

DOKTORI (PhD) ÉRTEKEZÉS TÉZISEI

KAPOSVÁRI EGYETEM
GAZDASÁGTUDOMÁNYI KAR
Informatika Tanszék

A doktori iskola vezetője:
PROF. DR. UDOVECZ GÁBOR
az MTA doktora, egyetemi tanár

Témavezető:
DR. HABIL. CSUKÁS BÉLA CSc
egyetemi docens

TÖBBSZEMPONTÚ GAZDASÁGI DÖNTÉSEKET
SEGÍTŐ GENETIKUS ALGORITMUS
KIDOLGOZÁSA ÉS ALKALMAZÁSAI

Készítette:
Balogh Sándor

KAPOSVÁR
2009

1. A KUTATÁS ELŐZMÉNYEI, CÉLKITŰZÉS

Az optimalizálás hagyományos kezelésmódját az jellemzi, hogy a vizsgált feladatot, illetve annak modelljét úgy alakítjuk át, és szükség szerint úgy egyszerűsítjük le, hogy az lehetővé tegye egy matematikai konstrukció keretei között az egzakt optimum meghatározását.

A mérnöki munkában nagyon fontosak a részletek, ezért az elmúlt évtizedekben fokozott törekvés nyilvánult meg arra vonatkozóan, hogy az optimalizálást minél részletesebb modellek felhasználásával végezzük el. A különböző folyamatok részletes, dinamikus szimulációját biztosító eszközök gyorsan fejlődtek, ugyanakkor az egyre bonyolultabb folytonos és diszkrét változókat vegyesen tartalmazó hibrid modellek optimalizálása egyre nehezebben megoldható feladatot jelentett az ugyancsak fejlődő optimalizálási módszerek számára. Korunk egy másik jellegzetessége az, hogy térben és időben egyre nagyobb mértékű, változó struktúrájú és növekvő komplexitású feladatokat kell „optimálisan” megoldani.

Mindezeket felismerve, előtérbe kerültek a mesterséges intelligencia, majd az ezt felváltó számítógépi intelligencia talaján kifejlődő nem egzakt, heurisztikus és evolúciós módszerek. A nem egzakt jelző azt jelenti, hogy elveszítjük a garanciát az abszolút optimum megtalálására. Ezért viszont kárpótol az a tény, hogy az elegendően jó megoldásokat a szükséges és elégséges mértékben legrészletesebb modellekre határozhatjuk meg.

A számítógépi intelligenciához sorolható genetikus algoritmus ezen nem egzakt optimális módszerek egyike. A módszerrel a 90-es évek elején diploma dolgozatom készítésekor ismerkedtem meg. A módszer fejlesztése azóta végigkíséri szakmai munkámat.

E munka alapvető jellegzetessége kezdettől fogva az volt, hogy a legkülönbözőbb szakterületeken jelentkező, és a mindenkori eszközökkel nehezen kezelhető részletes és/vagy nagyméretű hibrid modellekkel leírható feladatokat kellett optimalizálni. A gazdasági célfüggvények mellett sokszor több naturális szempont alapján kellett végezni az optimalizációt, más esetekben viszont kombináltan kellett alkalmazni gazdaságilag megfogalmazható és naturális célkitűzéseket. A szimulációs számításokra használt, párhuzamosan fejlesztett módszer jellemzője

viszont egyre inkább az lett, hogy a számítások eltúrték a tetszőleges diszkrét és folytonos változtatásokat. Eközben a nemzetközi tendenciákkal összhangban, egyre növekedett a lehetséges megoldások szimulációjának számítás igénye.

Munkám alapvető célja, a szakirodalomból megismerhető módszerek és az elmúlt időszakban a különféle gyakorlati problémák kihívásait figyelembe véve általam folyamatosan fejlesztett genetikus algoritmus összevetése alapján egy, a tapasztalatokat ötvöző, többszemponútú gazdasági döntéseket segítő genetikus algoritmus kidolgozása.

Az opcionálisan többszemponútú gazdasági döntések támogatásának igényeit figyelembe véve a kutatómunka főbb célkitűzései a következők:

1. A gyakorlati tapasztalatokat felhasználva, olyan összetett genetikus kódolást célszerű kidolgozni, amely egységes kezelést biztosít a folytonos és diszkrét, valamint teljes permutációt megvalósító génszakaszok opcionálisan hierarchikus kezelésére. Ezen túlmenően, a kódolásnál az úgynevezett szerkezetháló felhasználásával lehetőséget kell biztosítani az inkompatibilis gének definiálására. Az így kialakítandó összetett kódolás segítségével a különféle feladatok megoldásánál ugyanannak az általános kódolási megoldásnak a részesetei alkalmazhatók, így elkerülhető a speciális, egyedi módszerek használata.
2. Az egységes kódolási megoldással összhangban, további célom, a genetikus operátorok készletét felhasználva, és szükség szerint módosított operátorokat bevezetve, egy olyan megoldás kialakítása, amely a mindenkor kódoláshoz igazodva automatikusan alkalmazza a megfelelő operátorokat.
3. További célom, hogy olyan paraméterezhető módszert, és az ehhez illeszkedő paraméterezhető módosított genetikus operátorokat dolgozzak ki, amelyek támogatják az evolúciós folyamat kis populáció méret mellett történő végrehajtását. E célkitűzés érdekében a szakirodalmi tapasztalatok és a korábbi időszakban végzett gyakorlati alkalmazások tapasztalatainak felhasználásával célom egy új, úgynevezett rácsmódszer kidolgozása.

4. A többszemponúság kezelésére céloim egy, az összetett Pareto dominancia számítására alkalmas algoritmus, valamint az algoritmus működését támogató, paramétereizhető operátorok kidolgozása.
5. További céloim a kidolgozott algoritmusok olyan implementálása, amely a kisszámú, nagy számításigényű egyedek vizsgálatán alapuló evolúciós folyamatot támogatja. Ennek során, céloim egyrészt annak hasznosítása, hogy lehetőség van az összes előállított genetikus kód hatékony tárolására. Másrészt, a makrogranulárisan párhuzamosítható (például PC klaszter) architektúrák lehetőségeit felhasználva, céloim az értékelést biztosító szimulációk genetikus algoritmus által irányított automatikus párhuzamosítása.

A kifejlesztett megoldások döntéseket támogató, gazdasági és logisztikai alkalmazását illusztráló egyszerű példák és a szakterületen alkalmazott tesztfeladatok segítségével mutatom be.

