, ..., 10)	(1, ..., 1)	0	4558	10270	1.8096
10	(5, ..., 5)	(1, ..., 1)	0	45439	84724	82.7273
15	(5, ..., 5)	(1, ..., 1)	0	120082	222882	697.7768
20	(5, -5, ..., -5)	(1, 1, 1, 1)	0	86465	113609	389.6436
25	(5, -5, ..., 5)	(1, 1, 1, 1)	0	213936	311342	2774.8677

6 Comparaisons

Il est connu que la méthode de la fonction Filled est très efficace pour certaines classes de problèmes d'optimisation discrète. Dans la référence [6], une étude comparative complète a été faite entre plusieurs fonctions Filled proposées dans la littérature. Dans cette partie, on propose une comparaison entre nos résultats numériques et ceux présentés dans la référence précédente.

Dans les tableaux de comparaisons suivants, nous utilisons les notations suivantes :

- $R = \frac{\text{f-eval} + \text{G-eval}}{Ne}$, avec Ne est le nombre du points faisables du problème.
- A : L'algorithme proposé dans [4].
- B : L'algorithme proposé dans [8].
- C : L'algorithme proposé dans [3].

Dans le tableau suivant, on résume les résultats numériques pour le problème de Colville[3] en utilisant le point de départ $x_0 = (1, 1, 0, 0)$:

L'algorithme	x_{final}	$f(x_{\text{final}})$	f-eval	G-eval	R
A	(1, 1, 1, 1)	0	2095	10603	0.0653
B	(1, 1, 1, 1)	0	3041	35243	0.1969
C	(1, 1, 1, 1)	0	1426	5097	0.0335
Notre algorithme	(1, 1, 1, 1)	0	1361	3020	0.0225

Dans le tableau suivant, on résume les résultats numériques pour le problème de Colville[3] en utilisant un point de départ $x_0 = (-10, -5, 0, 5)$:

L'algorithme	x_{final}	$f(x_{\text{final}})$	f-eval	G-eval	R
A	(1, 1, 1, 1)	0	2192	7056	0.0476
B	(1, 1, 1, 1)	0	3842	37147	0.2108
C	(1, 1, 1, 1)	0	1567	5135	0.0345
Notre algorithme	(1, 1, 1, 1)	0	1882	4253	0.0315

Dans le tableau suivant, on résume les résultats numériques pour le problème de Colville[3] en utilisant un point de départ $x_0 = (10, -10, 10, 10)$:

L'algorithme	x_{final}	$f(x_{\text{final}})$	f-eval	G-eval	R
A	(1, 1, 1, 1)	0	3940	10603	0.0748
B	(1, 1, 1, 1)	0	4608	39849	0.2286
C	(1, 1, 1, 1)	0	2674	5979	0.0445
Notre algorithme	(1, 1, 1, 1)	0	1869	4590	0.0332

Dans le tableau suivant, on résume les résultats numériques pour la fonction de Rosenbrock[3] pour $n = 25$ en utilisant un point de départ $x_0 = (5, -5, \dots, 5)$:

L'algorithme	x_{final}	$f(x_{\text{final}})$	f-eval	G-eval	R
A	(1, ..., 1)	0	512802	1006018	1.4018×10^{-20}
B	(1, ..., 1)	0	680190	2920682	3.3235×10^{-20}
C	(1, ..., 1)	0	193297	563646	6.9863×10^{-21}
Notre algorithme	(1, ..., 1)	0	213936	311342	4.8481×10^{-21}

7 Conclusion

Dans ce travail, on a donné une version de la méthode de descente globale pour l'optimisation discrète en utilisant la nouvelle fonction proposée dans la référence [1]. Contrairement aux méthodes classiques, notre approche ne nécessite pas une hypothèse de régularité sur la fonction objectif et elle dépend seulement d'un paramètre simple à ajuster.

Références

- [1] A. Ketfi-cherif and A. Ziadi. Global descent method for constrained continuous global optimization. *Applied Mathematics and Computation*, 244 :209–221, 2014.
- [2] D. Li and X. Sun. *Nonlinear integer programming*, volume 84. Springer Science & Business Media, 2006.
- [3] C-K. Ng, D. Li, and L-S. Zhang. Discrete global descent method for discrete global optimization and nonlinear integer programming. *Journal of Global Optimization*, 37(3) :357–379, 2007.
- [4] C-K. Ng, L-S. Zhang, D. Li, and W-W. Tian. Discrete filled function method for discrete global optimization. *Computational Optimization and Applications*, 31(1) :87–115, 2005.
- [5] K. Schittkowski. *More test examples for nonlinear programming codes*, volume 282. Springer Science & Business Media, 1987.
- [6] S.F. Woon and V. Rehbock. A critical review of discrete filled function methods in solving nonlinear discrete optimization problems. *Applied Mathematics and Computation*, 217(1) :25–41, 2010.
- [7] Z.Y. Wu, G.Q. Li, and J. Quan. Global optimality conditions and optimization methods for quadratic integer programming problems. *Journal of Global Optimization*, 51(3) :549–568, 2011.
- [8] Y. Yongjian and L. Yumei. A new discrete filled function algorithm for discrete global optimization. *Journal of Computational and Applied Mathematics*, 202(2) :280–291, 2007.

Subefficient Solutions in Multiobjective Linear Programming with Bounded Variables

Mohand Ouamer BIBI¹ and Taous MERNACHE^{1,2}

¹Research Unit LaMOS, University of Bejaia, 06000, Algeria

²Department of Technical Sciences, Ferhat Abbas University, Setif-1, 19000, Algeria.

E-mail:mobibi.dz@gmail.com

E-mail:mernache_t@yahoo.fr

Abstract. We consider a multiobjective linear programming problem on a polyhedron, where the decision variables are limited between the lower and the upper bounds. First, we give some properties of the polyhedral cone of the optimal weights, and we define the concept of ϵ -efficient solutions, for which a characterization theorem is formulated. Then a new algorithm is suggested, which allows to find an ϵ -efficient solution, by combining the Benson procedure and the adaptive method. This algorithm is illustrated by a numerical example.

Keywords: Multiobjective Linear Programming, Subefficient solutions, Benson procedure, Adaptive Method.

1 Introduction

At present, the most practical problems of operations research have several criteria which must be optimized simultaneously. In the monocriteria problems, the optimum is clearly defined. It is not the case for multicriteria problems, because of the conflicting situations and the contradictories existing between the objectives to be reached. In order to get a good compromise, it is necessary to define dominance relations between the different criteria. Among all dominance relations, in this paper we use the optimality of Pareto which gives the so-called efficient solutions. In the literature, different notions have been used to define the concept of ϵ -efficiency in multiobjective programming [8, 12, 14, 13, 16]. Here, we develop a constructive approach to characterize and find an ϵ -efficient solution in the multicriteria linear problem. Following the ϵ -optimality concept used in the linear programming [5, 7, 11] and the Dimkov results [3] obtained for the case where the variables in the feasible set are only limited by the lower bounds ($x \geq 0$), we expand these results to the variables with lower and upper bounds.

Thus, let us consider a Multi-Objective Linear Programming Problem (M.O.L.P) with bounded variables, which is written in the following standard form:

$$\begin{aligned}
 Cx = Z = (z_1, z_2, \dots, z_p)^T &\longrightarrow \max, & (1a) \\
 Ax = b, & & (1b) \\
 d^- \leq x \leq d^+, & & (1c)
 \end{aligned}
 \tag{1}$$

where A is an $(m \times n)$ -matrix, with $\text{rank}A = m < n$; b is an m -vector; x, d^-, d^+ are n -vectors; C is an $(p \times n)$ -matrix whose the rows are n -vectors $C_k^T, k = \overline{1, p}$, and the symbol (\cdot^T) represents the transposition operation. We define the following sets of indices:

$$I = \{1, 2, \dots, m\}, J = \{1, 2, \dots, n\}, K = \{1, 2, \dots, p\}.$$

Let J_B be a subset of J such that $J = J_B \cup J_N, J_B \cap J_N = \emptyset$, and $|J_B| = |I| = m$. In virtue of the partition of J , we can partition vectors and matrices as follows:

$$\begin{aligned}
 x = \begin{pmatrix} x_B \\ x_N \end{pmatrix}, \quad x_B = (x_j, j \in J_B), \quad x_N = (x_j, j \in J_N); \\
 A = A(I, J) = (A_B | A_N), \quad A_B = A(I, J_B), \quad A_N = A(I, J_N);
 \end{aligned}$$

$$C = C(K, J) = (C_B | C_N), \quad C_B = C(K, J_B), \quad C_N = C(K, J_N).$$

We give the following definitions:

- A vector x , verifying the constraints (1b) and (1c) is called a *feasible solution* of the problem (1). So the feasible solutions set is given by:

$$X = \{x \in \mathbb{R}^n / Ax = b, \quad d^- \leq x \leq d^+\}.$$

- The subset J_B is called a *support* if: $\det(A_B) = \det A(I, J_B) \neq 0$.
- The couple $\{x, J_B\}$ formed from the feasible solution x and the support J_B is called a *support feasible solution (SFS)*.
- The support feasible solution $\{x, J_B\}$ is *nondegenerate* if :

$$d_j^- < x_j < d_j^+, \quad \forall j \in J_B.$$

- The $(p \times n)$ matrix $E = C_B A_B^{-1} A - C$ is called *the reduced cost matrix*, where E is represented by its column vectors E_j :
 $E = E(K, J) = (E_j, j \in J) = (E_B | E_N), \quad E_B = E(K, J_B), \quad E_N = E(K, J_N).$

In this paper, we deal only with the nondegenerate problems, i.e, all the basic feasible solutions of X are supposed nondegenerate. We recall that a *basic feasible solution* $\{x, J_B\}$ is such that :

$$x_j = d_j^- \vee d_j^+, \quad j \in J_N.$$

Remark 1. The support feasible solution (SFS) is a more general concept than one of the basic feasible solution (BFS). A support feasible solution can be an interior point, a boundary point or an extreme point of X , while a basic feasible solution is always an extreme point.

This paper is organized as follows: in section 2, we give some definitions and properties of the efficient solutions. The concept of ϵ -efficient solutions will be defined in the section 3, for which a characterization theorem is formulated. In section 4 we present a new algorithm to find an efficient or ϵ -efficient solution. In the last, we give a numerical example and finish by a conclusion.

2 Efficient solutions and their properties

Definition 1. [4] A point $x^0 \in X$ is an efficient solution of the problem (1) if there is no point $x \in X$ such that $Cx \geq Cx^0$, and $Cx \neq Cx^0$.

An efficient solution x^0 is also called an optimal solution of Pareto for the problem (1).

Let X^E be the efficient solutions set of the problem (1) and X_B^E the set of its basic efficient solutions. Then we recall the following classical theorem :

Theorem 1. [9] A feasible solution x^0 is efficient if and only if:

$$\exists \lambda \in \mathbb{R}^p, \quad \lambda > 0 : \quad \lambda^T Cx^0 = \max_{x \in X} \lambda^T Cx.$$

Let $\lambda > 0$ be a p -vector and $\{x^0, J_B\}$ a basic optimal solution of the following monocriteria problem (P_λ) :

$$(P_\lambda) \quad \begin{cases} c^\lambda x \longrightarrow \max, \\ x \in X = \{x \in \mathbb{R}^n, Ax = b, \quad d^- \leq x \leq d^+\}, \end{cases} \quad (2)$$

where $c^\lambda = \lambda^T C$. Since $\{x^0, J_B\}$ is supposed nondegenerate, so the following relations of optimality are satisfied [11]:

$$\begin{cases} E_j^\lambda = \lambda^T E_j \geq 0, & \text{if } x_j^0 = d_j^-, \\ E_j^\lambda = \lambda^T E_j \leq 0, & \text{if } x_j^0 = d_j^+, \end{cases} \quad j \in J_N. \quad (3)$$

Thus we set :

$$J_N^+ = \{j \in J_N : x_j^0 = d_j^-\}, \quad J_N^- = \{j \in J_N : x_j^0 = d_j^+\}, \quad J_N^+ \cup J_N^- = J_N,$$

$$E_N = E(K, J_N) = (E_N^+, E_N^-); \quad E_N^+ = E(K, J_N^+), \quad E_N^- = E(K, J_N^-).$$

So we have the following inequalities: $\lambda^T E_N^+ \geq 0$ and $\lambda^T E_N^- \leq 0$.

Now, let $\{x^0, J_B\}$ be a basic efficient solution of the problem (1) and define the set of weights $\Lambda(x^0)$:

$$\Lambda(x^0) = \{\lambda \in \mathbb{R}^p : \lambda > 0, \quad \lambda^T (E_N^+, -E_N^-) \geq 0\}. \quad (4)$$

We mention some properties of the set $\Lambda(x^0)$ which represents a convex polyhedral cone.

Proposition 1. Let $\{x^0, J_B\}$ be a basic efficient solution and $\lambda \in \mathbb{R}^p$, $\lambda > 0$. So we have the following equivalence:

$$\lambda \in \Lambda(x^0) \iff \lambda^T Cx^0 = \max_{x \in X} \lambda^T Cx. \quad (5)$$

Proof. Necessary condition. If $\lambda \in \Lambda(x^0)$, then we have

$$\begin{cases} \lambda^T E_N^+ \geq 0 & \iff \lambda^T E_j \geq 0, & x_j^0 = d_j^-, & j \in J_N^+; \\ \lambda^T E_N^- \leq 0 & \iff \lambda^T E_j \leq 0, & x_j^0 = d_j^+, & j \in J_N^-. \end{cases} \quad (6)$$

Since the relations (3) are also sufficient for the optimality, so we deduce from (6) that $\{x^0, J_B\}$ is a basic optimal solution of the problem (P_λ) and

$$\lambda^T C x^0 = \max_{x \in X} \lambda^T C x.$$

Sufficient Condition. Conversely, let $\lambda > 0$ be a p -vector such that:

$$\lambda^T C x^0 = \max_{x \in X} \lambda^T C x.$$

So $\{x^0, J_B\}$ is a basic optimal feasible solution of the problem (P_λ) . Thus the optimality relations (3) are satisfied:

$$\lambda^T E_N^+ \geq 0 \quad \text{and} \quad \lambda^T E_N^- \leq 0, \quad \text{i.e., } \lambda \in \Lambda(x^0). \quad \square$$

In virtue of the equivalence (5), the cone $\Lambda(x^0)$ is called the optimal weights cone of the basic efficient solution x^0 .

Before claiming the second property, we give the following definitions and lemma:

Definition 2. We say that X^E is externally stable if:

$$\forall x \in X, \quad \exists x^0 \in X^E : \quad C_k^T x \leq C_k^T x^0, \quad \forall k = \overline{1, p}.$$

Lemma 1. [6] If $X \neq \emptyset$ is compact and the objective function $f : X \rightarrow \mathbb{R}^p$ is continuous, then X^E is not empty and externally stable.

Proposition 2. In the case where $\text{rank } C = n$, for a basic efficient solution x^0 , the necessary and sufficient condition to be unique is that $\Lambda(x^0) = \mathbb{R}_+^p$, where \mathbb{R}_+^p is the positive orthant of \mathbb{R}^p .

Proof. Necessary Condition. We suppose that x^0 is a unique basic efficient solution; it is easy to see that the conditions of lemma 1 are satisfied for our problem. So $\forall x \in X, C_k^T x \leq C_k^T x^0, k = \overline{1, p}$. Then $\lambda^T C x^0 = \max_{x \in X} \lambda^T C x, \forall \lambda \in \mathbb{R}_+^p$. From the proposition 1, we deduce that $\lambda \in \Lambda(x^0)$. So we get $\mathbb{R}_+^p \subset \Lambda(x^0)$. Since the opposite inclusion is evident, then $\Lambda(x^0) = \mathbb{R}_+^p$.

Sufficient Condition. Let $\mathbb{R}_+^p = \Lambda(x^0)$ and $\text{rank } C = n$. In $\Lambda(x^0)$, we consider the sequence of vectors: $\{\lambda_n^k\} = \{(\frac{1}{n}, \dots, \frac{1}{n}, 1, \frac{1}{n}, \dots, \frac{1}{n})\}, k = \overline{1, p}$, where the k^{th} component is equal to 1. When n tends to the infinity, we get $\{\lambda_n^k\} \rightarrow (0, \dots, 0, 1, 0, \dots, 0), 1 \leq k \leq p$. From the proposition 1, we have : $(\lambda_n^k)^T C x^0 = \max_{x \in X} (\lambda_n^k)^T C x, k = \overline{1, p}$. The passage to the limit in these equalities yields:

$$C_k^T x^0 = \max_{x \in X} C_k^T x, \quad k = \overline{1, p}. \quad (7)$$

If $\bar{x} \in X$ was another efficient solution, in virtue of (7) it would satisfy the relations: $C_k^T x^0 \geq C_k^T \bar{x}, k = \overline{1, p}$. We suppose that there exists an index $k_1 \in K$, with $C_{k_1}^T \bar{x} < C_{k_1}^T x^0$. So the point x^0 is such that $Cx^0 \geq C\bar{x}$, $Cx^0 \neq C\bar{x}$. This contradicts the fact that \bar{x} is an efficient solution. So

$$Cx^0 = C\bar{x} \Rightarrow C(\bar{x} - x^0) = 0.$$

Since $\text{rank } C = n$, then the column-vectors of C are linearly independent and $\bar{x} = x^0$. \square

Proposition 3. Let $X_B^E = \{x^1, x^2, \dots, x^r\}$ be the set of all basic efficient solutions of the problem (1). So

$$\bigcup_{i=1}^r A(x^i) = \mathbb{R}_+^p,$$

where $A(x^i)$ is the optimal weights cone of the basic feasible solution x^i .

Proof. The inclusion $\bigcup_{i=1}^r A(x^i) \subset \mathbb{R}_+^p$ is evident, so we prove the converse inclusion: let $\hat{\lambda} \in \mathbb{R}_+^p$ and we consider the following problem ($P_{\hat{\lambda}}$):

$$(\hat{\lambda})^T Cx \longrightarrow \max, \quad x \in X.$$

As X is a nonempty compact set, so this problem is feasible and it possesses at least one optimal basic feasible solution \hat{x} . From the theorem 1, we deduce that $\hat{x} \in X_B^E$. In virtue of the proposition 1, we have $\hat{\lambda} \in A(\hat{x})$ and

$$\mathbb{R}_+^p \subset \bigcup_{i=1}^r A(x^i). \quad \square$$

3 ϵ - Efficient Solutions of the M O L P problem

Definition 3. A feasible solution x^ϵ is said to be ϵ -efficient (or subefficient) for the problem (1), if there exists an efficient point x^0 such that :

$$C_k^T x^0 - C_k^T x^\epsilon \leq \epsilon, \quad \forall k \in K,$$

where $\epsilon \geq 0$. The set of ϵ - efficient solutions is denoted by X_ϵ^E .

The following properties are the direct results of the definition of ϵ - efficient solutions:

1. $X^E \subset X_\epsilon^E, \forall \epsilon > 0$, and $X_\epsilon^E = X^E$ for $\epsilon = 0$.
2. If $\epsilon_1 > \epsilon_2 > 0$, then $X_{\epsilon_2}^E \subset X_{\epsilon_1}^E$.