2. ALKALMAZOTT MÓDSZEREK

A kutatási téma jellegéből adódóan szoftverfejlesztő munkámhoz számos, a fejlesztést támogató nyílt forráskódú szoftvert, illetve a kutatócsoport által kifejlesztett szimulációs társprogramokat alkalmaztam. A makrogranulárisan párhuzamos evolúciós fejlesztés megvalósítására egy számítógép klasztert építettem és konfiguráltam. Ennek megfelelően az értekezésben kidolgozott genetikus algoritmus elkészítéséhez és kipróbálásához felhasznált módszerek a következők voltak:

- a feladatokat megoldó genetikus algoritmust megvalósító számítógépi programok készítéséhez felhasznált szoftver eszközök,
- a genetikus algoritlussal együttműködő generikus szimulátor, valamint
- a makrogranulárisan párhuzamos működés megvalósítására kidolgozott hardver és az ezt támogató szoftver.

Az evolúciós keretrendszer kialakításához felhasznált legfontosabb nyílt forráskódú szoftverek a következők voltak:

- fox toolkit: (<http://www.fox-toolkit.org>);
- plplot: (<http://www.plplot.org>);
- tclap: (<http://tclap.sourceforge.net/>);
- c++ fordítók: gcc mingw32.

Az evolúciós keretrendszer hatékonyságának növelésére alkalmazott makrogranuláris párhuzamosítás megvalósítására egy 16 PC alkatrészből épített számítógép klasztert építettem. A klaszter működtetését a nyílt forráskódú OpenSSI (<http://www.openssi.org>) szoftver adaptációjával oldottam meg.

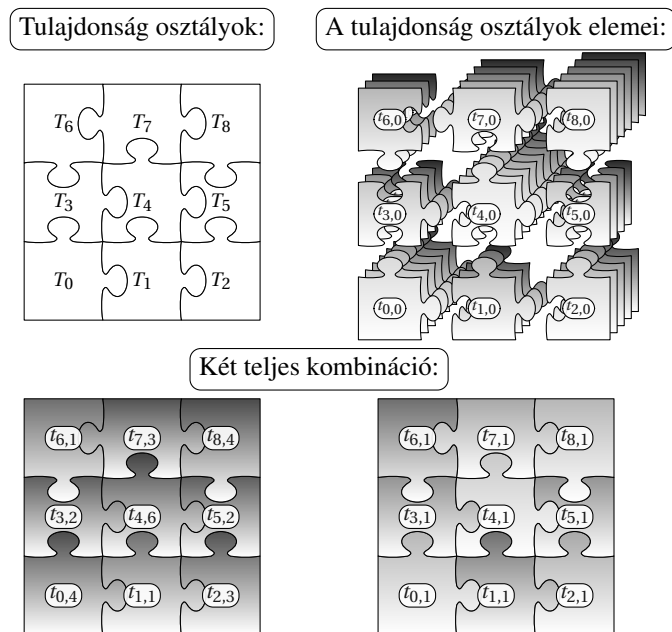
A dolgozatban bemutatott illusztráló példák közül

- az egyszerű tesztfeladatok programját magam készítettem el;
- a további illusztráló példák szimulációjára pedig a folyamatok közvetlen számítógépi leképezésen alapuló szimulációjára a folyamatinformatikai kutatási iskolában kidolgozott programrendszer WINDOWS[®] operációs rendszer alatt, Excel[®] interfésszel futtatható változatát használtam.

Az elmúlt másfél évtizedben folyamatosan fejlesztett genetikus algoritmus segítségével megoldott ipari feladatokban és kísérleti esettanulmányokban szereplő identifikálási, optimális irányítási, optimális tervezési, illetve optimális ütemezési problémák vizsgálatánál szimulációs programként ugyancsak a közvetlen számítógépi leképezésen alapuló generikus folyamat szimulátor különféle adaptációit alkalmaztam.

3. EREDMÉNYEK

A gyakorlati életben a komplex rendszerek gazdasági optimalizálására is használható módszereknek sok feltételt kell kielégíteniük. A két legfontosabb általános elvárás közül az első a többszemponú értékelhetőség biztosítása a

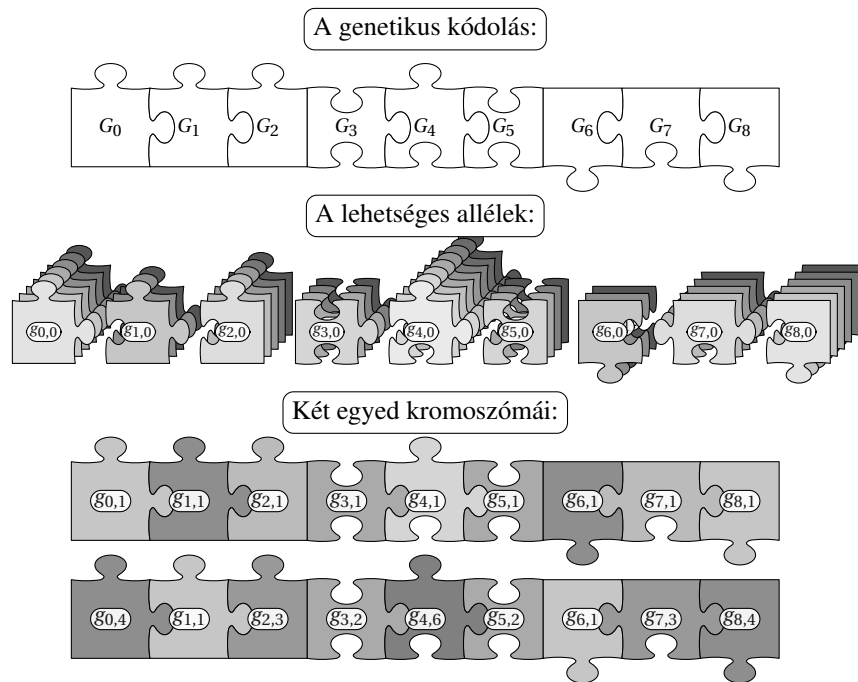


1. ábra. Az összetett rendszerek tulajdonság hálókval történő leírása. Az inkompatibilitási relációk például az $I = \{(t_{0,1}, t_{3,2}), (t_{2,0}, t_{5,3}), (t_{8,0}, t_{7,4})\}$ alakban adhatók meg, ahol $t_{i,j}$ az i . tulajdonság osztály j . eleme.

döntési folyamat támogatása érdekében. A másik elvárás az, hogy a módszer képes legyen komplex (gazdasági és/vagy műszaki) rendszerek döntési terének szükséges mértékű kezelésére.

3.1. Az összetett genetikus kódolás kidolgozása

Az összetett rendszerek szerkezhálókval való leírásában meghatározó jelentőségű volt Blickle munkássága. A leírás lényege az, hogy a valamilyen célból létrehozható összetett rendszerek összessége, tulajdonság ekvivalencia osztályokat alkotó tulajdonság halmazokkal jellemezhető. Az egyes tulajdonság osztályoknak az elemei az objektumot jellemző tulajdonságok. Az osztályokat és a tulajdonságokat úgy kell létrehozni, hogy ha minden tulajdonság osztályból kiválasztunk egy és csak egy tulajdonságot (elemet), akkor ezzel egy konkrét rendszert határozunk meg. Sokszor előfordul, hogy nem minden tulajdonság (elem) párt engedhetünk meg a kombinációk során. Ezeket a kivételeket, ún. inkompatibilitási relációkat megadva és figyelembe véve a tulajdonság osztá-



2. ábra. Az összetett rendszerek tulajdonság háló alapú genetikus kódolása. A $g_{i,j}$ alléllal inkompatibilis allélok az $I_{i,j} = \{g_{l,m}, g_{k,n}\}$ alakban adhatók meg, ahol $g_{i,j}$ az i . gén j . allélja.

lyokkal leírt minden egyes megengedett rendszert generálni tudjuk. A fentiek szemléltetése az 1. ábrán látható.

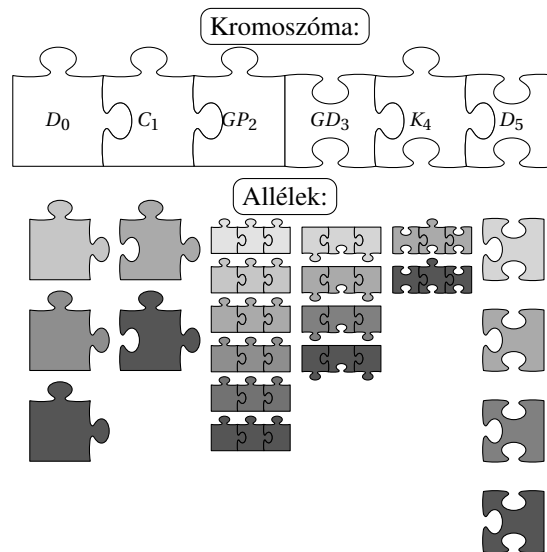
A genetikus kódolásnál a genetikus kódot a tulajdonság osztályok összességének tekintem. A kromoszóma egyes génjeinek egy-egy tulajdonság osztály felel meg. A gén pozíciója a hozzá tartozó tulajdonság osztály indexe. A gének lehetséges alléljai (értékei) az osztály tulajdonságainak (elemeinek) felelnek meg. Minden egyes allélhoz hozzárendelhetem a vele inkompatibilis allélok listáját. Az így megadott genetikus kódolás elemei a 2. számú ábrán láthatók.

A genetikus algoritmusok bemutatásakor láthattuk, hogy az algoritmusok alkalmasak a diszkrét vagy folytonos jellemzők, valamint a teljes permutációk kódolására és kezelésére. Az összetett rendszerek leírása során azonban a gének (tulajdonság osztályok) egyaránt lehetnek diszkrét (pl. a berendezések típusa), folytonos (pl. gazdasági/műszaki paraméterek) és permutált diszkrét értékűek (pl. gyártás sorrendek). Az ilyen rendszerek leírására tehát egyidejűleg kell

használnunk a különböző típusú géneket. A számítógép lebegőpontos számábrázolása végső soron a folytonos jellemzőket is diszkrét értékekké transzformálja, ráadásul a gyakorlati életben előforduló folytonos paramétereknek is van egy bizonyos pontossága. A genetikus kódolás során tehát minden géntípus valójában csak diszkrét vagy diszkretizált értékekkel rendelkezhet. Az igazi különbség az, hogy a genetikus operátorok alkalmazása során a géntípus alléljainak halmazán vagy az euklideszi, vagy csak a Hamming metrika értelmezhető. Az első esetben továbbra is a folytonos, a második esetben pedig a diszkrét megnevezéseket használom.

A következő lépés a különböző géntípusok lehetséges alléljainak megadása. A diszkrét gének esetén ezt felsorolással vagy generálással oldom meg, míg a folytonos jellemzők esetén legalább az értelmezési tartomány határok és a pontosság megadása szükséges, de ezt még kiegészítettem egy belső, elvárt intervallum határai magadásának lehetőségével is. A kifejlesztett genetikus kódolás során az i . diszkrét géntípus elemeit a $D_i = \{(g_{i,1}, I_{i,1}, K_{i,1}), (g_{i,2}, I_{i,2}, K_{i,1}), \dots, (g_{i,n}, I_{i,n}, K_{i,n})\}$ triplettekkkel írom le, ahol $g_{i,j} \in \mathbb{N}$ ami az esetek nagy részében az értékelési szempontokat számoló algoritmus (szimuláció) „katalógusában” megtalálható elem sorszáma. Az $I_{i,j} = \{g_{l,m}, \dots, g_{k,v}\}$ az inkompatibilis allélok halmaza és $K_{i,j}$ a később leírt kromoszóma géntípus, ami a „katalógus” elem további jellemzőit (pl.: berendezés paramétereit, cserélhető részeit) tartalmazhatja. A folytonos géntípus elemeinek leírását a $C_i = (l_i, h_i, e_i^l, e_i^h, d_i^{max}, d_i^{min})$ hatosokkal adom meg, ahol l_i, h_i az értelmezési tartomány alsó és felső határa, az e_i^l, e_i^h az elvárt intervallum határai, a d_i^{max}, d_i^{min} pedig az intervallumon értelmezett maximális és minimális felbontás.

Ezt a két géntípust további három összetett géntípussal egészítettem ki. Ezek rendre a diszkrét génszakasz, a permutálható génszakasz és a kromoszóma. A génszakaszok a nevüknek megfelelően diszkrét vagy diszkrét permutálható gének sorozatai, míg a kromoszóma elemei az összes eddigi egyszerű vagy összetett gének közül kerülhetnek ki. Az összetett gének bevezetését egyrészt az indokolta, hogy bár az egyszerű kódolásoknál az inicializálás, a rekombináció és a mutáció alkalmazása elvégezhető az egyes gén szintjén, a teljes permutációk

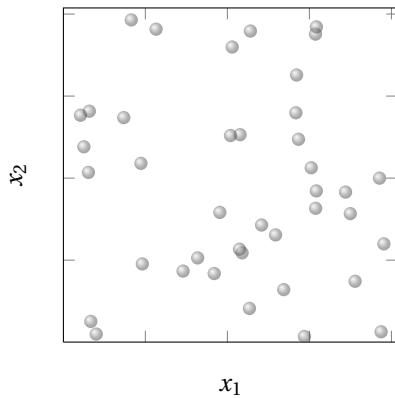


3. ábra. A kialakított egyszerű és összetett gének.