Lemma 2. *A feasible solution $x^\epsilon \in X$ is ϵ -efficient for the problem (1) if and only if there exists an efficient point $x^0 \in X$ such that for all vectors $\lambda \in \mathbb{R}_+^k$, $\sum_{i=1}^k \lambda_i = 1$, satisfying the condition $\lambda^T C x^0 = \max_{x \in X} \lambda^T C x$, the following inequality holds:*

$$\lambda^T (C x^0 - C x^\epsilon) \leq \epsilon. \quad (8)$$

Proof. Necessary Condition. Let x^ϵ be ϵ -efficient in X . So there exists some efficient solution $x^0 \in X$ such that: $C_k^T x^0 - C_k^T x^\epsilon \leq \epsilon$, $k \in K$. In virtue of the theorem 1, there exists $\lambda > 0$, $\sum_{k=1}^p \lambda_k = 1$ such that $\lambda^T C x^0 = \max_{x \in X} \lambda^T C x$. So we have $\lambda_k (C_k^T x^0 - C_k^T x^\epsilon) \leq \lambda_k \epsilon$, $\forall k \in K$. Consequently, we get

$$\sum_{k=1}^p \lambda_k (C_k^T x^0 - C_k^T x^\epsilon) \leq \sum_{k=1}^p \lambda_k \epsilon \implies \lambda^T (C x^0 - C x^\epsilon) \leq \epsilon.$$

Sufficient Condition. We suppose that for some efficient solution x^0 , one vector $\lambda \in \mathbb{R}_+^p$, $\sum_{k=1}^p \lambda_k = 1$, satisfying the condition $\lambda^T C x^0 = \max_{x \in X} \lambda^T C x$, and some point $x^\epsilon \in X$, the inequality (8) holds. Set

$$X^0 = \{\tilde{x} \in X : \lambda^T C \tilde{x} = \max_{x \in X} \lambda^T C x\}.$$

From the theorem 1, every point \tilde{x} in X^0 is an efficient point. Then we consider the problem:

$$\tilde{\epsilon} \longrightarrow \max, \quad C_k^T \tilde{x} = C_k^T x^\epsilon + \tilde{\epsilon}, \quad \tilde{x} \in X^0, \quad k \in K. \quad (9)$$

Let $(\hat{x}, \hat{\epsilon})$ be an optimal solution of the problem (9). Since $\hat{x} \in X^0$, so \hat{x} is an efficient solution. We show that $\hat{\epsilon} \leq \epsilon$. If we suppose the opposite, we would get:

$$C_k^T \hat{x} = C_k^T x^\epsilon + \hat{\epsilon} > C_k^T x^\epsilon + \epsilon, \quad k \in K.$$

So

$$\lambda_k C_k^T \hat{x} > \lambda_k C_k^T x^\epsilon + \lambda_k \epsilon, \quad k \in K \implies \lambda^T C \hat{x} > \lambda^T C x^\epsilon + \epsilon.$$

Since x^0 and \hat{x} are in X^0 , so $\lambda^T C \hat{x} = \lambda^T C x^0$ and we obtain:

$$\lambda^T C x^0 > \lambda^T C x^\epsilon + \epsilon.$$

This last inequality contradicts the lemma hypothesis (8). So $\hat{\epsilon} \leq \epsilon$ and there exists one efficient point $\hat{x} \in X$ such that $C_k \hat{x} \leq C_k x^\epsilon + \epsilon$, $k \in K$. Consequently x^ϵ is an ϵ -efficient point. \square

Theorem 2. (Characterization of a subefficient solution)

The feasible solution $x^\epsilon \in X$ is an ϵ -efficient point if and only if there exists a support J_B and a vector $\lambda \in \mathbb{R}^k$, $\lambda > 0$, $\sum_{i=1}^k \lambda_i = 1$, such that:

$$\beta^\lambda(x^\epsilon, J_B) = \sum_{E_j^\lambda > 0, j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^\epsilon - d_j^-) + \sum_{E_j^\lambda < 0, j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^\epsilon - d_j^+) \leq \epsilon, \quad (10)$$

where $E^\lambda = u^T A - \lambda^T C = (E_j^\lambda, j \in J)$, u is the m -vector which satisfies the equation $u^T A_B - \lambda^T C_B = 0$, i.e., $u^T = c_B^\lambda A_B^{-1}$.

Proof. Necessary Condition. Let x^ϵ be an ϵ -efficient point in X , so there exists an efficient point $x^0 \in X^E$ such that : $C_k^T x^0 - C_k^T x^\epsilon \leq \epsilon$, $k \in K$. In virtue of the theorem 1, there exists $\lambda > 0$, $\sum_{i=1}^k \lambda_i = 1$, such that: $\lambda^T C x^0 = \max_{x \in X} \lambda^T C x$. So we have $\lambda_k (C_k^T x^0 - C_k^T x^\epsilon) \leq \lambda_k \epsilon$, $k \in K$, that yields after summation:

$$\lambda^T C x^0 - \lambda^T C x^\epsilon \leq \epsilon \implies c^\lambda x^0 - c^\lambda x^\epsilon \leq \epsilon.$$

Consequently, the point x^ϵ is an ϵ -optimal solution of the monocriteria problem (P_λ) :

$$c^\lambda x \longrightarrow \max, \quad Ax = b, \quad d^- \leq x \leq d^+.$$

According to [5], there is a support J_B such that the suboptimality estimate $\beta^\lambda(x^\epsilon, J_B)$ of the support feasible solution $\{x^\epsilon, J_B\}$ is less than or equal to ϵ , i.e.,

$$\beta^\lambda(x^\epsilon, J_B) = \sum_{E_j^\lambda > 0, j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^\epsilon - d_j^-) + \sum_{E_j^\lambda < 0, j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^\epsilon - d_j^+) \leq \epsilon.$$

Sufficient Condition. We suppose that for some $\lambda \in \mathbb{R}^p, \lambda > 0$, $\sum_{k=1}^p \lambda_k = 1$, and for some support feasible solution $\{x^\epsilon, J_B\}$, the condition (10) of the theorem is satisfied. We consider the monocriteria problem (2) and let x^0 be its optimal solution. According to the theorem 1, it is an efficient solution of the problem (1). So we develop the expression:

$$c^\lambda (x^0 - x^\epsilon) = c^\lambda \Delta x = c_B^\lambda \Delta x_B + c_N^\lambda \Delta x_N.$$

Since x^0 and $x^\epsilon \in X$, so we get $A \Delta x = 0$ and $\Delta x_B = -A_B^{-1} A_N \Delta x_N$. We replace and we obtain

$$c^\lambda (x^0 - x^\epsilon) = (-c_B^\lambda A_B^{-1} A_N + c_N^\lambda) \Delta x_N = -E_N^\lambda (x_N^0 - x_N^\epsilon).$$

So

$$\lambda^T (C x^0 - C x^\epsilon) = c^\lambda (x^0 - x^\epsilon) = \sum_{j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^\epsilon - x_j^0).$$

Since $d^- \leq x^0 \leq d^+$, we get:

$$\begin{cases} E_j^\lambda (x_j^\epsilon - x_j^0) \leq E_j^\lambda (x_j^\epsilon - d_j^-), & \text{if } E_j^\lambda > 0, \\ E_j^\lambda (x_j^\epsilon - x_j^0) \leq E_j^\lambda (x_j^\epsilon - d_j^+), & \text{if } E_j^\lambda < 0. \end{cases}$$

Consequently we have

$$\lambda^T (C x^0 - C x^\epsilon) \leq \sum_{E_j^\lambda > 0, j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^\epsilon - d_j^-) + \sum_{E_j^\lambda < 0, j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^\epsilon - d_j^+) \leq \epsilon.$$

According to the lemma 2, we deduce that x^ϵ is an ϵ -efficient solution of the problem (1). \square

4 Searching an Efficient or an ϵ -Efficient Solution

From the theorem 2, in the searching method of an efficient solution we can include one procedure which allows to stop the process when an ϵ -efficient solution is obtained. Our algorithm is inspired from the procedure in [1] to find the parameter λ and uses the adaptive method to solve the monocriteria linear programming problem [5]. One iteration of this algorithm is summarized in the following steps:

Step (1) Find one support feasible solution $\{x^0, J_B\}$ of the problem (1), with the procedure of the first phase.

- If it exists, go to **the step (2)**
- Otherwise, stop, the problem is unfeasible.

Step (2) Find an optimal solution $(u^0, w^0, \gamma^0, \alpha^0)$ of the following linear program, using a simplex method of matlab.

$$\begin{cases} u^T(-Cx^0 + Cd^-) + w^T(b - Ad^-) + \gamma^T(d^+ - d^-) \longrightarrow \min, \\ u^T C - w^T A - \gamma^T + \alpha^T = -e^T C, \\ u \geq 0, \quad \alpha \geq 0, \quad e^T = (1, 1, \dots, 1) \in \mathbb{R}^p. \end{cases}$$

Step (3) Find the vector $\lambda = (u^0 + e)$ and go to **step (4)**.

Step (4) Solve the following linear monocriteria problem using the adaptiv methode:

$$\begin{cases} \lambda^T Cx \longrightarrow \max, \\ Ax = b, \\ d^- \leq x \leq d^+, \end{cases}$$

starting from the initial support feasible solution $\{x^0, J_B\}$ and choosing $\epsilon \geq 0$.

4.1 Compute the reduced cost vector: $E_N^\lambda = c_B^\lambda A_B^{-1} A_N - c_N^\lambda$.

4.2 Compute the subefficiency estimate

$$\beta^\lambda(x^0, J_B) = \sum_{E_j^\lambda > 0, j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^0 - d_j^-) + \sum_{E_j^\lambda < 0, j \in J_N} E_j^\lambda (x_j^0 - d_j^+).$$

- If $\beta^\lambda(x^0, J_B) = 0$, then the resolution process stops with $\{x^0, J_B\}$ as a support feasible efficient solution.
- If $\beta^\lambda(x^0, J_B) \leq \epsilon$, then the resolution process stops with $\{x^0, J_B\}$ as a support feasible ϵ -efficient solution.
- If $\beta^\lambda(x^0, J_B) > \epsilon$, go to (4.3).

4.3 Changing the feasible solution:

- Calculate the direction of improvement l :

$$\begin{cases} l_j = d_j^- - x_j^0, & \text{if } E_j^\lambda > 0, \\ l_j = d_j^+ - x_j^0, & \text{if } E_j^\lambda < 0, \\ l_j = 0, & \text{if } E_j^\lambda = 0, \quad j \in J_N, \\ l_B = -A_B^{-1} A_N l_N. \end{cases} \quad (11)$$

- Calculate the step $\theta^0 = \min\{1, \theta_{j_1}\}$, with $\theta_{j_1} = \min_{j \in J_B} \theta_j$ and

$$\theta_j = \begin{cases} \frac{d_j^+ - x_j^0}{l_j}, & \text{if } l_j > 0, \\ \frac{d_j^- - x_j^0}{l_j}, & \text{if } l_j < 0, \\ \infty, & \text{if } l_j = 0, \quad j \in J_B. \end{cases}$$

- When calculating $\bar{x} = x^0 + \theta^0 l$, two cases can occur:
 1. If $\theta^0 = 1$, the process stops and the support feasible solution $\{\bar{x}, J_B\}$ is efficient.
 2. If $\theta^0 < 1$, calculate the subefficiency estimate corresponding to the support feasible solution $\{\bar{x}, J_B\}$: $\beta^\lambda(\bar{x}, J_B) = (1 - \theta^0)\beta^\lambda(x, J_B)$.
- If $\beta^\lambda(\bar{x}, J_B) \leq \epsilon$, then the resolution process stops with $\{\bar{x}, J_B\}$ as a support feasible ϵ -efficient solution.
- If $\beta^\lambda(\bar{x}, J_B) > \epsilon$, go to (4.4).

4.4 Changing the support:

- Calculate the pseudosolution : $\kappa = x^0 + l$.
- Calculate $\alpha_0 = \kappa_{j_1} - \bar{x}_{j_1}$.
- Calculate the dual direction $t \in \mathbb{R}^n$:

$$\begin{cases} t_{j_1} = -\text{sign } \alpha_0, & t_j = 0, \quad j \neq j_1, \quad j \in J_B, \\ t_N^T = t_B^T A_B^{-1} A_N. \end{cases}$$

- Calculate $\sigma^0 = \sigma_{j_0} = \min_{j \in J_N} \sigma_j$, where

$$\sigma_j = \begin{cases} \frac{-E_j^\lambda}{t_j}, & \text{if } E_j^\lambda t_j < 0, \\ 0, & \text{if } E_j^\lambda = 0, \quad t_j < 0, \\ \infty, & \text{else.} \end{cases}$$

- Put $\bar{J}_B = (J_B \setminus j_1) \cup j_0$.

4.5 Compute the subefficiency estimate corresponding to the support feasible solution $\{\bar{x}, \bar{J}_B\}$: $\beta^\lambda(\bar{x}, \bar{J}_B) = \beta^\lambda(\bar{x}, J_B) - \sigma^0 \mid \alpha_0 \mid$.

- If $\beta^\lambda(\bar{x}, \bar{J}_B) = 0$, then the resolution process stops with $\{\bar{x}, \bar{J}_B\}$ as a support feasible efficient solution.
- If $\beta^\lambda(\bar{x}, \bar{J}_B) \leq \epsilon$, then the resolution process stops with $\{\bar{x}, \bar{J}_B\}$ as a support feasible ϵ -efficient solution.
- If $\beta^\lambda(\bar{x}, \bar{J}_B) > \epsilon$, we put $J_B = \bar{J}_B$, $x^0 = \bar{x}$ and we go to the point (4.3) of the **step (4)**.

Remark 2. The number $\epsilon \geq 0$ is fixed and chosen arbitrary. It indicates only the accuracy of the objective function value.

5 Numerical Example and Conclusion

For the illustration of the proposed algorithm, we solve this numerical example:
 Let us consider the following multicriteria linear program:

$$x_1 \longrightarrow \max, \quad x_2 \longrightarrow \max, \quad x_3 \longrightarrow \max,$$

$$\begin{cases} x_1 + x_2 + x_3 + x_4 = 5, \\ x_1 + 3x_2 + x_3 + x_5 = 9, \\ 3x_1 + 4x_2 + x_6 = 16, \end{cases} \quad (12)$$

$$2 \leq x_1 \leq 5, 0 \leq x_2 \leq 3, -1 \leq x_3 \leq 1, -1 \leq x_4 \leq 0, -1 \leq x_5 \leq 3, -1 \leq x_6 \leq 2.$$

- Let $x^0 = (2, \frac{7}{3}, 1, \frac{-1}{3}, -1, \frac{2}{3})^T$ be a feasible solution of this problem, and $J_B = \{2, 4, 6\}$.

- Solve the following linear program:

$$\begin{cases} u^T(-Cx^0 + Cd^-) + w^T(b - Ad^-) + \gamma^T(d^+ - d^-) \longrightarrow \min, \\ u^T C - w^T A - \gamma^T + \alpha^T = -e^T C, \\ u \geq 0, \quad \alpha \geq 0, \end{cases}$$

where

$$-Cx^0 + Cd^- = \begin{pmatrix} 0 \\ \frac{-7}{3} \\ -2 \end{pmatrix}, \quad b - Ad^- = \begin{pmatrix} 5 \\ 9 \\ 11 \end{pmatrix}, \quad d^+ - d^- = \begin{pmatrix} 3 \\ 3 \\ 2 \\ 1 \\ 4 \\ 3 \end{pmatrix}, \quad -e^T C = \begin{pmatrix} -1 \\ -1 \\ -1 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}.$$

So the problem is:

$$\begin{cases} -\frac{7}{3}u_2 - 2u_3 + 5w_1 + 9w_2 + 11w_3 + 3\gamma_1 + 3\gamma_2 + 2\gamma_3 + \gamma_4 + 4\gamma_5 + 3\gamma_6 \longrightarrow \min, \\ u_1 - w_1 - w_2 - 3w_3 - \gamma_1 + \alpha_1 = -1; \\ u_2 - w_1 - 3w_2 - 4w_3 - \gamma_2 + \alpha_2 = -1; \\ u_3 - w_1 - w_2 - \gamma_3 + \alpha_3 = -1; \\ -w_1 - \gamma_4 + \alpha_4 = 0; \\ -w_2 - \gamma_5 + \alpha_5 = 0; \\ -w_3 - \gamma_6 + \alpha_6 = 0; \\ u \geq 0, \quad \alpha \geq 0. \end{cases}$$

The optimal solution is:

$$(u^0, w^0, \gamma^0, \alpha^0) = (0, 0, 0, 0, 0, 1.0453, -3.1358, -4.1810, 0, 0, 0, -1.0453, 0, 0, 0, 0, 0, 0)^T.$$

Solve the following program:

$$\begin{cases} \lambda^T Cx \longrightarrow \max, \\ Ax = b, \\ d^- \leq x \leq d^+, \end{cases}$$

where

$$\lambda = u^0 + e = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \end{pmatrix}.$$

So the problem to solve is :

$$\begin{aligned} & x_1 + x_2 + x_3 \longrightarrow \max, \\ & \begin{cases} x_1 + x_2 + x_3 + x_4 = 5, \\ x_1 + 3x_2 + x_3 + x_5 = 9, \\ 3x_1 + 4x_2 + x_6 = 16, \end{cases} \end{aligned} \quad (13)$$

$$2 \leq x_1 \leq 5, \quad 0 \leq x_2 \leq 3, \quad -1 \leq x_3 \leq 1, \quad -1 \leq x_4 \leq 0, \quad -1 \leq x_5 \leq 3, \quad -1 \leq x_6 \leq 2.$$

We start with the initial support feasible solution $\{x^0, J_B\}$, where $x^0 = (2, \frac{7}{3}, 1, \frac{-1}{3}, -1, \frac{2}{3})^T$ and $J_B = \{2, 4, 6\}$.

(1) The reduced cost vector is equal to:

$$E_N^\lambda = (E_1^\lambda, E_3^\lambda, E_5^\lambda) = c_B^\lambda A_B^{-1} A_N - c_N^\lambda = \left(\frac{-2}{3}, \frac{-2}{3}, \frac{1}{3} \right).$$

The subefficiency estimate is:

$$\begin{aligned} \beta^\lambda(x, J_B) &= E_1^\lambda(x_1 - d_1^+) + E_3^\lambda(x_3 - d_3^+) + E_5^\lambda(x_5 - d_5^-) \\ &= \frac{-2}{3}(2 - 5) - \frac{2}{3}(1 - 1) + \frac{1}{3}(-1 + 1) = 2. \end{aligned}$$

So

$$l_N^T = (l_1, l_3, l_5) = (3, 0, 0); \quad l_B^T = (-A_B^{-1} A_N l_N)^T = (l_2, l_4, l_6) = (-1, -2, -5).$$

The step θ^0 is calculated as follows: $\theta^0 = \min(\theta_{j_1}, 1) = (\frac{7}{3}, \frac{1}{3}, \frac{1}{3}, 1) = \frac{1}{3} = \theta_4 = \theta_6$. We take $\theta^0 = \theta_4 = \frac{1}{3}$, so $j_1 = 4$. The new feasible solution and the new subefficiency estimate are:

$$\bar{x} = x + \theta^0 l = \left(2, \frac{7}{3}, 1, \frac{-1}{3}, -1, \frac{2}{3} \right)^T + \frac{1}{3} (3, -1, 0, -2, 0, -5)^T = \left(3, 2, 1, -1, -1, -1 \right)^T.$$

$$\beta^\lambda(\bar{x}, J_B) = (1 - \theta^0) \beta^\lambda(x, J_B) = \left(1 - \frac{1}{3} \right) 2 = \frac{4}{3}.$$

So the support feasible solution $\{\bar{x}, J_B\}$ is not efficient.