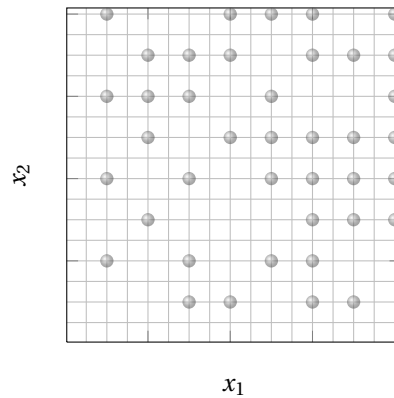
kezelése csak a permutálható génszakasz ismeretében végezhető el. Másrészt az összetett géneket rekurzívan egymásba ágyazva hierarchikus adatszerkezetek is kialakíthatók. A megoldás a később bemutatandó hatékonyság növelő módszerhez is illeszkedik. Az így kialakított genetikus alapelemek szemléltetése a 3. ábrán látható.

A genetikus kódolás kibővítése szükségessé teszi az algoritmus elemeinek a kódoláshoz való igazítását is. A kódon közvetlenül dolgozó algoritmus elemek az inicializálás, a genetikus operátorok közül pedig a rekombináció és a mutáció. Ezek a tevékenységek minden géntípus esetében definiálva vannak a típus tulajdonságainak megfelelően. Tehát a folytonos, permutált, és diszkrét típusok a nekik megfelelő, szakirodalomban fellelhető rekombinációs és mutációs operátorokat is használhatják, míg az inicializálás legtöbbször véletlen generálással történik.

Egy adott feladat megoldáskor a genetikus kódolást az előzőleg definiált géntípusok felhasználásával írjuk le. Az allélok létrehozása után a diszkrét génekre értelmezett inkompatibilitási relációkat is megadjuk. Minden egyes géntípusnak van egy alapértelmezett inicializálás, rekombináció és mutáció készlete, de a több beépített változat közül bármelyikre kicserélhetjük őket.



a) Kezdeti populáció generálása rácsmódszer nélkül.



b) Kezdeti populáció generálása rácsmódszerrel.

4. ábra. Az inicializálás módosítása a rácsmódszert felhasználva.

3.2. A rácsmódszer kidolgozása

A kis populáció méret használatának szükségessége több megoldandó probléma forrása. Az egyik az, hogy a megoldás nagyon érzékeny a kezdeti populáció „minőségére”, a másik az, hogy a populáció diverzitása gyorsan lecsökkenhet. Az egyenletes eloszlást generáló véletlenszám generátorok csak nagy populáció méretnél produkálnak igazán egyenletes eloszlást, emiatt a kis populációkat használva a keresési tér egyes részeibe jóval sűrűbben, máshova ritkábban generálunk egyedeket. A generálást irányíthatjuk a folytonos géntípusok esetében, ha a generáláshoz egyrészt szakértők által becsült e_i^l, e_i^h elvárt határokat használjuk fel, másrészt a gén maximális felbontását (d_i^{max}) az inicializálás során a populáció méretnek megfelelő értékre állítva, a véletlenszám generátor által szolgáltatott értékeket erre a pontosságra kerekítve használjuk fel. A keresési térben létrejövő rács segíti az egyedek egyenletesebb eloszlását. A módszer illusztrálása a 4. ábrán látható.

A rács felhasználásának másik területe a létrejövő azonos egyedek kiszűrése. A rácsmódszer használata nélkül két egyed kódjának egyenlősége a lebegőpontos számábrázolás miatt csak nagyon ritka esetekben teljesülne, használatával viszont szabályozni tudjuk a variáns és a környezetében lévő variánsok minimális távolságát.

Az előző fejezetben leírt összetett genetikus kódolást felhasználva a gyakorlati feladatok keresési tere a genetikus algoritmus számára felhasználható módon írható le. Ugyanakkor az egyszerű kódolásokhoz képest – ahol a kromoszóma sztringszerű és homogén – hátrány, hogy két egyed hasonlósági mértékének kiszámítása nehéz feladat. A folytonos és diszkrét génszakaszok és a hierarchikus géntípusok együttesére nem sikerült konzisztens hasonlósági mértéket kreálni a Hamming és euklideszi távolságok felhasználásával. Ez megakadályozza, hogy a populáció sokszínűségét megőrző módszerek mindegyikét korlátozás nélkül felhasználjuk. A rácsmódszer alkalmazása viszont ötletet adott a diverzitás megőrzésének egy további megoldására. Ugyanis, ha az új egyedek is mindig a rácspontokba kerülnek akkor rács változtatásával dinamikusan befolyásolni lehet a populáció diverzitását, azaz a felfedezés (exploration) és a kiaknázás (exploitation) egyensúlyát. Ehhez azonban módosítani kell az új egyedek előállításában részt vevő rekombinációs és mutációs operátorokat.

Folytonos génekre az operátorok módosítása hasonlóképpen történik mint az inicializálás esetében, vagyis a „hagyományos” operátorok által szolgáltatott új értékeket a legközelebbi rácspontok értékéhez „kerékítem”. Diszkrét génszakaszok esetén a rácsmódszer egyszerűsített változatát valósítottam meg. A génszakaszhoz rendeltem egy, a génszakasz hosszának felénél kisebb egész számot, amely a keresztezés és a mutáció során a szülők génszakasza és az új utód génszakasza közti elvárt minimális Hamming távolság kívánt mértékét írja le, hasonlóan a folytonos gének pontosságához. Itt sem módosítom az operátorok algoritmusát, hanem a két génszakasz Hamming távolságát összehasonlítva az elvárt értékkel, ismételten alkalmazom azokat, és ezt addig ismétlem, amíg sikerül a megfelelő egyedet létrehozni, vagy az ismétlések száma elér egy korlátértéket. Ez a korlátérték a génszakasz hosszának függvényében kerül megállapításra, alapértelmezett értéke a génszakasz hosszának fele.