In order to choose the indice $j_0 \in J_N$ which must replace the indice j_1 outgoing from the base, we compute the dual iteration. For this, we obtain

$$\alpha_0 = \kappa_4 - d_4^- = \frac{-4}{3}, \quad t_B^T = (t_2, t_4, t_6) = (0, 1, 0), \quad t_N^T = (t_1, t_3, t_5) = t_B^T A_B^{-1} A_N = \left(\frac{2}{3}, \frac{2}{3}, \frac{-1}{3} \right).$$

So $\sigma^0 = \min(\sigma_1, \sigma_3, \sigma_5) = \sigma_1 = \sigma_3 = \sigma_5 = 1$. If we take $\sigma^0 = \sigma_5, j_0 = 5$, then we get

$$\bar{J}_B = J_B \setminus \{4\} \cup \{5\} = \{2, 5, 6\}, \quad \beta^\lambda(\bar{x}, \bar{J}_B) = \beta^\lambda(\bar{x}, J_B) - \sigma^0 | \alpha_0 | = \frac{4}{3} - \frac{4}{3} = 0.$$

So the couple $\{x, J_B\}$, where $x = (3, 2, 1, -1, -1, -1)^T$ and $J_B = \{2, 5, 6\}$ is an efficient support feasible solution.

For conclusion, in this paper, we have characterized the ϵ - efficient solutions for a multicriteria linear programming problem with bounded variables. Then we have elaborated an algorithm which allows to find a subefficient solution. In a future work, we will try to develop an algorithm in order to determine all the ϵ - efficient solutions or an interactive method which allows to find a subefficient one, satisfying the decider.

References

1. H. Benson, Finding an initial efficient extreme point for linear multiple objective program. *Journal of Operational Research Society* (1981), 32(6), pp. 495-498.
2. M. O. Bibi, The adaptive method for solving linear programming problems. *Post-graduate courses in Operational Research*. University of Bejaia (2005).
3. M. P. Dimkov, Research on the multicriteria linear programming problems. *In optimal control problems, Gabasov and Kirillova Editors. Nauka i Technika* (1981), pp. 25-42.
4. M. Ehrgott, Multicriteria optimization. *Springer-Verlag, Second Edition*, Berlin, Heidelberg (2005).
5. R. Gabasov, F. M. Kirillova and A. I. Tyatyuskin, Constructive Optimization Methods. Part I: Linear Problems. University Press, Minsk (1984) [in Russian].
6. V. V. Polinovsky and V. D. Nagine, Optimal solutions of Pareto in the multicriteria problem. *Naouka, Moscou* (1982) [in Russian].
7. T. Mernache, Méthode adaptée pour la résolution des problèmes de programmation linéaire multi-objectifs. *Mémoire de magister*, Université de Bejaia (2007).
8. C. Gutiérrez, B. Jiménez and V. Novo, On approximate efficiency in multiobjective programming. *Mathematical Methods of Operation Research* (2006), 64, pp. 165-185.
9. R. E. Steuer, Multiple criteria optimization: Theory, Computation and Application. *John Wiley and sons*, New York (1986).
10. S. Radjef and M. O. Bibi, A new algorithm for linear multiobjective programming problems with bounded variables. *Arab. Jour. of Mathematics* (2014), 3, pp. 79-92.
11. M. O. Bibi and M. Bentobache, A hybrid direction algorithm for solving linear programs. *Inter. Jour. of Computer Mathematics* (2015), 92(1), pp. 201-216.
12. D. Dentcheva and S. Helbing, On variational principles, level sets, well-posedness, and ϵ -solution in vector optimization. *Journal of Opti. Theo. and Appl.* (1996), 89(2), pp. 325-349.
13. P. Loridan, ϵ -solution in vector minimization problems. *Journal of Opti. Theo. and Appl.* (1984), 43(2), pp. 265-276.
14. K. Yokoyama and G. B. Fruhwirth, Epsilon approximate solutions for multiobjective programming problems. *Journal of Mathematical Analysis and Applications* (1996), 203(1), pp. 142-149.
15. C. Gutiérrez, B. Jiménez and V. Novo, A property of efficient and ϵ -efficient solutions in vector optimization. *Applied Mathematics Letters* (2005), 18, pp. 409-414.
16. A. Engau and M. M. Wiecek, Generating ϵ - efficient solution in multiobjective programming. *Euro. Jour. of Operation Research* (2007), 177, pp. 1566-1579.

Recherche Opérationnelle II

A 'Reduce and Solve' Algorithm for the Multidimensional Knapsack Problem

Mohamed Bachir Belaid¹, Abdennour Lazeb¹, Mahmoud Zennaki¹, Kaddour Sadouni¹

¹ Computer Science Department, Faculty of Mathematics and Computer Science
University of Science and Technology Mohamed Boudiaf of Oran – USTOMB
PO 1505 EL M'naeur, Bir el Djir, Oran, ALGERIA
{bmb31000,laz.abdenour31}@gmail.com,{mahmoud.zennaki,kaddour.sadouni}@univ-usto.dz

Abstract. In this paper, we present a 'reduce and solve' heuristic for approximately solving the multidimensional knapsack problem (MKP). The proposed heuristic combines solution space reduction with linear programming techniques. The solution space reduction is achieved by fast and simple algorithms and then refined by solving some relaxed MKP sub-problems leading at the end to optimality or near optimality. The performance of the proposed heuristic has been evaluated on several problem instances. Encouraging results have been obtained.

Keywords: space reduction, heuristics, knapsacks, combinatorial optimization.

1 Introduction

The multidimensional knapsack problem (MKP) is a well-known NP-hard problem which can be formulated as follows:

$$\max \sum_{j=1}^n p_j x_j \quad (1)$$

$$s. t. \sum_{j=1}^n a_{ij} x_j \leq b_i, \quad i = 1, \dots, m \quad (2)$$

$$x_j \in \{0,1\}, \quad j = 1, \dots, n \quad (3)$$

It consists in selecting n given items in such a way that the total profit of the selected items is maximized (1) while a set of m knapsack constraints (2) are satisfied.

Many real problems can be formulated as MKP, such as capital budgeting [1] resource allocating [2], cargo loading [3], cutting stock [4], knowledge and economics engineering [5], and pollution prevention and control [6].

This paper presents RSH, for Reduce and Solve Heuristic. RSH is a heuristic based on reducing solution space of a MKP instance based on discarding subspaces by greedy and bound procedures and then uses linear programming techniques to refine

solution space leading at the end to optimality or near optimality. This combination of solution space reduction and linear programming techniques allow solving to near-optimality large MKP instances in a reduced CPU time.

The remainder of the paper is organized as follows. In section 2, we present a brief reference of some sequential exact and approximate algorithms for MKP. Then, in section 3, the proposed algorithm is presented in detail. In section 4, the performance of RSH is tested on a set of problem instances extracted from the literature including some very large instances. We conclude in the last section our paper with some interesting remarks.

2 Related Works

As for other combinatorial optimization problems, two types of solution approaches for multidimensional knapsack problem (MKP) have been proposed in the literature. Exact solutions find an optimal solution for MKP instances; heuristic solutions try to find a near-optimal solution, but require much less computation time than exact solutions.

Almost all successful exact methods are based on branch and bound algorithm. Mansini et al. [7] developed CORAL, a powerful exact method based on branch and bound search tree and uses linear programming to find bounds. The order in which the decision variables are considered has an important effect on the size of the search tree. In [8], the authors proposed an exact technique based on efficient implicit enumeration using reduced costs propagation technique and remarkable results have been achieved.

The literature also describes heuristic methods. The first heuristics developed share the idea to project all resource dimensions of a candidate solution to a single aggregate resource, effectively reducing the multi-dimensional search space into a two-dimensional search space. Items are sorted with respect to a specific utility metric, which is unique for each approach. The approaches first find a feasible solution for an MKP instance and then iterate over the sorted list of items to improve the candidate solution [1], [9]. Approximate dynamic programming approach has been also used in [10], explicitly targeting large-scale MKP problems. Recently, Wang et al. [11] proposed an effective hybrid EDA-based algorithm for MKP. The proposed estimation of distribution algorithm used a stochastic optimization method to guide the search for the optimum by building explicit probabilistic models of promising candidate solutions.

Other modern metaheuristics have been used to solve large MKP instances like particle swarm optimization [12] and fruit fly optimization [13] and some encouraging results have been achieved.

Our idea is similar in spirit to heuristic approaches in the sense that it aims at solving large MKP instances efficiently in a reasonable CPU time, but proceeds differently by reducing substantially solution space before using a specific heuristic. This solution space reduction is used to guide the search process directly to promising regions and thus reduce the running time.

3 Reduce and Solve Heuristic

This section introduces our ‘reduce and solve’ heuristic. The proposed approach combines simple greedy algorithms with solving MKP relaxed sub-problems. We first describe the basic algorithm and its components. We then provide more details about these components, namely the initial step, the greedy-based heuristics for reducing solution space and MKP relaxation procedure used to refine the search space.

3.1 The Basic Algorithm

The solution space S for a MKP instance with n items tends to 2^n which represents a combinatorial explosion. The whole space 2^n is composed of $(n + 1)$ subspaces of size C_n^i $i = 0, \dots, n$, that is:

$$|S| = 2^n = \sum_{i=0}^n C_n^i$$

each subspace C_n^i consists of solutions where exactly i items are picked in the solution vector X .

Our goal is to reduce solution space; for this purpose the proposed algorithm (figure 1) consists in the following steps: (1) generate an initial solution used in the bound process at each level of our algorithm, (2) discard some subspaces C_n^i with greedy algorithms based on item costs (objective function) and weights (constraints), (3) use linear programming techniques to refine further the solution space and obtain optimal or quasi-optimal solutions.

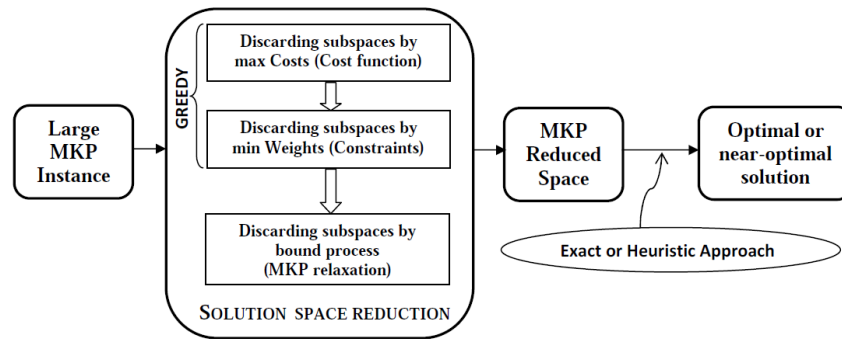


Fig. 1. General methodology of RSH

3.2 A Starting Solution

The algorithm starts with an initial solution using a greedy procedure. A constructive procedure proposed in [14], is used to construct an initial solution. This procedure operates in a greedy way by considering first items with high pseudo-utilities $c_j / \langle b, a_j \rangle$ where $\langle \cdot, \cdot \rangle$ is the scalar product in \mathbb{R}^m . In some cases, particularly when

solving large MKP instances, we use as a substitute to this procedure, CPLEX MIP solver (for Mixed Integer Programming) in a reduced time to generate an acceptable feasible solution. This initial solution is updated every time a better solution is found, and is used to discard some subspaces by a bound process.

3.3 Discarding Subspaces with Greedy Algorithms

Space reduction is achieved by discarding irrelevant subspaces from the whole space S . We consider first items in descending order of costs c_i . A solution X is then generated containing the i first items ($i = 1, \dots, n$). Thus we can discard subspace C_n^i if the value of the generated solution X is less than the current solution value. The optimal solution cannot in any way contain i items. It's because we consider in this step items in a greedy way according to their costs. If the subspace C_n^i cannot be discarded, we update the initial solution if X is feasible, otherwise the current value of i is stored (*lBound*) meaning that we cannot go further with discarding subspaces based on costs. The following pseudo-code details reducing solution space based on max-costs:

```
Xbest = initialSolution()
//Consider items in descending order of costs  $c_i$ 
sortDescCost()
for  $i = 1$  to  $n$  do
  //Generate solution  $X$  containing the  $i$  first items
   $X = \text{Build}(i)$ 
  if  $\text{obj}(X) < \text{obj}(X_{\text{best}})$  then
    Discard subspace  $C_n^i$  from  $S$ 
  else if  $\text{feasible}(X)$  then
    //Update best solution and discard subspace
     $X_{\text{best}} = X$ 
    Discard subspace  $C_n^i$  from  $S$ 
  else
     $\text{lBound} = i$ 
    break
  endif
endif
endfor
```

The next step is to consider items in ascending order of weights a_{ij} and discard all subspaces C_n^k of solutions which cannot contains more than k items due to capacity constraints as depicted in the following pseudo-code:

```
for  $i = \text{lBound}$  to  $n$  do
  for  $j = 1$  to  $m$  do
    //Consider items in ascending order of weights
    //according to constraint  $j$ 
    sortAscWeight( $j$ )
```

```

//Generate solution X containing the i first items
X = Build(i)
if constraint j is violated then
    rBound = i
    Discard all subspaces  $C_n^k$  ( $k=rBound, \dots, n$ ) from S
    break
endif
endfor
endfor

```

Note that $lBound$ and $rBound$ represent indices that delimit the remaining subspaces. To go further with space reduction, we rewrite the remaining subspaces C_n^i as a sum of other subspaces by partitioning items in 2 groups as follows:

$$C_n^i = \sum_{j=0}^{i} C_{n/2}^j \times C_{n/2}^{i-j} \quad \text{if } i \leq n/2$$

$$C_n^i = \sum_{j=i-n/2}^{n/2} C_{n/2}^j \times C_{n/2}^{i-j} \quad \text{if } i > n/2$$

We can now discard similarly more subspaces by max-costs and min-weights procedures as described in the following pseudo-code:

```

//Consider items in descending order of costs  $c_i$ 
sortDescCost()
for i = lBound to rBound do
    for all pairs (u,v) such as  $u+v=i$  and  $u,v \leq n/2$  do
        //Generate solution X by picking the u first items
        //from Group1 and the v first items from Group2
        X = Build(u,v)
        if obj(X) < obj(Xbest) then
            Discard subspace  $C_{n/2}^u \times C_{n/2}^v$  from S
        else
            if feasible(X) then
                //Update best solution and discard subspace
                Xbest = X
                Discard subspace  $C_{n/2}^u \times C_{n/2}^v$  from S
            else
                for j = 1 to m do
                    //Consider items in ascending order of
                    //weights according to constraint j
                    sortAscWeight(j)
                    //Generate sol X by picking the u 1st items
                    //from Group1 & the v 1st items from Group2
                    X = Build(u,v)
                endfor
            endif
        endif
    endfor
endfor

```

```

        if constraint j is violated then
            Discard subspace  $C_{n/2}^u \times C_{n/2}^v$  from S
            break
        endif
    endfor
endif
endif
endif
endfor
endfor

```

At this stage, we choose to don't go further in partitioning subspaces in order to keep a reasonable running time. Nonetheless, another technique described in the next section can now be effectively used to refine the search space and get high quality solutions.

3.4 Solving MKP Relaxation Sub-Problems

We consider MKP relaxed sub-problems corresponding to the remaining sub-spaces. Each relaxed sub-problem corresponds to a linear program which can be effectively solved by the well-known LP solver CPLEX. Recall that the remaining subspaces are of the form $C_{n/2}^u \times C_{n/2}^v$, so the corresponding LP can be formulated as follows:

$$\left\{ \begin{array}{l} \max \sum_{j=1}^n p_j x_j \\ \sum_{j=1}^n a_{ij} x_j \leq b_i, \quad i = 1, \dots, m \\ \sum_{i=0}^{\frac{n}{2}} x_i = u \\ \sum_{i=\frac{n}{2}+1}^n x_i = v \\ 0 \leq x_j \leq 1 \quad j = 1, \dots, n \end{array} \right.$$

The solution obtained by CPLEX can be integer, which means that it is the optimal solution of the corresponding subspace. In this case, the subspace is eliminated and a possible updating of X_{best} is made. In the case – more frequent – of a non-integer solution, the objective function value, considered as an upper bound of the corresponding subspace, is compared to the value of X_{best} , and the subspace can be discarded only if this upper bound is less or equal than the value of X_{best} as in a bound process. When the subspace cannot be discarded, we perform a rounding procedure on the non-integer solution found by CPLEX followed in some cases by a repair procedure when the rounded solution is not feasible. In many cases, the feasible solution thus obtained is of high quality and contributes to the improvement of X_{best} .

4 Computational Results

The purpose of this section is to experimentally investigate the various aspects of RSH on standard benchmarks. We evaluate the performance of RSH compared to the state-of-the-art best results. Our algorithms were coded in C++ and all experiments were done on a PC with a 2.6 GHz Intel i5 CPU and 6GB of memory.

4.1 Problem Details

The problems we considered are the well studied benchmarks defined in OR-Library [15] and are summarized in Table 1. We tested a total of 270 medium to large instances ranged from $n = 100$ items and $m = 5$ constraints to $n = 500$ items and $m = 30$ constraints. The ratio of each group of instances indicates the difficulty of the instances [1]. An instance having a greater ratio is considered more difficult.

Table 1. Medium to large size problem details

Instance $i = 1, \dots, 10$	Number of items n	Number of constraints m	Ratio
OR5x100-0.25_i	100	5	0.25
OR5x100-0.5_i		5	0.5
OR5x100-0.75_i		5	0.75
OR10x100-0.25_i		10	0.25
OR10x100-0.5_i		10	0.5
OR10x100-0.75_i		10	0.75
OR30x100-0.25_i		30	0.25
OR30x100-0.5_i		30	0.5
OR30x100-0.75_i		30	0.75
OR5x250-0.25_i	250	5	0.25
OR5x250-0.5_i		5	0.5
OR5x250-0.75_i		5	0.75
OR10x250-0.25_i		10	0.25
OR10x250-0.5_i		10	0.5
OR10x250-0.75_i		10	0.75
OR30x250-0.25_i		30	0.25
OR30x250-0.5_i		30	0.5
OR30x250-0.75_i		30	0.75
OR5x500-0.25_i	500	5	0.25
OR5x500-0.5_i		5	0.5
OR5x500-0.75_i		5	0.75
OR10x500-0.25_i		10	0.25
OR10x500-0.5_i		10	0.5
OR10x500-0.75_i		10	0.75
OR30x500-0.25_i		30	0.25
OR30x500-0.5_i		30	0.5
OR30x500-0.75_i		30	0.75

4.2 Space Reduction Aspect

In this section, the ability of RSH to discard subspaces is experimented. It is why we present in Table 2 for each instance, the % of remaining solution space and the amount of remaining subspaces. The running time is also carefully examined in column 4 to show the impact of solving a large number of LPs during the reduction process. Recall that we use CPLEX 12.2 as LP solver.

Table 2. Experimentation of RSH space reduction ability

Instance	% Remain space	Remain sub spaces	T (s)	RSH best solution	Optimal solution or upper bound (*)	Gap (%)
OR5x100-0.25_6	2.4e-05	22	14	24613	24613	0,00
OR5x100-0.5_4	0.2	31	50	45090	45090	0,00
OR5x100-0.75_5	6.5e-08	24	21	61091	61091	0,00
OR10x100-0.25_5	1.4e-05	49	104	22751	22751	0,00
OR10x100-0.5_4	0.1	35	77	45624	45624	0,00
OR10x100-0.75_4	2.2e-07	28	46	61966	61966	0,00
OR30x100-0.25_5	8.0e-07	40	90	21803	21844	0,19
OR30x100-0.5_1	0.3	52	116	40767	40767	0,00
OR30x100-0.75_3	2.1e-06	48	107	58052	58052	0,00
OR5x250-0.25_9	8.9e-10	71	170	61885	61885	0,00
OR5x250-0.5_4	0.2	81	194	109383	109383	0,00
OR5x250-0.75_4	8.2e-17	73	162	148607	148607	0,00
OR10x250-0.25_7	8.7e-13	81	201	58704	58704	0,00
OR10x250-0.5_2	0.3	101	248	108702	108717	0,01
OR10x250-0.75_4	8.9e-16	96	222	151256	151324	0,04
OR30x250-0.25_3	2.2e-14	112	287	56493	56614	0,21
OR30x250-0.5_3	0.3	126	324	106278	106442	0,15
OR30x250-0.75_3	7.5e-15	99	262	152954	153158*	0,13
OR5x500-0.25_7	2.1e-20	151	423	119122	119127	0,00
OR5x500-0.5_9	0.09	114	407	216976	216976	0,00
OR5x500-0.75_9	5.9e-33	150	421	302809	302828	0,01
OR10x500-0.25_5	3.8e-24	180	598	116462	116530	0,06
OR10x500-0.5_8	0.26	243	774	219935	219990	0,03
OR10x500-0.75_1	1.7e-30	144	431	304344	304387	0,01
OR30x500-0.25_3	5.2e-27	264	939	116488	117208*	0,61
OR30x500-0.5_5	0.2	252	930	215439	215983*	0,25
OR30x500-0.75_8	6. 5e-30	159	588	306892	307283*	0,13

Experiments show the effectiveness of RSH and its ability to reduce the solution space in a reasonable time. We can see in fact, that the running time remains acceptable despite solving a large number of LPs. This is due to CPLEX solver efficiency when dealing with LPs but also to the ability of bounding process to discard more subspaces. The comparative study we present in the next section will

also focus on running time. On the other hand, the progressive improvement of the best solution X_{best} by rounding procedure has contributed to improve the bounding process and the rate of remaining subspaces. Note finally that instances with highest ratio are instances where space reduction is the most significant although they are considered the most difficult in [1].

4.3 Comparative Study

In the final set of experiments, we compare RSH with the state-of-the-art results for medium to large instances OR-Library [15]. We present in table 3 the best results obtained in [7]. We include results obtained by MIP solver CPLEX during a maximum of five hours of running time. An empty cell means that no solution was found for the correspondent instance.

Table 3. Results for medium to large MKP instances

Instance	MIP CPLEX		CORAL 2012		RSH 2016	
	T(s)	Solution	T(s)	Solution	T(s)	Solution
OR5x100-0.25_6	2.50	24613	1.62	24613	14.41	24613
OR5x100-0.5_4	6.23	45090	3.14	45090	50.07	45090
OR5x100-0.75_5	1.42	61091	0.98	61091	21.18	61091
OR10x100-0.25_5	10.81	22751	26.39	22751	104.09	22751
OR10x100-0.5_4	69.33	45624	54.91	45624	77.79	45624
OR10x100-0.75_4	4.22	61966	7.64	61966	46.96	61966
OR30x100-0.25_5	1368.55	21844	1923.98	21844	90.25	21803
OR30x100-0.5_1	1422.05	40767	1991.53	40767	116.82	40767
OR30x100-0.75_3	363.16	58052	1829.09	58052	109.40	58052
OR5x250-0.25_9	60.36	61885	21.76	61885	170.519	61885
OR5x250-0.5_4	219.7	109383	59.55	109383	194.521	109383
OR5x250-0.75_4	88.06	152130	15.06	152130	162.203	148607
OR10x250-0.25_7	36000	58704	3615.36	58704	201.308	58704
OR10x250-0.5_2	36000	108717	3881.36	108717	248.559	108702
OR10x250-0.75_4	6772.08	151324	3865.20	151324	222.214	151256
OR30x250-0.25_3	18000	56533	18000	56614	287.235	56493
OR30x250-0.5_3	18000	106442	18000	106442	324.08	106278
OR30x250-0.75_3	18000	153234	18000	153234	262.535	152954
OR5x500-0.25_7	8498.31	119127	850.91	119127	423.523	119122
OR5x500-0.5_9	5886.83	216976	347.77	216976	407.733	216976
OR5x500-0.75_9	2336.92	302828	232.78	302828	421.942	302809
OR10x500-0.25_5	18000	116509	18000	116509	598.619	116462
OR10x500-0.5_8	18000	219984	18000	219984	774.06	219935
OR10x500_0.75_1	18000	-	18000	304387	431.001	304344
OR30x500-0.25_3	-	-	-	-	939.336	116488
OR30x500-0.5_5	-	-	-	-	930.016	215439
OR30x500-0.75_8	-	-	-	-	588.641	306892

We can draw several conclusions from these results. First, table 3 shows that RSH results are competitive in terms of quality and running time especially for large instances. Second, in columns reporting the pure CPLEX results with a maximum time budget of five hours, we may conclude that hybrid heuristics (greedy algorithms combined to LP solver) outperform pure MIP CPLEX when given equal time budgets. Finally, note that with RSH heuristic, we have no parameter to adjust, while in all the state-of-the-art heuristics, there are several parameters to consider, and it is well known that when using approximate algorithms to solve optimization problems, different parameter settings lead to results of variable quality and the configuration of these parameters is a difficult task.

5 Conclusion

We have solved the multidimensional knapsack problem using a ‘Reduce and Solve’ Heuristic (RSH). The algorithm is mainly based on solution space reduction by discarding some irrelevant subspaces with greedy and bounding procedures. Then, optimal or near-optimal solutions are obtained by solving MKP relaxed sub-problems. A rounding procedure is also used to generate high quality feasible solutions during RSH execution, improving the bounding process. Computational results show that RSH yields high quality solutions within a reasonable computing time, and can generate good solutions within a negligible running time.

References

1. Chu, P.C., Beasley, J.E.: A genetic algorithm for the multidimensional knapsack problem. *Journal of Heuristics* 4, 63--86 (1998)
2. Gavish, B., Pirkul, H.: Allocation of database and processors in a distributed computing system. *Management of Distributed Data Processing*, 215—231 (1982)
3. Shih, W.: A branch and bound method for the multi-constraint zero-one knapsack problem. *Journal of the Operational Research Society* 30, 369--378 (1979)
4. Gilmore, P.C., Gomory, R.E.: The theory and computation of knapsack functions. *Operations Research* 14, 1045--1075 (1966)
5. Martello, S., Toth, P.: *Knapsack problems: Algorithms and computer implementations*. Wiley, New York (1990)
6. Bansal, J.C., Deep, K.: A modified binary particle swarm optimization for knapsack problems. *Applied Mathematics and Computation* 218, 11042--11061 (2012)
7. Mansini, R., Grazia Speranza, M.: Coral: An exact algorithm for the multidimensional knapsack problem. *INFORMS Journal on Computing* 24(3), 399--415 (2012)
8. Vimont, Y., Boussier, S., Vasquez, M.: Reduced costs propagation in an efficient implicit enumeration for the 0/1 multidimensional knapsack problem. *Journal of Combinatorial Optimization* 15(2), 165--178 (2008)
9. Hanafi, S., Freville, A.: An efficient tabu search approach for the 0-1 multidimensional knapsack problem. *European Journal of Operational Research*, 106, 659-675 (1998)
10. Bertsimas, D., Demir, R.: An approximate dynamic programming approach to multidimensional knapsack problem. *Management Science* 48(4), 550--565 (2002)

11. Wang, L., Wang, S., Xu, Y.: An effective hybrid eda-based algorithm for solving the multidimensional knapsack problem. *Expert Systems with Applications* 39(5), 5593--5599 (2012)
12. Chih, M., Lin, C.J., Chern, M.C., Yin, T.: Particle swarm optimization with time-varying acceleration coefficients for the multidimensional knapsack problem. *Applied Mathematical Modelling* 38(4), 1338--1350 (2014)
13. Wang, L., Zheng, X., Wang, S.: A novel binary fruit-fly optimization algorithm for solving the multidimensional knapsack problem. *Knowledge-Based Systems* 48, 17--23 (2013)
14. Pirkul, H.: A heuristic solution procedure for the multi-constraint Zero-One knapsack problem. *Naval Research Logistics* 34, 161--172 (1987)
15. Beasley, J.E.: OR-Library: Distributing Test Problems by Electronic Mail. *Journal of the Operational Research Society* 41, 1069--1072 (1990)

Extraction des Caractéristiques Structurelles pour la Segmentation des Chiffres Manuscrits Connectés

Merabti Hocine^{1,1}, Farou Brahim¹, Kouahla Mohammed Nadjib¹, Seridi Hamid¹,

¹ Laboratoire LabSTIC, Université 08 Mai 1945 de Guelma, B.P 401, 24000 Guelma, Algérie,
merabti.dr@gmail.com
farou@ymail.com
{ kouahla.nadjib, seridihamid}@yahoo.fr

Résumé. Dans ce travail, une nouvelle méthode pour la segmentation des chiffres manuscrits connectés a été proposée. Cette méthode est basée sur l'extraction de deux types de caractéristiques structurelles dans l'image de chaînes de chiffres. Le but de la combinaison de ses deux caractéristiques est de prendre les meilleurs chemins de segmentation entre les chiffres connectés. Quatre phases principales composent la méthode de segmentation. La première consiste à extraire et identifier les composantes connexes de l'image d'entrée. La deuxième permet de trouver les points de segmentation à partir des caractéristiques de premier et d'arrière-plan. La troisième a pour but de générer les possibles chemins de segmentation à partir de ces points. Finalement, chaque segment candidat est évalué individuellement sur la base de propriétés de leurs points de segmentation et leur hauteur. Les résultats expérimentaux obtenus, sur la base de données des chiffres manuscrits NIST SD19, montrent l'efficacité de la méthode proposée.

Mots clés: Segmentation de Chaîne de Chiffres Manuscrits; Caractéristiques de Premier-Plan; Caractéristiques d'arrière-Plan.

1 Introduction

La reconnaissance de l'écriture manuscrite reste un domaine de recherche très ouvert depuis ces dernières décennies. La reconnaissance d'écriture manuscrite peut être divisée, selon la nature de l'entrée, en deux catégories: en-ligne et hors-ligne [1]. La reconnaissance en-ligne est exécutée en même temps avec l'apparition d'écriture, tandis que dans le cas hors-ligne; la reconnaissance est faite après l'écriture.

Un système de reconnaissance optique de caractères (OCR) est un processus hors-ligne [2]. OCR est un procédé de détection optique des caractères dans une image dans différentes sources, et les classifier selon les caractères correspondants. L'étape la plus difficile dans la construction d'un tel OCR système est la segmentation qui consiste à lire une chaîne de chiffres et la segmente en chiffres isolés [3, 4, 5].

D'autre part, un très bon OCR système peut être pratiquement inutile lorsque l'identification de texte et la segmentation sont effectuées pauvrement [6].

En dépit des divers efforts dépensés dans ce domaine, la reconnaissance des chaînes de chiffres manuscrits demeure toujours un grand défi [2]. La segmentation des chiffres manuscrits devient une tâche très difficile à utiliser dans certains domaines d'application, tels: l'indexation et le traitement automatique de documents; le traitement automatique des chèques bancaires; la localisation automatique d'adresses et de codes postaux [2]. Ces applications ont été très populaires dans ce domaine de recherche, due à la possibilité de réduire considérablement l'effort manuel impliqué dans ces tâches.

Les problèmes majeurs de segmentation sont principalement liés à plusieurs facteurs, comme: la pente des images ou le bruit introduit par le scanner; la variabilité des styles d'écriture et les défauts d'encrage; la complexité et la variabilité des formes de chaînes de chiffres qui sont illustrés dans le chevauchement ou la connexion de deux chiffres consécutifs. D'autre part, nous ne savons pas le nombre de chiffres de la chaîne, et par conséquent, la limite optimale entre eux est inconnue [6].

Généralement, la segmentation peut être effectuée en tenant compte ces trois cas: la connexion, la disjonction ou le chevauchement des chiffres (comme le montre la figure 1). Dans la plupart des cas, la connexion et le chevauchement des chiffres sont les situations les plus fréquentes qui sont observées dans l'écriture manuscrite. En outre, pour traiter ces situations, de nombreux travaux ont été proposés dans les dernières années. Certains d'entre eux sont basés sur des caractéristiques extraites à partir de pixels d'arrière-plan dans l'image [7, 8], et d'autres sur des caractéristiques extraites de pixels de premier-plan dans l'image [9, 10]. Récemment, plusieurs travaux ont utilisé une combinaison de ces deux types de caractéristiques [11,12].

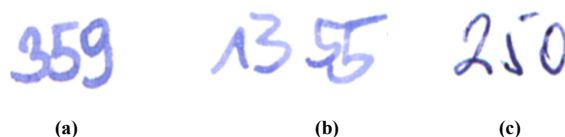


Fig. 1. Des exemples de difficultés de segmentation: (a) la connexion (entre le 3 et le 5), (b) le chevauchement (entre le 5 et le 5), (c) la disjonction (dans le 5).

Dans cet article, nous sommes intéressés à la segmentation des chiffres manuscrits connectés. Nous proposons une nouvelle méthode de segmentation dont le but est de trouver des meilleurs chemins de segmentation de chiffres connectés en tenant compte de deux ensembles complémentaires de caractéristiques structurelles. Cette méthode est effectuée en quatre phases principales. Après l'extraction et l'identification des composants connexes qui contiennent des candidats de chiffres touchants dans la première phase, les points caractéristiques d'arrière-plan et de premier-plan sont trouvés à partir de l'image de chiffres d'entrée dans la première phase. Ensuite, les possibles chemins de segmentation sont générés à partir des points caractéristiques obtenus dans la troisième phase. Dans la phase finale, chaque chemin candidat est évalué individuellement en fonction des propriétés de ses points de segmentation et

leur hauteur.

Cet article est organisé comme suit : la section 2 explique la méthode de segmentation proposée en fonction de points caractéristiques. La section 3 est consacrée à la présentation des résultats expérimentaux. Enfin, la conclusion et les travaux futurs sont présentés dans la dernière.

2 Description de la Méthode Proposée

Pour segmenter une image entrée de chaîne de chiffres en images de chiffres isolés, notre méthode de segmentation se compose de quatre phases principales : l'extraction et l'identification de composantes connexes, l'extraction de points de segmentation, la construction de possibles chemins de segmentation et l'évaluation de la segmentation. La figure 2 montre les phases de notre méthode de segmentation.

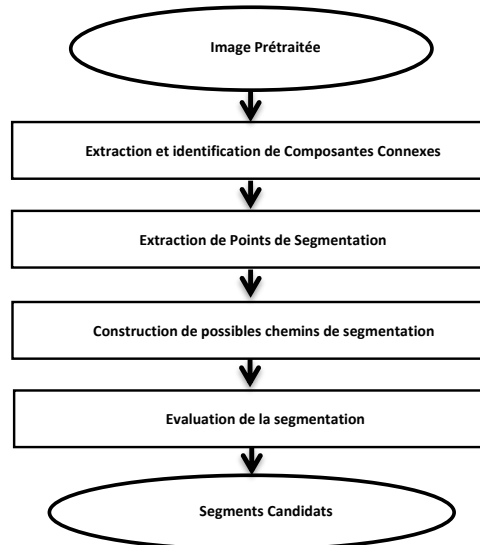


Fig. 2. Schéma de principe du notre méthode de segmentation.

2.1 Extraction et Identification de Composantes Connexes

Dans cette étape, l'image d'entrée de chaîne est séparée en composantes connexes (CC). Ensuite, une vérification est appliquée sur chaque CC, pour détecter si un CC contient des composants touchés ou non, en vérifiant l'équation suivante:

$$CC = \begin{cases} 1, & \text{if } W_{cc} > \frac{\mu}{H} \\ 0, & \text{Otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

Où W_{cc} est la largeur d'un CC. H est la hauteur de l'image de chaîne. μ est un paramètre prédéfini, attribué dans notre cas à 75.

La figure 3 montre comment notre méthode extrait et identifie les CCs qui contiennent des composantes touchées.

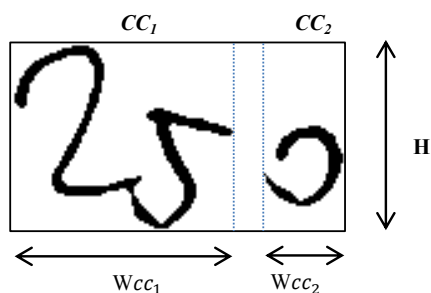


Fig. 3. Extraction et identification des composantes connexes. CC_1 avec W_{cc_1} est supérieur à 75% de la hauteur (H) de l'image de chaîne, et a besoin de nouvelle segmentation. CC_2 avec W_{cc_2} ne nécessite pas de nouvelle segmentation.

Après l'extraction et l'identification des candidats qui contiennent des chiffres connectés, les points de segmentation sont extraits à partir de ces CC dans la deuxième étape de segmentation.

2.2 Extraction de Points de Segmentation

Cette étape consiste à analyser les caractéristiques du premier et d'arrière-plan des CC afin de définir la position optimale pour segmenter une image de chaîne. Ses caractéristiques sont basées sur le profil, le squelette et le contour de CC.

Caractéristiques du profil. La méthode pour trouver les caractéristiques de profil d'un CC est comme suit:

- Trouver les profils de projections verticaux (supérieures et inférieures) de CC (Fig.4 b et c).
- Extraire les squelettes de ces profils qui sont moins et plus élevés à la mi-hauteur H de CC (Fig.4 d et e).
- Extraire les points d'extrémité (PP) ; qui ont juste un seul pixel noir voisin (Fig.4 f) ; à partir de ces squelettes. Les premiers et derniers points d'extrémité de chaque squelette sont ignorés.