A genetikus operátorok kiegészítése a fenti tulajdonságokkal változatlanul hagyja az operátorok eredeti algoritmusát, és csak a végrehajtásuk után módosítja az eredményüket. Így szélsőséges esetben a pontosságot és az elvárt minimális távolságot zero értékre állítva az operátorok a hagyományos módon viselkednek. Ha azonban a rács felbontása kezdetben durvább, majd a generációs lépések

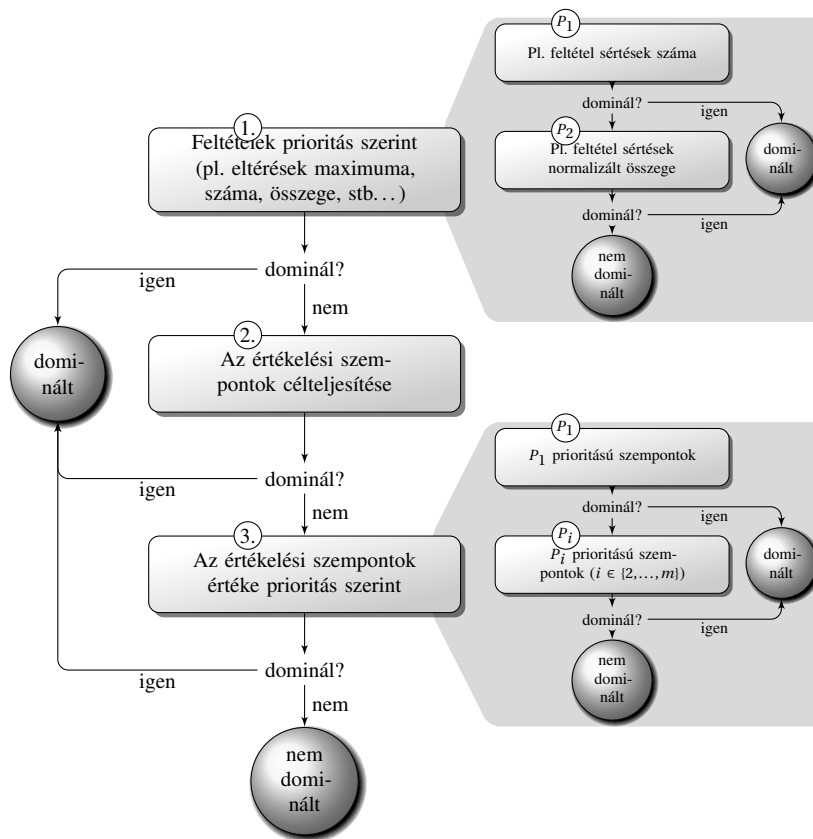
előrehaladtával egyre finomítjuk, akkor elkerülhetjük a korai konvergencia kialakulását. Kritikus elem a rács felbontás változásának ütemezése. Egyszempontú értékelés esetén használtam az adaptív ütemezést, amely az aktuális legjobb érték változásának függvényében növelte a felbontást, azonban többszempontú értékelés esetében csak determinisztikus ütemezést lehetett alkalmazni. A tapasztalat szerint jó és biztonságos ütemezési stratégiának mutatkoztak azok az esetek, amikor exponenciális csökkentés mellett a természetes pontosságot a tervezett generációs lépések nagyjából 75%-ánál elértük.

3.3. A többszempontúság kezelése

A többszempontú döntések támogatásának lehetősége szintén fontos elvárás az algoritmus kidolgozása során. Figyelembe próbáltam venni, hogy a döntéshozó preferenciáinak illesztésére lehetőleg az *a priori*, az interaktív és az *a posteriori* módon is lehetősége maradjon.

Az értékelési szempontok megadásakor lehetőség van a szempontok néhány tulajdonságának megadására. A tulajdonságok közül az első a szempont prioritása, a második és a harmadik az elérendő cél értékének alsó és a felső korlátja. E három tulajdonság segítségével tudja a döntéshozó a Pareto front preferenciáinak megfelelő régiói felé terelni az optimalizációs folyamatot.

A feltételek, prioritások és célok egységes kezelhetőségének lehetősége és rugalmassága következtében, a módosított Pareto dominancia alapján rangsorolt fitness képzés vált be leginkább a többszempontú genetikusan algoritmus használatánál. A rangsorolás használható mind egyszempontú mind többszempontú értékelés esetén, megtartva a feltételek kezelésének lehetőségét. A fitness képzés során többféle stratégia között választhatunk. Fitness értéként használhatjuk a szakirodalomban fellelhető módszerek többségét. Így például a dominált egyedek számát, az egyedek domináló egyedek számát vagy az egyed Pareto frontjának mélységét. A dominancia kiszámításának sorrendjénél először a megadott feltételeket vesszük sorra. A feltételek csoportján belül különböző prioritásokat adhatunk meg a különféle mértékeknek, így akár együtt használhatjuk például a feltételsértések számát (ami azt fejezi ki, hogy hány darab feltételt sért meg az adott egyed) és esetleg egy következő szinten az összesített vagy



5. ábra. Az összetett Pareto dominancia számításának folyamata.

maximális feltétel sértések mértékét (milyen messze vagyunk a megengedett tartománytól).

Az értékelési szempontok is prioritásuk sorrendjében következnek. Az azonos prioritású csoportba tartozó szempontok előbb a célok teljesítése szerint lesznek összehasonlítva (a célokat teljesítők jobbak a célokat nem teljesítőknél). A célokat azonosan teljesítő csoportba tartozók pedig az értékük szerint lesznek összehasonlítva. Az 5. ábrán a számítás folyamatát követhetjük figyelemmel.

A Pareto front „jó” becslésének szükséges feltétele, hogy az algoritmus által javasolt megoldások lehetőleg egyenletes eloszlásban közelítsék a frontot. Ezért a fitness érték mellett az egyedekhez rendelhetünk egy az értékelési térben értelmezett zsúfoltsági paramétert. Itt is többféle módszer között választhatunk, munkámban legtöbbször a k darab legközelebbi szomszéd távolságának szorzatát használtam a zsúfoltsági paraméter becslésére ahol k az értékelési szempontok száma .

Az alkalmazott szelektációs algoritmusok az azonos fitness értékű egyedek összehasonlításakor ezt a másodlagos értéket használják fel a szülők kiválasztása és a visszahelyezés során, hogy biztosítsák a Pareto front egyenletes eloszlású közelítését.

A kis populáció méretből adódóan az egy futás során az utolsó populációban előállított nem dominált megoldások száma is kicsi. Ebből adódóan nagyon ajánlott egy külső archívumban megőrizni az algoritmus futása során bármikor előállított ismert Pareto optimális megoldásokat. Az archívum méretét szabadon beállíthatjuk. Az archívum maximális méretének elérése után a megőrzött optimális egyedeket a zsúfoltsági paramétert felhasználva ritkítjuk.