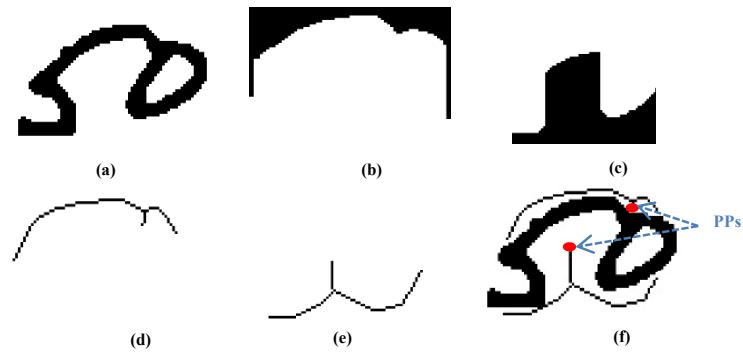


Fig. 4. Extraction et identification des composantes connexes. CC_1 avec W_{CC_1} est supérieur à 75% de la hauteur (H) de l'image de chaîne, et a besoin de nouvelle segmentation. CC_2 avec W_{CC_2} ne nécessite pas de nouvelle segmentation.

Caractéristiques du squelette et du contour. Les étapes suivantes montrent comment trouver les caractéristiques du squelette et du contour:

- Extraire le squelette de CC (Fig.5 b).
- Extraire les points d'intersection (SP); qui ont plus de deux pixels noirs voisins; à partir du squelette (Fig.5 b).
- Extraire le contour extérieur (supérieur/inférieur) de CC, et l'ajouter au squelette (Fig.5 c).
- À partir de chaque point d'intersection, calculer la distance entre ce point et le contour supérieur/inférieur, puis sélectionner les points (CP) qui ont la valeur minimale. À partir de la figure.5 d, nous voyons que ces points caractéristiques sont très proches du point d'intersection.

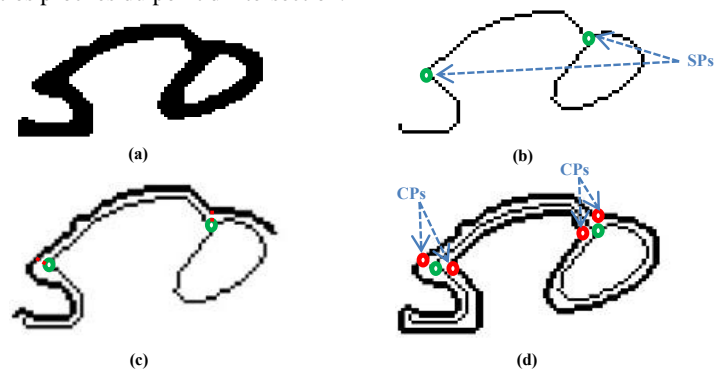


Fig. 5. Extraction de points de squelette et de contour. (a) l'image d'origine. (b) le squelette de l'image avec des points d'intersection (SPs) (cercles verts). (c) le contour supérieur de l'image est ajouté au squelette. (d) les points contour (CPs) du CC (cercles rouges).

Dans cette étape, tous les points caractéristiques sont trouvés. Ces points peuvent

montrer le bon emplacement des zones de segmentation.

2.3 Construction de possibles chemins de segmentation

Le chemin de segmentation peut être généré à partir des points de segmentation dans les deux sens: de haut vers le bas et de bas vers le haut. Ces points caractéristiques sont reliés entre eux pour construire les chemins de segmentation (Fig.6). Deux points P_1 et P_2 sont reliés entre eux si l'équation (1) est vérifiée :

$$|x_{p1}-x_{p2}| \leq Fact * (W_{cc}/2) \quad (2)$$

Où x_{p1} et x_{p2} sont les coordonnées horizontales de P_1 et P_2 respectivement. $Fact$ est un paramètre constant qui a été fixé empiriquement à 0,6. W_{cc} est la largeur d'un CC.

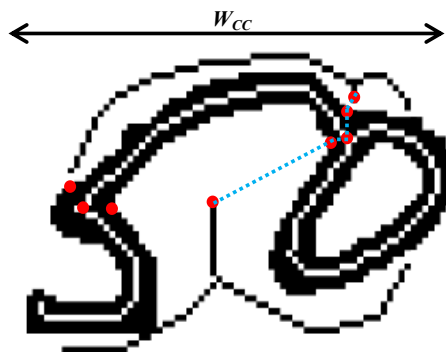


Fig. 6. Construction du chemin de segmentation à partir des points caractéristiques PP, CP et SP.

La méthode proposée analyse toutes les relations possibles entre PP, SP et CP, et génère les chemins de segmentation possibles sur le CC. Par conséquent, trois hypothèses peuvent être considérées pour la construction d'un chemin de segmentation:

Hypothèse 1: si la distance entre la projection de PP (supérieure et inférieure) et CP (supérieure et inférieure) respecte l'équation (2), alors un chemin de segmentation verticale est construit entre ces deux (Fig.7 a).

Hypothèse 2: s'il y a une partie de squelette reliant les deux CPs (supérieure et inférieure) au lieu d'un seul SP, alors cette partie de squelette est utilisé comme une partie du chemin de segmentation verticale (Fig.7 b).

Hypothèse 3: si le CC ne contient pas de SP, alors le chemin de segmentation verticale est construit entre les PPs et les CPs les plus proches (Fig.7 c).

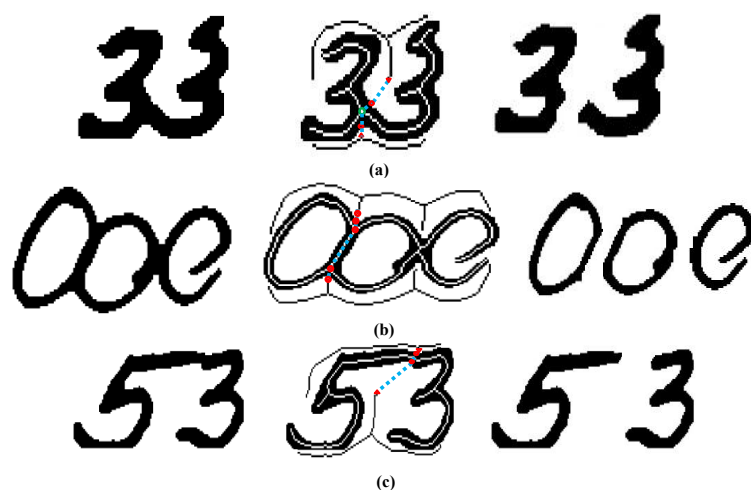


Fig. 7. Hypothèses de chemin de la segmentation. (a) Hypothèse 1. (b) Hypothèse 2. (c) Hypothèse 3.

2.4 Evaluation de la segmentation

Après la génération de tous les chemins de segmentation, chacun d'eux divise un CC en deux nouveaux composants candidats DC (gauche et droite). Afin d'évaluer notre méthode de segmentation et pour obtenir des résultats plus précis, chaque chemin candidat est évalué individuellement sur la base de leurs points caractéristiques et leur hauteur, en vérifiant les deux contraintes suivantes:

- *Contrainte 1* : si un composant candidat DC se trouve à l'intérieur de deux possibles chemins de segmentation avec les mêmes points PP de début et fin, alors ce DC est ignoré et l'un de leurs chemins de segmentation est rejeté.
- *Contrainte 2* : Si la hauteur d'un DC est inférieure à 20% de la hauteur H de l'image, alors ce DC est ignoré et l'un de leurs chemins de segmentation est rejeté.

3 Résultats Expérimentaux

Comme l'objectif principal de notre travail est la segmentation des chiffres connectés, nous évaluons notre méthode sur des images de chaînes numériques obtenues à partir de la base de données NIST SD19 [13]. Nous avons extrait 3000 images de chaînes numériques et nous avons effectué quelques expériences sur ces images. Toutes ces images contiennent des paires de chiffres connectés.

Après avoir terminé le processus de segmentation, nous avons effectué une analyse visuelle sur chaque résultat obtenu. La figure 8 illustre certains des résultats de notre méthode de segmentation. Cette dernière donne des résultats très prometteurs dans laquelle il est permis à segmenter 93,18% des cas. Dans chacun de ces cas, la segmentation produit un ensemble de chemins de segmentation (fig.8 a et b) et le chemin correct est toujours situé dans cet ensemble. Nous avons vérifié aussi que dans 86,4% des cas, la segmentation produit exactement un seul chemin de segmentation, qui est le chemin correct (fig.8 c et d). Les 3,1% des cas sont considérés comme des cas d'erreur, parce qu'ils ne produisent pas le chemin correct de segmentation (fig.8 e et f). Les 3,7% des cas sont considérés comme des cas de rejet, parce qu'ils ne produisent aucun chemin de segmentation (fig.8 g et h). Les problématiques liés à la segmentation comme les défauts d'encrage, la variabilité des styles d'écriture; ou bien le chevauchement entre les chiffres sont les principales raisons pour l'augmentation des cas d'erreur ou de rejet.

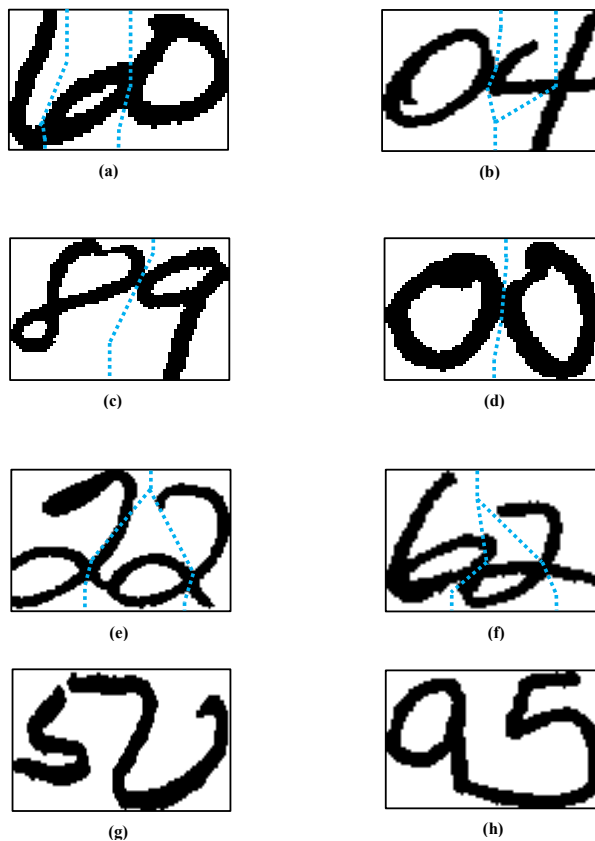


Fig. 8. Certains résultats de la méthode de segmentation. (a) et (b) cas de segmentation correcte. (c) et (d) cas de segmentation exacte. (e) et (f) cas d'erreur. (g) et (h) cas de rejet.

Pour valider cette approche, une comparaison est faite avec d'autres travaux plus récents sur la base de données correspondante.

Table 1. Comparaison avec d'autres Approches.

Approches	Ensemble de Données	Taux de Reconnaissance (%)
[14]	50,000	92.5
[15]	1000	93.77
Notre Approche	3000	93.18

Le tableau 1 montre que notre approche présente un taux de reconnaissance satisfaisant (93,18 %) par rapport aux autres travaux.

4 Conclusion et Travaux Futurs

Dans ce papier, nous avons présenté une nouvelle méthode pour la segmentation des deux chiffres manuscrits connectés. Une nouvelle technique est basée sur deux types de caractéristiques structurales. L'une de ses caractéristiques est extrait dû l'arrière-plan de l'image, et l'autre du premier plan de l'image. La méthode propose un processus de liaison entre les points caractéristiques sur la base de quelques règles, et a l'avantage de fournir une segmentation correcte dans la plupart des cas. Les premiers résultats obtenus sont encourageants, avec un pourcentage faible d'erreur et de rejet.

Pour les travaux futurs, nous essayons de compléter le système en ajoutant un module de reconnaissance pour classer les multiples hypothèses de segmentation produites. Nous prévoyons aussi de développer un système plus général pour gérer les caractères touchants de trois ou plusieurs chiffres.

References

1. Ayyappan, S.: Off-line handwritten character recognition using Hidden Markov Model. In: *Advances in Computing, Communications and Informatics (ICACCI, 2014 International Conference on* (pp. 518--523). IEEE (2014).
2. Lacerda, E. B., Mello, C. A.: Segmentation of connected handwritten digits using Self-Organizing Maps. *Expert Systems with Applications*, 40(15), 5867--5877 (2013).
3. Fujisawa, H., Nakano, Y., Kurino, K.: Segmentation Methods for Character Recognition: From Segmentation to Document Structure Analysis. *Proceedings of the IEEE*, vol 80, n°7, pp 1079-1091, pp. 21-- 28 (1996).
4. Oliveira, L.E.S.D., Sabourin, R., Bortolozzi, F., Suen, C.Y.: Automatic Recognition of Handwritten Numerical Strings: A Recognition and Verification Strategy. *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, pp.1438--1454 (2002).

5. Kulkarni, R. V., Vasambekar, P. N.: An overview of segmentation techniques for handwritten connected digits. Signal and Image Processing (ICSIP), 2010 International Conference on. IEEE, 2010.
6. Ribas, F. C., Oliveira, L. S., Britto Jr, A. S., Sabourin, R.: Handwritten digit segmentation: a comparative study. International Journal on Document Analysis and Recognition (IJ DAR), 16(2), 127--137 (2013).
7. Cheriet, M., Huang, Y.S., Suen, C.Y.: Background Region Based Algorithm for the Segmentation of Connected Digits," Proc. Int. Conf. Pattern Recognition, pp. 619--622 (1992).
8. Pal, U., Belaid, A., Choisy, C.: Touching numeral segmentation using water reservoir concept. Pattern Recognition Letters, 24(1), 261--272 (2003).
9. Chi, Z., Suters, M., Yan, H.: Separation of Single-and Double Touching Handwritten Numeral Strings," Optical Eng., vol. 34, pp. 1,159-1,165 (1995).
10. Gattal, A., Chibani, Y.: Segmentation and recognition strategy of handwritten connected digits based on the oriented sliding window. Frontiers in Handwriting Recognition (ICFHR), 2012 International Conference on. IEEE, 2012.
11. Oliveira, L. S., Lethelier, E., Bortolozzi, F., Sabourin, R.: A new approach to segment handwritten digits. In Proc. 7th IWFHR (pp. 577--582) (2000, September).
12. Sadri, J., Suen, C. Y., Bui, T. D.: Automatic segmentation of unconstrained handwritten numeral strings. In Frontiers in Handwriting Recognition, 2004. IWFHR-9 2004. Ninth International Workshop on (pp. 317--322). IEEE (2004, October).
13. Grother. P.J.: NIST Special Database 19; Handprinted Forms and Characters Database. National Institute of Standards and Technology, NIST (1995).
14. KIM, Kye Kyung, KIM, Jin Ho, SUEN, Ching Y.: Segmentation-based recognition of handwritten touching pairs of digits using structural features. Pattern Recognition Letters, vol. 23, no 1, p. 13—24 (2002).
15. Ciresan, D.: Avoiding segmentation in multi-digit numeral string recognition by combining single and two-digit classifiers trained without negative examples. In: Symbolic and Numeric Algorithms for Scientific Computing, 2008. SYNASC'08. 10th International Symposium on (pp. 225--230). IEEE (2008, September).

Optimisation II

Optimal control of parabolic PDE by a combined Adomian/Alienor model

Nadia Amel Messaoudi¹, Salah Manseur², Mustapha Blidia³.
Department of mathematics, Lamda Ro laboratory. Scientifics faculty.
University of Blida, B. P 270 Soumaa Blida, Algeries.
¹*namessaoudi@yahoo.fr*, ²*smanseur@yahoo.fr*,
³*mblidia@yahoo.fr*

Abstract

This article presents a solution to the optimal control problem governed by linear parabolic differential equation (PDE), generally solved by direct numerical method. The optimal control problem is approached by optimization under constraints. To solve this problem, two combined mathematical methods are used, the Adomian decomposition method and the Alienor method. Firstly, the Adomian method, express solution as convergence series, explicitly dependents on controls and requires no discretization in space and in time, contrary to numerical methods. Secondly, the Alienor method reduces the problem of minimization of a function with several variables to a function with one variable, contrariwise the iterative optimization methods require initialization of the initial vector. An application of this Adomian / Alienor combined model to solve the PDE is performed and results are compared with those obtained by Adomian/Levenberg-Marquardt method.

Keywords : Optimal control; PDE; Adomian/Alienor model; numerical method.

1 Introduction

The most phenomena in real world (physics, mechanics, biology, economics and finance) are described through mathematical models in a form of Partial Differential Equations (PDEs).

It is often a matter of studying the possibility of acting on the system in order to determine the way it operates best in a desired goal, otherwise stabilising is to make it insensitive under some disturbances. This is the subject of control theory. For examples, in pharmacokinetics, such an optimal control problem consists to identify the optimal therapy. In biology, the optimal control can be applied to concrete real cases studies such as control the growth of some populations (cancer cells, bacteria, viruses... etc.) using chemical treatments, so cancer chemotherapy, the objective is minimizing the number of cancer cells with an optimal therapeutic doses.

The problem of optimal control systems governed by partial differential equations (PDE) has been extensively studied in the literature (see [7],[6],[4]). J.Lions [4] have given the methods to solve the optimal control problem of systems governed by PDE.

In [10] is presented two numerical methods for solving the optimal control problem, the direct and indirect methods. The direct methods consist of discretising the state variable and control, after it approximating the optimal control problem to an optimization problem. The indirect methods involve to solve the problem numerically using a shooting method and the problem of boundary values is obtained by applying the maximum principle.

The presented work proposes to use a direct method to compute the optimal control of a system governed by a linear parabolic PDE. By using controls in a finite dimensional space (piecewise constant functions), through the Adomian decomposition method (ADM) to solve equation combined with the Alienor method to resolve the problem optimisation.

In ([2],[11],[8]), the ADM was used to solve the linear and nonlinear systems (differential, partial, algebraic, integral ,...etc.), where the solution is an analytical function, given as, an explicitly series forms dependently on the parameters. This method based on the decomposition of the nonlinear part of the system, using special polynomials called Adomian polynomials which are calculated by recursive formulas ([2]). The solution of the parabolic PDE given as small intervals of time, and the optimal control reduces to a minimized problem, of "n" variables. While the Alienor method ([2],[14],[9]) reduces the n variables function into a one variable function, based on reduced transformation to construct the densities curves of \mathbb{R}^n space. Therefore, the combination of these two methods can transform the optimal control problem of a system governed by PDE to a minimization problem of a function at single variable.

This article is organised as follows, in the second section we present the formulation of optimal problem governed by a parabolic PDE. We developed in section 3, the mathematical methods : ADM and Alienor. Then, we show how the optimal control problem of parabolic PDE is reduced to a classical constrained optimisation problem of one variable problem by using the combined method Adomian/Alienor. Section 4 presents a numerical method for solving the optimal control problem governed by a parabolic equation. An application of problem to a parabolic PDE is given in section 5 and we conclude with a comparative study of the results.

2 Problem statement

Consider the linear parabolic equation with a control parameter q [12] :

$$\frac{\partial V}{\partial t} = \alpha \frac{\partial^2 V}{\partial x^2} + qV \quad \text{in } (x, t) \in \Omega \times]0, T[\quad (1)$$

$$V(x, 0) = f(x), \quad x \in \Omega \quad (2)$$

$$V(x, t) = 0 \quad , \quad x \in \partial\Omega, \quad t > 0 \quad (3)$$

Where :

Ω : is a bounded domain of \mathbb{R}^n ($n=1,2,3$),

$V(x, t)$ is a state function,

α is a non-null coefficient,

f is a strictly positive function on Ω ,

$q(t)$ is a function of control.

The problem (1)-(2)-(3) has a positive non-null solution [5].

Often, these equations appear in different real phenomena, like a substance diffusing in chemistry, water pollution (river, layerphrenic,...) studies. Also, the dynamics of gas in man's and animal's breathing process in biology [2]...etc.

For example, in biology the control $q(t)$ is a therapeutic drug to affect a tumour during interval $[0, T]$, where T is set a priori. In this phenomenon, the optimal control problem can be reformulated as follow:

We seek out the control $q(t)$ solution of :

$$\underset{q \in Q}{Min} \int_w \int_0^T g(V(x, t), q(t)) dx ds \quad (4)$$

where g and T are known, w is a subdomain of Ω .

The set of feasible controls Q may be a space or a closed convex sub set.

$V(x, t, q)$ denote the solution with a parameter q of the system (1)-(2)-(3).

It can assume that $q(t)$ is bounded and satisfies :

$$a \leq q(t) \leq b \quad (5)$$

Where $a, b \in \mathbb{R}^+$.

3 Mathematical methods

3.1 Adomian decomposition method

This method is used to solve linear and nonlinear functional equations of different kinds : differential, boundary value problem, integrals, algebraic, etc ...

Consider the following functional equation [2]:

$$x - \mathbf{N}(x) = g \quad (6)$$

where \mathbf{N} represents a non-linear operator (differential, boundary value problem, integral, ...), g a known function and x is the solution of (6).

The Adomian method develops the solution x (if it exists) in a form series :

$$x = \sum_{i=0}^{\infty} x_i \quad (7)$$

and to decompose the non-linear operator $\mathbf{N}(x)$ in serie :

$$\mathbf{N}(x) = \sum_{i=0}^{\infty} A_i(x_0, x_1, \dots, x_i) \quad (8)$$

where A_i are the Adomian polynomials dependent on x_0, x_1, \dots, x_i (see [2]). It is assumed that these two series are convergent.

Put expressions (7) and (8) in (6), we give :

$$\sum_{i=0}^{\infty} x_i - \sum_{i=0}^{\infty} A_i = g \quad (9)$$

By identifying the two sides of equation (9) yields :

$$\begin{aligned} x_0 &= g \\ x_1 &= A_0(x_0) \\ x_2 &= A_1(x_0, x_1) \\ &\vdots \\ x_{i+1} &= A_i(x_0, \dots, x_i) \end{aligned} \quad (10)$$

We can easily calculates the series terms of the serie x_i of our solution, just know the polynomials Adomian. Y.Cherruault and K.Abbaoui have proven that the series $\sum x_i$ converge if the non-linear operator \mathbf{N} satisfies certain conditions (see [2]). Adomian polynomials exist and the series $\sum A_i$ converges ([2]), practical formulas for these polynomials are proposed (see [2], [3]).

3.2 Alienor method

The multidimensional Alienor global optimization method has been elaborated in the 1980s by Cherruault and Guillez ([1],[3]). The Alienor method is based on the idea of reducing a several variables minimization problem to a single variable minimization problem allowing the use of well-known powerful methods and techniques available in the case of a single variable.

The basic idea of this method is the densification of space \mathbb{R}^n by so-called α -denses curves.

Let us first recall a definition.

DEFINITION: A curve defined by :
$$h : [0, M] \rightarrow \prod_{i=1}^n [a_i, b_i]$$

is called α -dense in $\prod_{i=1}^n [a_i, b_i]$, if for any $w \in \prod_{i=1}^n [a_i, b_i]$ there exists $\theta \in [0, M]$ ($M > 0$), such that :

$$d(w, h(\theta)) \leq \alpha \tag{11}$$

where d is the Euclidean distance in \mathbb{R}^n . The number α is strictly positive and assumed very small compared to the dimensions of the hyperrectangle $\prod_{i=1}^n [a_i, b_i]$.

The Alienor reducing transformation method can be summarized as follows. It is asked for solving the global minimization problem :

$$\underset{x_1, x_2, \dots, x_n}{Min} J(x_1, x_2, \dots, x_n) \tag{12}$$

where J is continuous function on \mathbb{R}^n .

We seek out the global minimum of J , such that it satisfy the following condition :

$$\lim_{x_1^2 + \dots + x_n^2 \rightarrow \infty} J(x_1, \dots, x_n) = +\infty \tag{13}$$

Expressing the variables $x_i, i = 1, \dots, n$ as follows :

$$x_i = h_i(\theta) \quad \theta \geq 0, i = 1, \dots, n \tag{14}$$

where $h_i(\theta) \in C^\infty$ are the functions called reducing transformation, such that a parameterized curve $h(\theta) = (h_1(\theta), \dots, h_n(\theta))$ is α -dense in $\prod_{i=1}^n [a_i, b_i]$, for $\theta \in [0, \theta_{max}]$, where θ_{max} is the supremum of the definition domain of the function h when it α -densities the hyperrectangle.

The minimization problem (12) is then approximated by the problem :

$$\underset{\theta \in [0, \theta_{max}]}{Min} J^*(\theta) \tag{15}$$

where $J^*(\theta) = J(h_1(\theta), h_2(\theta), \dots, h_n(\theta))$.

In the basic method, the unidimensional minimization problem (15) is solved by discretizing the interval $[0, \theta_{max}]$ via a chosen step $\Delta\theta$. Then we look for the minimum of the finite set $\{J^*(\theta_k), k = 0, 1, \dots, N\}$ where $\theta_0, \theta_1, \dots, \theta_N$ are the discretized points. Obviously, the densification parameter α and the step $\Delta\theta$ are chosen such that the global minimum is obtained with the desired accuracy ε [15].

Y.Cherruault in 1999 [3], has proved that any solution of (15) is an approximation of the solution of (12).

It is possible to have the global minimum of a functional of single variable by the Optimisation Preserving Operators [9] (O.P.O) in order to avoid finding the local minima and to interest only on the global minimum.

4 Numerical method of optimal control

A numeric direct method ([10]) is presented in two stages to solve the optimal control problem governed by a linear parabolic PDE. The first step consists of transforming the optimal control into a constrained optimisation problem. In the second stage, we solve this problem by an appropriate method.

The aim of this presented work is to combine two methods : ADM and Alienor, allows to reduce the multidimensional minimisation problem depending explicitey on the controls to unidimensional minimization problem.

The procedure is as follows :

Recall that, it is possible to determine the optimal control $q(t)$ minimizing the following criteria :

$$\underset{q \in Q}{\text{Min}} \int_0^T \int_w g(V(x, t), q(t)) dx ds \quad (16)$$

where $V(t)$ and $q(t)$ satisfy the following PDE :

$$\begin{cases} \frac{\partial V(x,t)}{\partial t} = \alpha \frac{\partial^2 V(x,t)}{\partial x^2} + qV(x, t) \text{ dans } \Omega \times]0, T[\\ V(x, 0) = f(x) \text{ , } x \in \Omega \end{cases} \quad (17)$$

We subdivide the interval $[0, T]$ on time subintervals of uniform size Δt . Given a parameter N ($N > 0$), we set

$$\Delta t = \frac{T}{N}$$

and we denote by $t_k = k.\Delta t$ for $k = 0, \dots, N$.

The direct method consists of choosing the controls in a finite dimension space, for example piecewise constants controls.

The control $q(t)$ is approximated by piecewise constants values on each interval $[t_k, t_{k+1}]$:

$$q(t) = q_k, \quad t \in [t_k, t_{k+1}] \text{ and } k = 0, \dots, N - 1 \quad (18)$$

$q(t)$ is a feasible control satisfying the following constraint :

$$a \leq q(t) \leq b \quad (19)$$

For q_k verifying (19), we get :

$$a \leq q_k \leq b, \quad \text{for } k = 0, \dots, N - 1 \quad (20)$$

We use the ADM on each sub-interval $[t_k, t_{k+1}]$ to solve the equation (17). By substituting $q(t)$ by the formulae (19) and integrating (17) between t_k and t_{k+1} , we obtain the terms of solution :

$$\begin{aligned} V_n(x, t, q_0, \dots, q_k) &= \sum_{p=0}^n C_n^p \alpha^{n-p} q_k (L_t^{-1})^n (L_{xx})^{(n-p)} V(x, t_k) \\ &= (L_t^{-1})^n (\alpha L_{xx} + q_k)^n V(x, t_k) \end{aligned} \quad (21)$$

where $V(x, t_0) = f(x)$, $V(x, t_k)$ depends of controls q_0, q_1, \dots, q_{k-1} and

$$(L_t^{-1})^n = \int_{t_k}^t \dots \int_0^r \int_0^\tau (\cdot) ds d\tau \dots dr \quad \text{is the } n \text{ th integration.}$$

The truncated Adomian series in interval $[t_k, t_{k+1}]$ is given as follows :

$$V^{(k)}(x, t, q) = \sum_{n=0}^s V_n(x, t, q_0, \dots, q_k,) = \sum_{n=0}^s \frac{(t - t_k)^n}{n!} (\alpha L_{xx} + q_k)^n V(x, t_k, q_0, q_1, \dots, q_k) \quad (22)$$

This solution explicitly depends on q_0, q_1, \dots, q_k .

The requirements reattachment of the solution given by the Adomian method are needed to proceed at the next step, so the first term of the Adomian solution is calculated as follows :

$$V_0(x, t = t_k) = V^{(k)}(x, t = t_k) \quad (23)$$

Substitute (22) in the objective function (16), leads to the following approximation :

$$J \approx \sum_{k=0}^{N-1} g_k(q_0, q_1, \dots, q_k) \quad (24)$$

where $g_k(q_0, q_1, \dots, q_k) = \int_w \int_{t_k}^{t_{k+1}} g(V^k(x, s, q_0, q_1, \dots, q_k)) ds dx$, with $N.k = T$

The optimal control is therefore approximated by :

$$\min_{q_0, q_1, \dots, q_{N-1}} J \approx \min_{q_0, q_1, \dots, q_{N-1}} \sum_{k=0}^{N-1} g_k(q_0, q_1, \dots, q_k) \quad (25)$$

$$a \leq q_k \leq b, \quad k = 0, \dots, N - 1. \quad (26)$$

It is a minimisation problem with N unknowns variables on $[a, b]$. These variables can be reduced by Alienor (or variants) with a single variable θ . The Alienor transformations are defined for parameters of control as follows :

$$q_k = h_k(\theta), \quad k = 0, \dots, N - 1 \quad (27)$$

The transformation $h_j(\theta)$ is chosen such that it densify the space \mathbb{R}^N .

Substituting (27) into the function (25), the global minimum problem of the problem (25) is approached by a minimization problem of a function with one variable :

$$\underset{\theta}{\text{Min}} J^*(\theta) \quad (28)$$

where : $J^*(\theta) = \sum_{k=0}^{N-1} g_k(h_0(\theta), \dots, h_{N-1}(\theta))$

The function $J^*(\theta)$ is a continuous function on a compact, it has at least a minimum in $[0, \theta_{\max}]$.

5 Application to the parabolic equation

5.1 Problem statement

Consider the following linear parabolic PDE [12]:

$$\frac{\partial V(x, t)}{\partial t} = \alpha \frac{\partial^2 V(x, t)}{\partial x^2} + qV(x, t), \quad (x, t) \in]0, 1[\times]0, T[\quad (29)$$

$$V(x, 0) = f(x), \quad x \in]0, 1[\quad (30)$$

$$V(0, t) = 0, \quad t > 0 \quad (31)$$

where $V(x, t)$ is the concentration of a chemical substance that flows in the blood of a human organ (liver, kidney, lung, ...) of length 1. The unknown control variable $q(t)$ of the equation (29) is a therapeutic drug. Assume that the state equation has a positive single solution [5].

We seek the optimal drug therapeutic $q(t)$ minimizing the objective function :

$$J = \int_0^T (V(x^*, t) - d)^2 dt \quad (32)$$

where $0 \leq q(t) \leq 1$

Where d is a given positive constant and f is a given positive function and continuous on $[0, 1]$. For a given " d "; the method consists of finding a control function $q(t)$ so that the concentration $V(x, t)$ of a chemical substance remains close to the value " d " during $[0, T]$ at the point x^* .

In therapy, $q(t) = 1$ designe the maximum dose which can create undesirable side effects on the human organism, however the low doses ($q(t) \approx 0$) will have no effect on the disease. Hence the need to seek optimal therapy, to maintain an acceptable level of concentration of the chemical in the blood while avoiding side effects.

5.2 Numericals results and discussion

We seek out to determine the control function $q(t)$ minimizing the criterion (32). The constants are fixed : $d = 1$, $\alpha = 0.015$, $T = 1$, $x^* = 0.5$. The initial condition is given by : $f(x) = x$, $0 < x < 1$.

We subdivise the interval of time $[0, 1]$ on $N = 5$, the control $q(t)$ is approximate in the PDE (29) by the constants q_k satisfy :

$$0 \leq q_k \leq 1, \quad k = 0, \dots, 4.$$

This PDE is solved by the ADM on all interval $[0, T]$.The truncated solution at order 2, depends explicetely by q_0, q_1, \dots, q_4 and the time variable t . This solution is presented in the function (32), consequently :

$$\min_{q_0, q_1, \dots, q_4} J = \min_{q_0, q_1, \dots, q_4} \sum_{k=0}^4 \int_{t_k}^{t_{k+1}} (V(x^*, q_0, q_1, \dots, q_k, z) - d)^2 dz \quad (33)$$

$$\text{Such that} \quad : \quad 0 \leq q_k \leq 1, \quad k = 0, \dots, 4. \quad (34)$$

This one is minimized by the Alienor method with the transformation :

$$\begin{aligned} q_0 &= \theta \\ q_k &= (1 - \sin(2^k \theta)) , \quad k = 1, \dots, 4 \end{aligned}$$

- The numericals results

A similar study to this work was realised by Messaoudi and Manseur ([13]) to determinine the optimal control of linear parabolic PDE, by minimizing 5 times an objective function at a single variable " q_k ", over each time interval $[t_k, t_{k+1}]_{k=0, \dots, 4}$.

The table1 present a comparaison of results obtained by the combined Adomian/Alienor method, Messaoudi and Manseur (see [13]) with thoses of Levenberg-Marquardt for a initial values of solution $[0.8, 0.5, 0.8, 0.7, 0.01]$:

Table 1. Values constantes of control and the objectif fonction.

q_0	q_1	q_2	q_3	q_4	Valeur de J	Methods
0.9	0.795	0.976	0.789	0.028	0.0782	Adomian/Alienor
1	1	1	0.714	0	0.069	Method of [13]
1	1	1	0.65	0	0.068	Adomian/ Levenberg-Marquardt

The control is approached by constants and substitute in the solutions of the linear parabolic PDE to compare them with the solutions in the case where control is maximum $q(t) = 1$. The superposition curves of PDE solutions $V(x, t, q)$ obtained by Adomian / Alienor method (Black color), Adomian / Levenberg-Marquardt (in Red) and Messaoudi and Manseur [13](in green) with the maximum dose ($q = 1$, blue points) at position x^* is shown in Figure 1. From this figure, we note that the optimal state $V(x, t, q_{opt})$ at the position x^* is maintained around the desired value " $d = 1$ ".

The curve of the optimum control values obtained by the three methods for a time step equal to $\Delta t = 0.2$ is shown in Figure 2.

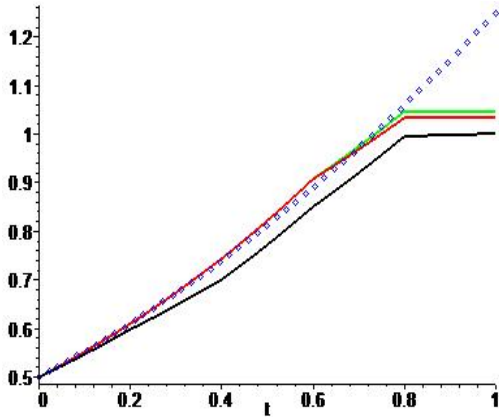


Fig1: Superposition of solutions curves $V(x, t, q^*)$ at point $x^* = 0.5$

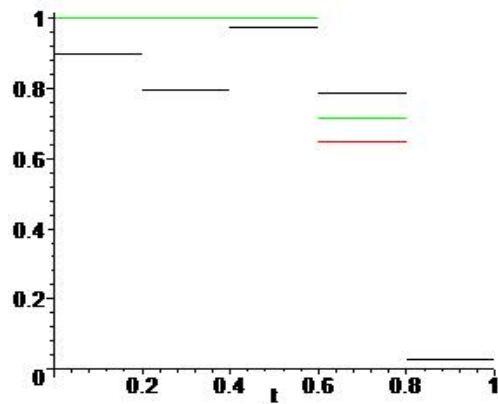


Fig 2 : Function of optimal controls

Discussion

We have used two optimization methods : Alienor and Levenberg-Marquardt for finding the optimal control.

From the results shown in Table 1, it is found that the value of J given by Levenberg-Marquardt after 9 iterations is minimum and the control values are close to those obtained by Alienor.

The Levenberg-Marquardt method depends on the choice of initial values of the control. When this choice is arbitrary, this method does not yield good results. If the starting values are well chosen, it makes a small number of iterations, since a large number of iterations we

risk to diverge from the optimal solution. Then chooses the number of iterations according to the value of J to be minimal. All these drawbacks do not exist in the Alienor method.

Our method is efficient than given by approach of [13], because we seek out the global minimum on the all interval $[0, T]$, however the approach of [13] gives a global minimum on each sub interval of time $[t_k, t_{k+1}]$.

Both approaches have achieved the desired objective. Now it's the therapist to choose patient treatment. If he wants to give treatment on a period prescribed by the doctor, he chose our methodology. Or calculate the optimum dose before each take of treatment, knowing the previous dose, up to the completion of the treatment period, which corresponds to the approach [13].

6 Conclusion

The optimal control problem of linear parabolic PDEs was investigated, using a methodology based on the combination of Adomian and Alienor methods. The method Adomian can express the solution of the equation in the form of convergent series explicitly dependent on the controls and that it requires no discretization in space and time relative to the finite difference and elements finite numericals methods. Alienor method reduces the problem of minimization of several variables function with a problem of minimization of a single variable function. The combination of these two methods can reduce the linear parabolic PDE control problem to an optimization problem of a single variable function.

An application to the problem of optimal therapy governed by parabolic PDE is carry out and compared with other methods and the results obtained are satisfying. According to the physical condition of a patient, we can determine the corresponding optimal treatment.

References

- [1] Cherruault, Y. *Global optimization in biology and medicine*, Mathl, Comput Modelling, Vol. 18, No 6, (1994)119-132.
- [2] Cherruault, Y. *Modèles et méthodes mathématiques pour les sciences du vivant*. Presses Universitaires de France (P.U.F), Paris, (1998).
- [3] Cherruault, Y. *Optimisation, méthodes locales et globales*. Presses Universitaires de France (P.U.F), Paris. (1999).
- [4] Lions, J.L. *Contrôle optimal des systèmes gouvernés par des équations aux dérivées partielles*. Edition Dunod , Paris, (1968).
- [5] Jedrzejewski, F. *Introduction aux méthodes numériques*. Springer-Verlag France, Paris, (2005).