3.4. Az implementációs sajátosságok

Az egyedek erőforrásigényes értékelési függvényeinek kiszámítása sokszor csak néhány ezer, maximum néhány tízezer egyed kiszámítását teszi lehetővé. Az ilyen mennyiségű genetikus kód gyors elérésű eltárolása a mai modern számítógép konfigurációkon, még nem szokott túl nagy lassulást okozni az algoritmus végrehajtásában. Ezért lehetőséget teremtettem az algoritmus futása során kiértékelt összes egyed tárolására. Ennek a tárnak a szerepe hasonló a

bemutatott tabu listához. Segítségével megakadályozhatjuk, hogy egy már kiértékelt egyed újra az erőforrás igényes kiértékelésnek vessük alá. Az új egyedek előállításáért felelős részek (inicializálás, rekombináció és mutáció) az új egyed előállítása után megvizsgálják, hogy a kapott új genetikus kód szerepel-e a kiértékelt egyedek között. Ha már értékeltük ezt kódot, akkor újra próbálkoznak addig, amíg új értéketlen kódot nem állítanak elő. Az ismételt próbálkozások számát korlátozzuk (alapértéke az genetikus kódban található egyszerű gének számának fele) és túllépése esetén a normál rekombináció és a normál mutáció helyett extra mutációt alkalmazva keresünk új kódokat. Ez az extra mutáció minden génre 50%-os valószínűséggel a gén típusának megfelelő módon hajtódik végre.

A feltételek vagy megkötések kezelése két szinten van jelen a módszerben. Az első szint a diszkrét géntípusokra megadható inkompatibilitási relációk figyelembevételével az inicializálás, a rekombináció és a mutáció szintjén értelmezhető és a tiltott kombinációkat illetően a tabu lista kezelésénél leírt módszer szerint járunk el. A második szinten a kiterjesztett Pareto dominancia számításánál vesszük figyelembe a feltételeket, illetve a megkötéseket.

A kidolgozott genetikus kódolás jól illeszkedik az objektum orientált programozás paradigmájához. A program objektum orientált tervezése és implementálása lehetővé tette, hogy a program szinte minden összetevőjét akár a futás közben is kicserélhessük. Ez a tulajdonsága igen nagy segítséget ad az algoritmus gyakorlati problémákhoz történő adaptálásához és az operátorok, fitness képzések, illetve zsúfoltsági paraméterek teszteléséhez.

Az objektum hierarchia legfelső szintjén álló feladat osztály felelős az értékelési függvény számításáért. Ennek leszármazottai a különböző teszt és benchmark feladatok is, de a leggyakrabban használt leszármazott a külső szimulátorral kommunikáló két osztály. A régebbi verzió az Excel[®] alkalmazást használta a szimulátorral való kommunikációra (mint DDE szerver), az új verzió pedig egy platform független kommunikációs protokollal rendelkezik. A protokoll támogatja a több szimulátor példánnyal való párhuzamos munkát (szerver-kliens modell). A protokoll fő részei a keresési (lehetőség) tér konfigurációja, az értékelési szempontok megadása, az egyedek értékelésre küldése,

1. algoritmus: A kifejlesztett genetikus algoritmus pszeudokódja.

Input: cmp_F : a módosított Pareto dominancia operátor

Input: $toGrid$: a rácshoz illesztés függvénye

Input: s, a : a populáció és az archívum mérete

Input: r, m : a rekombinációs és mutációs faktorok

Data: t : a generáció

Data: Pop : a populáció

Data: Arc : az archívum a legjobb egyedek tárolására

Data: Par : az aktuális szülők tárolója

Data: Off : az új utódok tárolója

Data: v : az egyedek fitness értékének elérése

Output: X^* : a talált legjobb megoldások halmaza

```
1 begin
2    $X \leftarrow createDecisionSpace(\mathbb{X})$  //a döntési tér megadása
3    $Y \leftarrow createObjectiveSpace(\mathbb{Y})$  //az értékelési tér megadása
4    $C \leftarrow createConstraintSpace(\mathbb{C})$  //a feltételek térének megadása
5    $t \leftarrow 0$ 
6    $Arc \leftarrow \emptyset$ 
7    $Pop \leftarrow toGrid(createPop(s, X))$  //a populáció inicializálása
8    $Pop \leftarrow evaluateIndividuals(Pop, X, Y, C)$  //a szimulációk végrehajtása
9    $v \leftarrow assignFitness(Pop, Arc, cmp_F)$  //a Pareto rangsorolás elvégzése
10  while terminationCriterion() do
11     $Arc \leftarrow updateOptimalSetN(Arc, Pop)$  //az archívum frissítése
12     $Arc \leftarrow pruneOptimalSet(Arc, a)$  //ritkítás, ha szükséges
13     $X \leftarrow updateGrid(X, t)$  //a rácsfelbontás változtatása
14     $Par \leftarrow select(Pop, Arc, v, s)$ 
15    for  $i \leftarrow 0$  up to  $|Par| - 2$  do
16      if  $rand_u() \leq r$  then  $Off_{[i, i+1]} \leftarrow toGrid(recombine(Par_{[i]}, Par_{[i+1]}))$ 
17      if  $rand_u() \leq m$  then  $Off_{[i, i+1]} \leftarrow toGrid(mutate(Off_{[i, i+1]}))$ 
18     $Off \leftarrow evaluateIndividuals(Off, X, Y, C)$  //a szimulációk végrehajtása
19     $v \leftarrow assignFitness(Pop, Arc, cmp_F)$  //a Pareto rangsorolás elvégzése
20     $Pop \leftarrow reproducePop(Par, Off, Pop, v)$  //az új populáció kialakítása
21     $t \leftarrow t + 1$ 
22  return extractOptimalSet( $Pop \cup Arc$ )
23 end
```

illetve az értékelt egyedek értékeinek fogadása.

Az előzőekben megfogalmazottak szerint kialakított genetikus algoritmus egyszerű pszeudokódját az 1. algoritmus tartalmazza.

4. KÖVETKEZTETÉSEK

A bemutatott kutatási eredmények és az elmúlt másfél évtizedben a folyamatosan fejlesztett genetikus algoritmussal végzett gyakorlati feladat megoldás tapasztalatai alapján levonható fontosabb következtetések az alábbiak szerint foglalhatók össze:

Az összetett genetikus kódolás nagyon hatékonyan alkalmazható a diszkrét és folytonos jellemzők együttes kezelésére. Ezen belül az inkompatibilitási relációk előzetes megadása segítségével elkerülhető, hogy bonyolultabb feladatok megoldásánál speciális genetikus kódolást kelljen kidolgozni.

Az összetett genetikus kódolás és az ezzel összhangban alkalmazott operátorkészlet használatának hatékonyságát az illusztráló példák és a tesztfeladatok is igazolták. Ezen túlmenően, a kidolgozott módszerek jól beváltak számos hibrid modell identifikálásánál, illetve a hibrid modellek alkalmazásával végzett optimális tervezési, irányítási és ütemezési feladatok megoldásánál.

A folytonos tulajdonságosztályok (gének) definiálásánál nagyon hatékony az összetett kódolás és a kidolgozott rácsmódszer szinergikus alkalmazása. Ez a keresési tér (lehetőségtér) megadásánál a módszert alkalmazó szakértő számára is hatékony lehetőséget ad heurisztikus ismereteinek hasznosítására.