- [6] Joshi, H, R. *Optimal control of the convective velocity coefficient in parabolic problem.* Elsevier, Non linear Analysis, Vol. 63 , (2005) 1383-1390.
- [7] Mampassi, B. Cherruault, Y. Konfe, B. Benneouala, T. *New challenges for computing optimal control of distributed parameter systems.* Kybernetes, Vol.34, No 7/8 (2005).
- [8] Manseur, S. Messaoudi, N. Cherruault, Y. *Parameter Identification of an HIV Model by the combined Adomian/Alienor method.* Kybernetes, Vol. 35, No 10, (2006).
- [9] Mora, G., Cherruault, Y., Benabidallah, A. *Global optimisation-preserving operators,* Kybernetes, Vol. 32, No. 9/10, (2003). 1473-1480.
- [10] Trélat, E. *Contrôle optimal : théorie et applications.* Edition Vuibert, (2005).
- [11] Ngarhasta, N. Some, B. Abbaoui, K. Cherruault, Y. *New numerical study of Adomian method applied to a diffusion model .* Kybernetes , Vol. 31, No. 1, (2002), 61-75.
- [12] Pamuk, S. *An application for linear and nonlinear heat equations by Adomian's decomposition method.* Applied Mathematics and Computation, Vol 163, (2005), 89-96.
- [13] Messaoudi N, A. Manseur, S. *Optimal control of the parabolic linear partial differential equation by Adomian decomposition method.* Colloque sur l'Optimisation et les Systèmes d'Information COSI'2014, 8-10 Juin 2014, Béjaia, Algérie.
- [14] Mora, G., Cherruault, Y., & Ziadi, A. *Functional equations generating space-densifying curves,* Comput. and Maths .With applications, Vol.39, (2000). 45-55.
- [15] Ziadi, A, Y. Cherruault. *Generation of a-dense curves and application to global optimization,* Kybernetes , Vol. 29, No. 1/2, (2000), 71-82.

Optimisation de la communication multicast par équilibrage de charge

Saïd Fourour¹ and Yahia Lebbah²

Laboratoire LITIO, Université d'Oran 1, Algérie

¹saidfour@yahoo.fr, ²ylebbah@gmail.com

Résumé Nous proposons dans cet article une approche basée sur l'optimisation multicritère pour appréhender la problématique d'équilibrage de charge de la communication multicast. La communication multicast dans les réseaux de communication est caractérisée par la multiplicité des flux qui définissent différents groupes d'une part, et la multiplicité des sources pour chaque flux. Une communication multicast a tendance à inonder le réseau avec un nombre important de flux qui peut surcharger des nœuds du réseau et décharger d'autres nœuds. Ce déséquilibre dans la répartition de la charge dégradera les performances du réseau et peut provoquer des goulots d'étranglement autour des nœuds surchargés. Nous faisons appel à la méthode d'optimisation multicritère OWA afin d'équilibrer le degré des nœuds, assurant ainsi une répartition équilibrée de la charge sur l'ensemble du réseau. Les expérimentations menées sur une série de réseaux montrent que notre approche affecte une charge plus équitable.

1 Introduction

Depuis l'apparition des premières applications sur internet impliquant plusieurs destinataires, la notion de groupes de communications s'est imposée, rendant inappropriés les protocoles standards, dits unicast, de routage qui construisent un chemin optimal de communication entre deux points du réseau. Ce nouveau mode de communication est dit multicast [1]. La notion d'arbre ou de forêt de distribution multicast optimal a remplacé la notion de chemin optimal. C'est la première difficulté à résoudre. En effet, on ne connaît pas d'algorithmes polynomiaux qui permettent de trouver un arbre partiel minimal (au sens d'une certaine métrique) dans un graphe. Par ailleurs les modèles de qualité de service conçus initialement, tels que *Int-serv* et *Diff-serv* ne gèrent pas les ressources pour la qualité de service que sur des routeurs qui définissent un chemin entre deux points. Une autre difficulté consiste en la multiplicité des flux qui définissent différents groupes multicast d'une part et la multiplicité des sources pour chaque flux. Il s'avère dans la littérature que tous ces problèmes ont fait l'objet de nombreuses études [3].

Un des problèmes majeures posés par les communications multicast est la tendance à inonder le réseau avec un nombre important de flux qui peut surcharger des nœuds du réseau et décharger d'autres nœuds. Ce déséquilibre dégradera

nécessairement les performances du réseau et provoquera inmanquablement des goulots d'étranglement autour des nœuds surchargés. Nous modélisons ce problème comme un problème d'optimisation combinatoire multicritère multiagent en associant à chaque nœud source le critère de minimisation du nombre de liens consommés. L'objectif étant de trouver une couverture multicast du réseau qui affectera une charge équitable entre les différentes sources du réseau. Nous avons exploité le modèle PLNE (Programmation Linéaire en Nombres Entiers) proposé par [2] où nous devons intégrer les critères d'équité assurant l'équilibre de la charge sur les nœuds sources du réseau. En effet, nous devons opter pour une méthode qui doit garantir à la fois l'efficacité de la solution (solution Pareto optimale) et l'équité entre les agents que sont les nœuds sources (équilibre entre les critères). La somme pondérée qui est une méthode d'agrégation classique garantit l'efficacité de la solution pour peu que les pondérations choisies soient positives, mais cela est insuffisant. Nous avons, alors, fait appel à la méthode d'optimisation multicritère OWA dont le principe est de pondérer les critères relativement à leur rang dans un tri préalable. En adoptant des poids (pondérations) strictement décroissants et quand les différences entre ceux-ci sont très grandes l'équité entre les critères est atteinte. Les expérimentations menées sur une série de réseaux montrent que notre approche offre une charge plus équitable entre les sources.

La section 2 introduit le modèle PLNE de la problématique de la diffusion multicast. La section 3 introduit les notions de base de l'optimisation multicritère en détaillant la méthode OWA et les propriétés d'équité. Dans la section 4, nous introduisons notre démarche d'équilibrage de charge dans la communication multicast, tout en l'illustrant à travers un exemple. La section 5 détaille nos résultats expérimentaux. Finalement, la section 6 conclut ce papier en dressant des perspectives.

2 Un modèle linéaire de la communication multicast

La diffusion multicast est une méthode de routage efficace de flux d'information d'une ou plusieurs sources vers plusieurs destinations. Une source peut transmettre simultanément une même copie de ses données vers un groupe identifié (groupe multicast) de récepteurs. L'efficacité réside dans la conservation de la bande passante et l'acheminement des flux en un temps minimal. En effet, en unicast, chacun des destinataires fera l'objet d'un envoi indépendant à partir de la source. En Broadcast on envoie une diffusion générale, y compris vers les parties du réseau non concernées. Par contre, en multicast, un seul paquet est envoyé et dupliqué uniquement sur les branches qui contiennent des destinataires. Le problème sous-jacent à cette méthode de communication est la construction de l'arbre reliant les nœuds constituant le groupe multicast (la source et les destinataires). L'une des techniques qui permet de résoudre ce problème consiste à trouver, dans un graphe, un arbre couvrant partiel minimal, dit problème de Steiner [6], qui est un problème NP-complet. Plusieurs approches de résolution de ce problème ont été envisagées : des approches exactes (relaxation linéaire,

branch and bound, approches par énumération, ...) et des heuristiques. Pour plus de détails sur ce sujet, voir [2]. La technique de routage basée sur la construction de l'arbre de Steiner a vite montré ses limites avec l'apparition de nouvelles applications sur Internet telles que la téléconférence, l'enseignement à distance, les applications coopératives, jeux en réseau, diffusion de la radio et de la télévision, etc., pour les raisons suivantes :

- Difficulté de passage à l'échelle, car ces applications multicast peuvent impliquer plusieurs centaines, voire plusieurs milliers de routeurs dans le réseau.
- Les applications de type multicast sont multimédia (Data, Audio, Vidéo, etc.) et les flux les constituants ont des exigences en terme de qualité de service. L'arbre de Steiner tient compte d'une seule métrique, par conséquent, un seul critère de qualité de service.
- Un flux de données (ou une session) peut être fourni par plusieurs sources, il s'agirait, alors, d'une forêt plutôt qu'un arbre.
- Plusieurs sessions peuvent se dérouler en même temps et être en concurrence sur les ressources du réseau.
- Plusieurs groupes multicast peuvent être en concurrence sur l'ensemble des sessions.

Le problème posé est de délivrer plusieurs flux de données généralement multimédia à leurs destinations. Chacun de ces flux pouvant émaner de plusieurs sources et desservant plusieurs destinations, traversant le réseau en même temps (concurrence sur les ressources), exigeant chacun ses propres critères de qualité de service.

Pour prendre en charge tous ces aspects nous avons adopté le modèle PLNE (Programmation Linéaire en Nombres Entiers) proposé par [2] en intégrant plusieurs critères à optimiser afin d'équilibrer la charge sur l'ensemble du réseau. Nous modélisons le réseau de communication comme un graphe non orienté $G = (V, E, C)$ où $V = \{v_i | 1 \leq i \leq n\}$ est l'ensemble des nœuds, $E = \{e_j | 1 \leq j \leq m\}$ est l'ensemble des liaisons (arêtes) entre les nœuds, C est une fonction qui associe une capacité à chaque arête, qui représente la bande passante maximale sur cette liaison. Soit A_i l'ensemble des indices des voisins du nœud i . Nous associons à ce graphe r sessions $W = \{w_1, \dots, w_r\}$ d'indices $\{1, \dots, r\}$. Une session w_k représente une application multicast identifiée par ses paramètres (b_k, S_k, D_k) définis comme suit : b_k est la bande passante requise ; S_k est l'ensemble des indices des nœuds sources du k ème flux ; D_k est l'ensemble des indices des nœuds destinations du k ème flux.

Le problème consiste à trouver pour chaque session w_k une forêt F_k (i.e., ensemble d'arbres) à partir d'un sous-ensemble X_k de S_k , $X_k \subseteq S_k$, couvrant tous les nœuds de D_k . Les variables du problème sont données par $X_{i,i',k}$, avec $w_k \in W$, $i, i' \in 1..|V|$, où $X_{i,i',k}$ reflète la quantité du flux w_k entre le sommet i et i' . Les variables $F_{i,i',k}$ sont des variables booléennes redondantes définies comme suit : $F_{i,i',k} = 1$ si $X_{i,i',k} > 0$, sinon 0. La variable d_i calcule le nombre de liens actifs sortants du nœud source i . La quantité d_i reflète aussi la charge du réseau sur la source i . La contrainte (1) impose à ce que toutes les destinations

soient desservies :

$$\sum_{i \in S_k} \sum_{i' \in A_i} X_{i,i',k} = |D_k|, \quad k \in \{1, \dots, r\} \quad (1)$$

Un nœud destination consomme un seul flux.

$$\sum_{i' \in A_i} X_{i',i,k} - 1 = \sum_{i' \in A_i} X_{i,i',k}, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in D_k \quad (2)$$

La contrainte suivante exprime le fait qu'un nœud intermédiaire fait passer les flux sans en consommer.

$$\sum_{i' \in A_i} X_{i',i,k} = \sum_{i' \in A_i} X_{i,i',k}, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in \{1, \dots, n\}, i \notin S_k, i \notin D_k \quad (3)$$

Soient une session w_k et deux nœuds $i \in \{1, \dots, n\}$ et $i' \in A_i$; la variable $F_{i,i',k}$ est déduite de la variable $X_{i,i',k}$, avec la contrainte suivante :

$$X_{i,i',k} \leq C F_{i,i',k}, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in \{1, \dots, n\}, i' \in A_i \quad (4)$$

où C est une constante représentant le degré maximal du graphe.

Tout nœud v_i d'une session w_k , ne reçoit aucun flux de celle-ci :

$$\sum_{i' \in A_i} F_{i',i,k} = 0, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in S_k \quad (5)$$

Un nœud intermédiaire reçoit au plus un seul flux.

$$\sum_{i' \in A_i} F_{i',i,k} \leq 1, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in \{1, \dots, n\}, i \notin S_k \quad (6)$$

La contrainte suivante calcule le nombre de liens sortants actifs d_i de la source i :

$$d_i = \sum_{k \in \{1, \dots, r\}, i' \in A_i} F_{i,i',k}, \quad \forall i \in \cup_{k \in \{1, \dots, r\}} S_k \quad (7)$$

On peut montrer qu'une forêt multicast F_k d'une session w_k est l'ensemble des $|X_k|$ arbres $F_k = \{t_k^1, \dots, t_k^{|X_k|}\}$ satisfaisant :

1. Chaque arbre $t_k^i \in F_k$ est routé à partir d'une racine de X_k .
2. $\forall t_k^i, t_k^j \in F_k$ tels que $t_k^i \neq t_k^j$, ils ne partagent aucun lien et aucun nœud.
3. Chaque destinataire de D_k est dans exactement un arbre de la forêt F_k .

Le problème comporte plusieurs solutions (i.e., forêts). Nous nous intéressons aux forêts qui équilibrent la charge sur l'ensemble de toutes les sources, en minimisant le degré de chacune de celles-ci :

$$\text{Minimiser } d_i, \forall i \in \cup_{k \in \{1, \dots, r\}} S_k \quad (8)$$

La notion d'équilibre entre les critères sera formellement définie dans la section 3.3.

3 Notions de base sur l'optimisation multicritère et le problème d'équité

Etant donné un ensemble de n critères d'indices $N = \{1, \dots, n\}$, et Y l'ensemble des solutions réalisables. Toute solution réalisable $y \in Y$ d'un problème combinatoire multicritère est caractérisée par un vecteur coût $y = (y_1, \dots, y_n) \in \mathbb{R}_+^n$. La i ème composante de y représente le coût de la solution relativement au critère d'indice i . Comparer les solutions revient à comparer leurs vecteurs coût. La section 3.1 introduit le critère d'optimalité communément utilisé en multicritère, à savoir le critère de dominance de Pareto. La section 3.2 présente l'opérateur d'agrégation de OWA transformant un problème d'optimisation multicritère en un problème monocritère. Les définitions de base sur la propriété d'équité sont données dans la section 3.3. Nous verrons à la fin de la section 3.3 une propriété permettant à l'opérateur de OWA de garantir l'équité.

3.1 Relation de dominance et Pareto-optimalité

La comparaison entre les solutions en optimisation multicritère est basée sur la notion de dominance. Soient deux solutions réalisables $y, y' \in Y$. La dominance faible de Pareto \succeq_P entre y et y' est définie par :

$$y \succeq_P y' \iff [\forall i \in \{1, \dots, n\}, y_i \geq y'_i]$$

La relation de dominance de Pareto \succ_P entre y et y' est définie par :

$$y \succ_P y' \iff [y \succeq_P y' \text{ et non } (y' \succeq_P y)]$$

Une solution $y^* \in Y$ est Pareto-optimale (efficace, non dominée, non inférieure) si et seulement si il n'existe pas une solution y telle que y domine y^* . L'ensemble des solutions Pareto-optimales forment le front de Pareto P défini par :

$$P = \{y \in Y \mid \nexists y' \in Y, y' \succ_P y\}$$

3.2 Optimisation multicritère OWA

Étant donné un problème de décision avec n fonctions objectif $f_i(x) = c^i x$ où $x \in \mathbb{R}^m$. En se basant sur la formulation donnée par Kostreva et al. [5], le problème peut être formulé :

$$\min\{Cx : x \in Q\} \tag{9}$$

où C est une matrice $n \times m$ qui fait correspondre l'espace de décision $X = \mathbb{R}^m$ à l'espace des critères $Y = \mathbb{R}^n$. Le vecteur des variables de décision $x \in X$ est défini sur un espace faisable $Q \subset X$ donné par un système d'équations linéaires $Q = \{x \in \mathbb{R}^m \mid Ax = b, x \geq 0\}$, où A est une matrice $p \times m$ et b est un vecteur sur \mathbb{R}^p .

Pour résoudre (9), nous aurons besoin de faire appel à une stratégie¹ pour définir ce que nous entendons par la minimisation de plusieurs fonctions objectif. La stratégie consiste à faire appel à une fonction d'agrégation $a : Y \rightarrow \mathbb{R}$ à minimiser. Ainsi, le problème multicritère (9) est remplacé par le problème mono-critère

$$\min\{a(Cx) : x \in Q\} \quad (10)$$

Pour garantir la cohérence de la fonction d'agrégation a avec la maximisation des fonctions objectif individuelles, la fonction d'agrégation doit être strictement monotone. En d'autres termes, étant donné une solution réalisable y et une valeur y'_i :

$$y'_i < y_i \Rightarrow a(y_1, \dots, y_{i-1}, y'_i, y_{i+1}, \dots, y_n) < a(y_1, \dots, y_{i-1}, y_i, y_{i+1}, \dots, y_n).$$

Autrement dit, une solution qui améliore une fonction objectif individuelle améliore automatiquement la fonction d'utilité globale. Dans le cas d'une fonction a strictement monotone, on peut démontrer [5] que toute solution optimale à (10) est une solution Pareto optimale (efficace) du problème original (9).

La fonction d'agrégation la plus populaire est celle de la somme pondérée classique $a(y) = \sum_{i=1}^n w_i y_i$. Il existe de nombreux problèmes de décision multicritère qui nécessitent le principe de la symétrie : pour toute permutation σ de $\{1, \dots, n\}$, $a(y_{\sigma(1)}, \dots, y_{\sigma(n)}) = a(y_1, \dots, y_n)$. Ce principe n'est pas respecté par la somme pondérée classique, car les coefficients sont toujours affectés aux mêmes critères. Yager [9] a introduit OWA la somme pondérée ordonnée. Dans OWA, les poids sont affectés aux valeurs ordonnées des fonctions objectif. Nous nous donnons une fonction de tri $\Theta : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ telle que $\Theta(y) = (\theta_1(y), \dots, \theta_n(y))$, où $\theta_1(y) \geq \dots \geq \theta_n(y)$ et il existe une permutation σ de l'ensemble $\{1, \dots, n\}$ tel que $\theta_i(y) = y_{\sigma(i)}$ pour tout $i \in \{1, \dots, n\}$. La fonction d'agrégation OWA est de la forme :

$$a_w(y) = \sum_{i=1}^n w_i \theta_i(y). \quad (11)$$

Si nous appliquons la fonction OWA à notre problème initial, nous obtenons la formulation :

$$\min\left\{\sum_{i=1}^n w_i \theta_i(Cx) : x \in Q\right\} \quad (12)$$

Une formulation linéaire a été proposée par Ogryczak et al. [7] pour le cas de maximisation. Nous donnons ci-dessous la formulation en minimisation :

$$\left\{ \begin{array}{l} \min \sum_{k=1}^n w_k r_k \\ \text{Sous contraintes :} \\ r_k - c^i x \geq M z_{k,i}, \text{ pour } i = 1, \dots, n, k = 1, \dots, n \\ z_{k,i} \in \{0, 1\}, \text{ pour } i = 1, \dots, n, k = 1, \dots, n \\ \sum_{i=1}^m z_{k,i} \leq k - 1, \text{ pour } k = 1, \dots, n \\ x \in Q \end{array} \right. \quad (13)$$

où M est une constante représentant un nombre très grand

1. Les deux écoles "comparer puis agréger" et "agréger puis comparer".

3.3 Équité en optimisation multicritère

Nous voulons définir une relation de préférence \succsim entre les solutions Y , tel que $\forall x, y \in Y$, $(x \succsim y)$ si x est préféré à y . Cette relation de préférence peut être une relation d'indifférence \sim , i.e., $(x \sim y)$ ssi $(x \succsim y)$ et $(y \succsim x)$. Elle peut être stricte, i.e., $(x \succ y)$ ssi $(x \succsim y)$ et non $(y \succsim x)$.