A kidolgozott rácsmódszer egyidejűleg biztosítja a genetikus algoritmus adekvát inicializálását és hatékony futását kis populáció méret és kis generáció szám mellett is. Az ezáltal megengedhető, jelentős számítógépi erőforrást igénylő értékelés számos gyakorlati probléma megoldásánál lehetővé tette a lehető legrészletesebb modellek alkalmazását. Ez nagyon jelentős, mivel a valós műszaki és gazdasági alkalmazásoknál az eredményesség a részletekben rejlik, ezért előnyösebb kisebb számú vizsgálatot végezni egy részletesebb modellel, mint jóval nagyobb számú értékelést készíteni leegyszerűsített modellek alapján.

A Pareto frontok vizsgálatán alapuló többszemponúság kezelésre kidol-

gozott módszer jelentős mértékben hozzájárul a többszemponúság korrekt kezeléséhez, ezen belül a szempontok adekvát kiválasztásához és a több szempontból elegendően jó megoldások megfelelő kifejlesztéséhez. A gyakorlati feladatok megoldásánál az értékelési szempontok megadásával és/vagy az értékelési szempontok súlyozásával arra kell törekedni, hogy eleve kijelölhető, illetve szűkíthető legyen a Pareto frontnak az a szakasza, ahol a jó megoldásokat várjuk.

A gyakorlatban megoldott és optimalizálási és identifikálási feladatok tanulsága egyértelműen az volt, hogy nagyon sokszor nem lehet vagy nem érdemes az értékeléseket egyetlen célfüggvénybe aggregálni. Az optimalizálási alkalmazásoknál elvileg mindenki gazdasági értékelést (költségminimalizálást vagy profitmaximalizálást) szeretne, azonban nagyon sokszor nem lehet megadni a gazdasági célfüggvény kiszámításához szükséges adatokat. Tipikus eset az, amikor egy nagyon sok lépésből álló technológiai folyamat egy önmagában is bonyolult kis részletét kell optimalizálni. Ilyenkor elvileg ezt az önmagában is bonyolult, kis részletet is magában foglaló még nagyobb rendszerre kellene kiterjeszteni a vizsgálatot, mivel a részfolyamatba lépő, illetve onnan kilépő anyagoknak nem ismertek a gazdasági paraméterei. Ugyanakkor sokszor találkoztunk olyan helyzettel, hogy a vizsgált feladat szakértője nagyon hatékonyan alkalmazható naturális célfüggvényeket tudott definiálni. Természetesen, a technológiai és a kapcsolódó gazdasági folyamatok között ma még sokszor jelentkező szakadék megszűnését eredményező módszerfejlesztések következtében egyre inkább lehetővé válik a gazdasági értékelés. A kidolgozott genetikusan illusztráló példán történő bemutatásával összhangban, az átmeneti időszakban valószínűleg hatékony a részleges gazdasági és naturális értékelési szempontok kombinációját alkalmazó többszemponutú értékelés.

Az elmúlt időszakban fejlődő, jelen munkában továbbfejlesztett és integrált genetikusan szerzett tapasztalatok igazolták, hogy a kis populáció méret és generációs szám alkalmazása esetén előnyösebb azok a hatékonyságot növelő technikák, amelyek az összes vizsgált változat tárolásán alapulnak.

A nagy számításigényű értékelések megvalósításánál egyértelműen bevált a populációban lévő egyedek makrogranulárisan párhuzamos értékelésére

kidolgozott megoldás. A PC klaszteren megvalósított módszer közelítőleg a klaszterben lévő központi egységek számával arányos mértékben gyorsítja a genetikus algoritmus által vezérelt evolúciós folyamat végrehajtását.

5. ÚJ KUTATÁSI EREDMÉNYEK

1. Új összetett genetikus kódolási módszert dolgoztam ki, amelyben szerkezet hálón alapuló, opcionálisan hierarchikus és teljes permutációt megvalósító diszkrét génszakaszok kombinálhatók. A szerkezet hálón alapuló génszakaszok esetében a tulajdonság osztályokba sorolt tulajdonságok között opcionálisan inkompatibilitási relációkat lehet definiálni. A kódolás egységesen kezeli a diszkrét és folytonos tulajdonság osztályokat. A folytonos tulajdonság osztályok alléljai egy előírt értelmezési tartomány előírt számú részre való felbontásával automatikusan generált diszkrét elemek. Az értelmezési tartományon belül külön megadjuk az alkalmazás során a felhasználó által előzetesen definiált elvárt rész-intervallum alsó és felső korlátértékét. A megoldás előírt fa-struktúrákkal leírt, összetett gének megadása révén lehetővé teszi a hierarchikus kódolást. A módszer biztosítja az előzőek szerinti megoldás teljes permutációt megvalósító génszakaszokkal való kiegészítését, illetve ezek automatikus felismerését és kezelését. A kezdeti populáció inicializálására, valamint a rekombinációk és mutációk megvalósítására olyan új, kiterjesztett genetikus operátorokat vezettem be, amelyek az előzőek szerinti összetett genetikus kódolás esetén figyelembe veszik a génszakasz jellegét. A folytonos génekre és diszkrét génszakaszokra vonatkozóan a genetikus algoritmust egy olyan új, globális operátorral egészítettem ki, amely az értékelések eredményétől függően automatikusan csökkenti a tulajdonságok felbontását, azaz a lépésközt.
2. A Pareto-értékelésnél jelentkező Pareto-dominancia kezelésére egy olyan felhasználóbarát, összetett megoldást dolgoztam ki, amely felülről kompatibilis speciális részesetként tartalmazza a szakirodalomban alkalmazott feltételek és szempontok kezelésének módozatait. A feltételek és a

szempontok csereszabatos implementációja révén azok egyenértékűen kezelhetők, illetve felcserélhetők egymással. A hatékonyság növelése érdekében lehetőség van a szempontokhoz tartozó, célokat meghatározó feltételek szempontokkal integrált leírására és kezelésére. Mind a feltételek, mind a szempontok esetében opcionálisan eltérő prioritások adhatók meg.

3. Új, platformfüggetlen, makrogranulárisan párhuzamosítható megoldást dolgoztam ki a genetikus algoritmus, és a genetikus algoritmus által javasolt megoldásokat kiszámító, és opcionálisan több szempontból kiértékelő tetszőleges szimulátor közötti kapcsolat megszervezésére.
4. Az 1-3. pontok szerinti genetikus algoritmust – opcionálisan a megfelelően implementált generikus szimulátorral összekapcsolva –, eredményesen alkalmaztam 11 konkrét műszaki-gazdasági feladat megvalósított megoldásánál, 8 kísérleti fázisban lévő műszaki-gazdasági probléma vizsgálatánál. Az algoritmust felhasználták 8 egyetemi diplomadolgozatban, egy megvédett valamint 2 készülő PhD dolgozatban, valamint több, az oktatásban demonstrációs célra felhasznált programcsomag elkészítésénél, például metabolikus hálózatok identifikálására, növénytermesztési folyamatok tervezésére, valamint többtermékes gyártó rendszerek tervezésére, irányítására és ütemezésére.