Nous sommes intéressés par des vecteurs coût impartial (anonymes ou symétriques). Par exemple, une solution qui produit les coûts 5, 3 et 0 pour les critères f_1 , f_2 et f_3 , est considérée aussi satisfaisante que 0, 3 et 5. Pour avoir une relation de préférence *équitable* \succsim , on doit remplir les trois propriétés [4] :

Symétrie Soit $x \in Y$. Pour toute permutation σ de $\{1, \dots, n\}$, nous avons $(x_{\sigma(1)}, \dots, x_{\sigma(n)}) \sim (x_1, \dots, x_n)$.

P-Monotonie Pour tout $x, y \in \mathbb{R}_+^n$, $x \succeq_P y \Rightarrow x \succsim y$ et $x \prec_P y \Rightarrow x \prec y$.

Principe de transfert (dit aussi le transfert de Pigou-Dalton) Soit $x \in \mathbb{R}_+^n$ tel que $x_i > x_j$ pour certains indices i et j . Pour tout ϵ tel que $0 < \epsilon < x_i - x_j$, $x - \epsilon e_i + \epsilon e_j \prec x$ où e_i (resp. e_j) est le vecteur dont la i ème (resp. j ème) composante est à 1, et les autres nulles. Intuitivement, tout rapprochement entre deux composantes d'une solution, mène vers une solution plus équitable.

Pour caractériser les préférences d'équité, nous faisons appel à l'opérateur généralisé de Lorenz :

Définition 1 (Opérateur et dominance de Lorenz) Pour tout $x \in \mathbb{R}_+^n$, le vecteur généralisé de Lorenz associé au vecteur des coûts x est le vecteur :

$$L(x) = (x_{(1)}, x_{(1)} + x_{(2)}, x_{(1)} + x_{(2)} + x_{(3)}, \dots, x_{(1)} + x_{(2)} + \dots + x_{(n)})$$

où $x_{(1)} \geq x_{(2)} \geq \dots \geq x_{(n)}$ représente les composantes de x triées par ordre croissant. La j ème composante de $L(x)$ est $L_j(x) = \sum_{i=1}^j x_{(i)}$.

La relation de dominance de Lorenz (L -dominance) sur \mathbb{R}_+^n est définie par :

$$\forall x, y \in \mathbb{R}_+^n, x \succeq_L y \Leftrightarrow L(x) \succeq_P L(y).$$

La notion de dominance de Lorenz a été introduite afin de comparer les vecteurs qui ont la même moyenne, en exploitant le principe de transfert. La version généralisée de Lorenz permet de comparer aussi les vecteurs qui n'ont pas la même moyenne. Le théorème suivant annonce cette propriété :

Proposition 1 [4] Pour toute paire de vecteurs $x, y \in \mathbb{R}_+^n$, si $x \succ_P y$, ou que x est obtenu de y en utilisant le principe de transfert, alors $x \succ_L y$. L'inverse est aussi vrai.

Un raffinement de la dominance de Lorenz peut être obtenu en itérant sur la transformation $L(\cdot)$ pour obtenir un opérateur d'ordre supérieur. Si x et y ne peuvent être comparés en terme de P -dominance, on peut comparer $L(x)$ et $L(y)$. Si aucune dominance de Pareto n'est établie, cette indetermination peut être résolue, en faisant appel à $L^2(x) = L(L(x))$ et $L^2(y) = L(L(y))$. Ce

processus peut être répété. On obtient ainsi l'opérateur de Lorenz d'ordre k , noté $L^k(x)$:

$$L^k(x) = \begin{cases} x & \text{si } k = 0 \\ L(L^{k-1}(x)) & \text{si } k > 1 \end{cases}$$

et l'opérateur de comparaison : $\forall x, y \in \mathbb{R}_+^n, x \succeq_L^k y \Leftrightarrow L^k(x) \succeq_P L^k(y)$.

Le théorème suivant, établi par Golden et Perny [4], propose des coefficients pour la méthode OWA garantissant la propriété d'équité.

Théorème 1 [4] *La L^∞ -dominance a une représentation numérique avec la somme pondérée OWA : $W(x) = \sum_{k=1}^n \sin(\frac{(n+1-k)\pi}{2n+1})x(k)$. Cette représentation est donnée par la propriété : $\forall x, y \in \mathbb{R}_+^n, x \succeq_L^\infty y \Leftrightarrow W(x) < W(y)$.*

4 Approche d'équilibrage de charge de la communication multicast

Notre approche combine les deux approches :

1. Modèle PLNE de Chen et al. [2] : Ce modèle a le mérite d'avoir réussi à proposer un modèle complet qui prend en charge la problématique de la diffusion multicast. Nous exploitons tout le modèle avec ses contraintes données dans la section 2. Plus particulièrement, nous adoptons les contraintes (1), (2), (3), (4), (5), (6) et (7). Nous adoptons les critères que nous avons proposés et formulés dans (8).
2. La méthode OWA linéarisé [7] utilisant les coefficient d'équité [4] : Cette méthode multicritère nous garantit l'équité dans la charge sur les nœuds sources via le théorème 1.

Notre démarche consiste donc à appliquer la méthode d'agrégation OWA, utilisant les coefficients donnés par le théorème 1, sur le modèle PLNE détaillé dans la section 2. Le modèle linéaire final à résoudre est le suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{Min } \sum_{l=1}^{cr} w_l r_l, \text{ où } cr \text{ est le nombre de sources (critères)} \\ \text{Sous contraintes :} \\ \sum_{i \in S_k} \sum_{i' \in A_i} X_{i,i',k} = |D_k|, \quad k \in \{1, \dots, r\} \\ \sum_{i' \in A_i} X_{i',i,k} - 1 = \sum_{i' \in A_i} X_{i,i',k}, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in D_k \\ \sum_{i' \in A_i} X_{i',i,k} = \sum_{i' \in A_i} X_{i,i',k}, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in \{1, \dots, n\}, i \notin S_k, i \notin D_k \\ X_{i,i',k} \leq CF_{i,i',k}, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in \{1, \dots, n\}, i' \in A_i \\ \sum_{i' \in A_i} F_{i',i,k} = 0, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in S_k \\ \sum_{i' \in A_i} F_{i',i,k} \leq 1, \quad k \in \{1, \dots, r\}, i \in \{1, \dots, n\}, i \notin S_k \\ C_j - \sum_{k \in \{1, \dots, r\}} [b_k \cdot (F_{i,i',k} + F_{i',i,k})] \geq Z, \quad \forall i \in \{1, \dots, n\}, i' \in A_i \\ d_i = \sum_{k \in \{1, \dots, r\}, i' \in A_i} F_{i,i',k}, \quad \forall i \in \cup_{k \in \{1..r\}} S_k \\ r_l - c^l X \leq M z_{li}, \quad \forall i \in \{1, 2, \dots, cr\}, l \in \{1, \dots, cr\} \\ z_{li} \in \{0, 1\}, \quad \forall i \in \{1, 2, \dots, cr\}, \forall l \in \{1, \dots, cr\} \\ \sum_{l=1}^{cr} z_{li} \leq l - 1, \quad \forall l \in \{1, \dots, cr\} \end{array} \right. \quad (14)$$

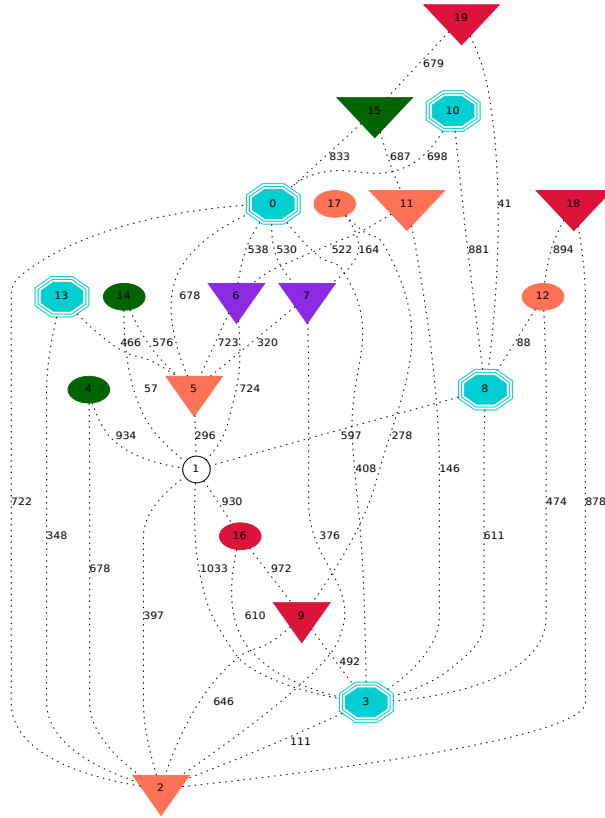


FIGURE 1: Exemple d'un réseau

Dans le reste de cette section, nous illustrons un déroulement de notre approche. Soient le graphe de la Figure 1. Nous considérons le réseau de la Figure 1 où les nœuds uniquement sources sont représentés par des cercles pleins, les nœuds uniquement destinataires par des triangles pleins et les nœuds à la fois sources et destinations par des formes octogonales. Le réseau a 15 nœuds et 30 arêtes, huit sessions (flux) doivent être véhiculées sur le réseau.

On cherche les forêts qui véhiculeront les flux en veillant à respecter un certain nombre de contraintes, notamment celles liées à la bande passante résiduelle et la profondeur des forêts, tout en répartissant la charge de manière la plus équitable possible entre les sources. L'intérêt de répartir, dans la solution, la fourniture des flux entre les différentes sources est d'éviter la congestion qui pourrait se produire à la proximité d'une source quand celle-ci est considérablement sollicitée par des abonnés à un service ou à plusieurs (car une source peut être fournisseur de

plusieurs services). Nous avons procédé par comparaison en implémentant deux méthodes multicritères : la somme pondérée et l'agrégateur OWA. Les tableaux ci-dessous confirment les résultats théoriques sur l'équilibre des solutions entre les deux agrégateurs. Notons NN le nombre de nœuds, NA le nombre d'arêtes, NF le nombre de flux, TGM la taille des groupes multicast, et finalement "Les sources" les nœuds du réseau qui représentent les sources. En effet, les sommets (les routeurs) S0, S2 et S8 peuvent, tous les trois, fournir les huit flux multicast. La solution OWA donne à chacune des sources la charge de fournir trois groupes (trois arbres de distributions) différents. Quant à la solution "somme pondérée", elle affecte un groupe à la source S2, trois groupes à la source S0 et cinq groupes à la source S8.

OWA : les coeff $W_k = \sin(\frac{(n+1-k)\pi}{2n+1})$							Somme pondérée : les coeff $W_k = 1$						
NN	NA	NF	TGM	Les sources			NN	NA	NF	TGM	Les sources		
15	30	8	10	S0	S2	S8	15	30	8	10	S0	S2	S8
flux n^o : 0				1	0	0	flux n^o : 0				1	0	0
flux n^o : 1				0	1	0	flux n^o : 1				0	1	0
flux n^o : 2				1	0	0	flux n^o : 2				1	0	0
flux n^o : 3				0	1	0	flux n^o : 3				0	0	1
flux n^o : 4				1	0	1	flux n^o : 4				0	0	1
flux n^o : 5				0	0	1	flux n^o : 5				0	0	1
flux n^o : 6				0	1	0	flux n^o : 6				0	0	2
flux n^o : 7				0	0	1	flux n^o : 7				1	0	0
Total des flux				3	3	3	Total des flux				3	1	5

5 Evaluation expérimentale

Plusieurs expériences ont été effectuées pour évaluer les solutions obtenues, notamment l'aspect équilibre de celles-ci, pour chacune des méthodes d'agrégation utilisées. Les réseaux sous-jacents ont été générés par le logiciel BRITE² paramétré sur le modèle probabiliste de Waxman [8] ($\alpha = 0.15$, $\beta = 0.2$, nombre d'arêtes $= 2N$ et $3N$ où N = nombre de sommets). Les nœuds sont distribués aléatoirement sur une grille de taille 2000*2000. Pour les sessions multicast, nous avons mis au point une application qui génère aléatoirement le nombre de sessions multicast : les nœuds sources susceptibles de produire les flux ainsi que les nœuds destinataires éventuellement requérant ces flux. En résumé, les paramètres que nous avons fait varier sont : la taille du réseau (nombre de sommets et nombre d'arêtes), le nombre de flux (sessions multicast), la taille du groupe multicast (nombre de sources et nombre de destinations d'une session multicast). Les réseaux générés sont de taille moyenne dans l'objectif d'évaluer la pertinence de la méthode OWA. La machine utilisée est composée d'un processeur Intel i5 avec 4 GO de RAM sous noyau Linux 3.11.0-15. Pour résoudre les modèles linéaires, nous avons fait appel au solveur Cplex version 12.

Nous avons comparé la méthode OWA utilisant les coefficients du théorème 1 avec la méthode de la somme pondérée où les coefficients sont égaux à 1. Notre

2. <http://www.cs.bu.edu/brite/>

choix s'est porté sur la méthode de la somme pondérée, car c'est la méthode la plus utilisée pour appréhender les problèmes multicritères. Les coefficients de la somme pondérée ont été fixés à 1 pour mettre sur le même pied d'égalité les différents critères. Nous voulons voir dans quelle mesure ce choix adopté souvent en pratique va permettre ou non de produire des solutions plus équilibrées qu'une méthode dédiées (i.e., OWA).

Les tables ci-dessous contiennent les résultats de notre expérimentation. Les colonnes sont les suivantes : **NN** est le nombre de nœuds; **NA** est le nombre d'arêtes; **NF** est le nombre de flux; **TGM** est la taille des groupes multicast; **Sources** sont les nœuds du réseau qui représentent les sources des différentes sessions. Ils sont numérotés de S_0 à $S_{nombre_de_sources-1}$; **OWA** est la solution de la méthode OWA utilisant les coefficients donnés par le théorème 1 **SP** est la solution de la méthode de la somme pondérée où tous les coefficients sont fixés à 1.

En comparant les solutions fournies par la méthode OWA (avec les coefficients du théorème 1) avec les solutions données par la somme pondérée, on voit bien que les solutions de OWA sont nettement plus équitables que celles de la somme pondérée. Pratiquement toutes les solutions OWA ont un écart d'au plus de 1; alors qu'avec la solution de la somme pondérée, nous avons un écart qui dépasse 2.

NN	NA	NF	TGM	Les sources											
20	60	5	10	S15	S6	S7	S16	S4	S3	S12	S0	S13	S14	S2	
OWA				0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	
SP				0	0	1	0	0	2	1	0	0	0	1	

NN	NA	NF	TGM	Les sources											
30	90	5	15	S0	S22	S24	S18	S21	S2	S29	S6	S26	S19		
OWA				0	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
SP				0	0	1	0	1	2	0	0	0	0		
				S12	S9	S23	S25	S20	S5	S4	S3	S17			
OWA				1	1	0	1	1	1	0	1	1			
SP				0	0	0	0	0	0	0	1	0			

NN	NA	NF	TGM	Les sources												
50	150	6	20	S42	S18	S44	S40	S48	S2	S4	S23	S12	S1	S13	S34	
OWA				1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
SP				0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	
				S16	S37	S46	S17	S3	S30	S15	S6	S49	S41	S24	S10	
OWA				1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	
SP				0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	

NN	NA	NF	TGM	Les sources														
55	165	6	20	S4	S3	S28	S14	S32	S12	S15	S40	S30	S19	S9	S35	S17	S1	
OWA				1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
SP				1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
				S31	S27	S46	S23	S41	S54	S44	S38	S39	S48	S43	S37	S50	S21	
OWA				1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1
SP				0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1

NN	NA	NF	TGM	Les sources									
20	60	10	10	S16	S3	S13	S6	S12	S2	S11	S19	S7	
OWA				1	0	1	1	1	1	1	1	1	
SP				0	2	0	0	1	2	0	0	0	
				S1	S14	S17	S8	S5	S18	S15	S10	S4	
OWA				1	1	1	0	1	1	1	1	1	
SP				2	1	0	0	0	1	0	0	1	

6 Conclusion

Dans ce papier, nous avons posé le problème d'optimisation de la communication multicast pour équilibrer la charge sur les nœuds sources. Nous avons fait appel à la méthode d'agrégation multicritère OWA en adoptant des coefficients qui garantissent l'équité entre les charges sur les nœuds sources. La propriété théorique d'équité garantie par la méthode OWA s'est confirmée dans nos résultats expérimentaux. En effet, la méthode OWA a fourni des solutions équilibrées. La perspective principale de ce travail est d'expérimenter notre démarche sur des réseaux de très grande taille et voir dans quelle mesure les solveurs PLNE pourront passer à l'échelle.

Références

1. Shiwen Chen, Oktay Günlük, and Bülent Yener. The multicast packing problem. *IEEE/ACM Trans. Netw.*, 8(3) :311–318, June 2000.
2. Yuh-Rong Chen, Sridhar Radhakrishnan, Sudarshan K. Dhall, and Suleyman Karabuk. On multi-stream multi-source multicast routing. *Computer Networks*, 57(15) :2916–2930, 2013.
3. Sonia Fahmy and Minseok Kwon. Characterizing overlay multicast networks and their costs. *IEEE/ACM Trans. Netw.*, 15(2) :373–386, April 2007.
4. Boris Golden and Patrice Perny. Infinite order lorenz dominance for fair multiagent optimization. In *9th International Conference on Autonomous Agents and Multiagent Systems (AAMAS 2010), Toronto, Canada, May 10-14, 2010, Volume 1-3*, pages 383–390, 2010.
5. Michael M. Kostreva, Włodzimierz Ogryczak, and Adam Wierzbicki. Equitable aggregations and multiple criteria analysis. *European Journal of Operational Research*, 158(2) :362–377, 2004.
6. L. Kou, G. Markowsky, and L. Berman. A fast algorithm for steiner trees. *Acta Inf.*, 15(2) :141–145, June 1981.
7. Włodzimierz Ogryczak and Tomasz Sliwinski. On solving linear programs with the ordered weighted averaging objective. *European Journal of Operational Research*, 148(1) :80–91, 2003.
8. Piet Van Mieghem. Paths in the simple random graph and the waxman graph. *Probab. Eng. Inf. Sci.*, 15(4) :535–555, October 2001.
9. Ronald R. Yager. On ordered weighted averaging aggregation operators in multicriteria decisionmaking. *IEEE Trans. Systems, Man, and Cybernetics*, 18(1) :183–190, 1988.



• *Eps les frères Chelghoum*

• *CEC* • *Abourowais*