6. JAVASLATOK

A kidolgozott új megoldások minél szélesebb körű kipróbálása érdekében kutató csoportunk, illetve az Informatika Tanszék és a tágabb egyetemi szakmai környezet közelmúltban indított, illetve jövőben induló munkáinál célszerű lenne kipróbálni a kutatómunka során kifejlesztett jelenlegi állapotok szerint konszolidált szoftver implementációt. Az így kapott tapasztalatok visszacsatolása után azok figyelembe vételével véglegesíthetők egyes, még kevésbé kiforrott részek. Egyúttal célszerű lenne a tapasztalatokat is felhasználva, intenzív publikációs tevékenységet folytatni.

Kétségtelen, hogy a módszer fejlődését az elmúlt időszakban alapvetően a különféle természettudományos és műszaki feladatok megoldására jelentkező elméleti és gyakorlati igény motiválta. Ugyanakkor nagyon aktuális és fontos feladat lenne az eredmények hasznosítása különféle gazdasági folyamatok megoldásánál. Hasonló módon lényeges és aktuális feladat a módszer ötvözése a gazdasági rendszerek kezelésére alkalmazott más szoftver rendszerekkel. A Kaposvári Egyetem Gazdaságtudományi Karának tevékenységét valamint a Gazdálkodás és Regionális Tudományok Doktori Iskola profilját is figyelembe véve, magam is törekedni fogok a gazdasági alkalmazásokhoz vezető együttműködésre.

Szűkebb szakmai szempontból, várhatóan további izgalmas kutatómunka körvonalazódik a többszemponútú értékelés Pareto frontjának interaktív és/vagy automatikus elemzésén alapuló módszerek kidolgozásában. Ehhez kapcsolódóan várható, hogy a szűkebb értelemben vett optimalizálási feladatok mellett, további feladatok jelentkeznek a döntés támogató rendszerek területén.

7. A DISSZERTÁCIÓ TÉMAKÖRÉBŐL MEGJELENT PUBLIKÁCIÓK

Idegen nyelven teljes terjedelemben megjelenő közlemény:

- Aranyi, A., Temesvári, K., Csukás, B. and Balogh, S. (1998). Computer assisted design of industrial scale chromatographic separation. *SPICA Strassbourg*, 152–157.
- Balogh, S. (2009). Multicriteria decision support by genetic algorithm. *Regional and Business Studies (under submitting)*.
- Csukas, B. and Balogh, S. (2001). Evolutionary synthesis of almost closed conservational processes. *Gani and S. B. Jorgensen Eds., European Symposium on Computer Aided Process Engineering , Computer Aided Process Engineering, Elsevier 9*, 381–386.
- Csukás, B. and Balogh, S. (1996). Combining genetic programming with generic simulation models in evolutionary synthesis. *In, Bertrand, Jafari, Fransoo, Rutten Eds*, 158–172.
- Csukás, B. and Balogh, S. (1998). Combining genetic programming with generic simulation models in evolutionary synthesis. *Computers in Industry 36*, 181–197.
- Csukás, B., Balogh, S. and Bánkuti, G. (2005). Generic bi-layered net model – general software for simulation of hybrid processes, in, daoliang li and Íbaoji wang eds., artificial intelligence applications and innovations ii. 2nd ifip conference of tc12 wg 12.5, springer. *pp.*, 700–710.
- Csukás, B., Balogh, S., Kováts, S., Aranyi, A., Kocsis, Z. and Bartha, L. (1999). Process design by controlled simulation of the executable structural models. *Comput. Chem. Engng. 23*, 569–572.
- Csukás, B., Balogh, S. and Structures, E. (1997). Evaluation feedback between the generic simulation and the genetic synthesis. *Joint Conf. of Information Systems*, 1–5.

Csukás, B., Lakner, R., Varga, K. and Balogh, S. (1996). Combining genetic programming with generic simulation models in evolutionary synthesis. *Comput. Chem. Engng.* 20, 61–66.

Temesvári, K., Aranyi, A., Balogh, S., Bánkuti, G. and Csukás, B. (2005). Computer-aided process design of the separation of a two-component steroid mixture by simulated moving bed technique. *J. Ind. Chem. Hung.* 32, 5–12.

Temesvári, K., Aranyi, A., Balogh, S. and Csukás, B. (2004). Simulated moving bed separation of a two components steroid mixture.

Magyar nyelven teljes terjedelemben megjelenő közlemény:

Balogh, S., Csukás, B., Bartha, L., Kocsis, Z. and Kis, G. (2000). Szakaszos polimerizációs recept fejlesztése genetikus algoritmussal összekapcsolt dinamikus szimulátorral. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 36–40.

Balogh, S., Csukás, B., Sógor, A., Budai, M. and Miklósi, M. (2004). Egy soktermékes üzemcsarnok oldószer szennyeződésének szimulációs vizsgálata. *Acta Agraria Kaposvariensis* 8(3).

Balogh, S., Csukás, B., Takátsy, T. and Tari, C. (2000). Többérdekű logisztikai láncok fejlesztése genetikus algoritmussal összekapcsolt dinamikus szimulátorral. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 41–45.

Balogh, S., Négyesi, G., Budai, M., Sógor, A. and Csukás, B. (2003). Szakaszos üzemcsarnok légtér szennyezettségének mérése és dinamikus szimulációja. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 284–290.

Boity, O., Gudlin, G., Tari, C., Balogh, S., Csukás, B. and Takátsy, T. (2001). Kísérlet egy farmgazdálkodást segítő genetikus algoritmussal fejlesztett szimulátor kialakítására. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 242–247.

Csukás, B. and Balogh, S. (2001). Egy konfigurálható, generikus, dinamikus szimulátor és újabb alkalmazási lehetőségei. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 45–50.

- Kis, G., Csukás, B., Bartha, L., Kocsis, Z. and Balogh, S. (2000). Szakaszos polimerizációs művelet számítógéppel segített recept fejlesztése. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 29–51.
- Lukács, A., Takátsy, T., Csukás, B. and Balogh, S. (2001). Baromfiistálló energetikai és makroszintű metabolikus szimulációjának tapasztalatai. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 248–253.
- Takátsy, T., Csukás, B. and Balogh, S. (2000). Az állat és környezete kapcsolatának dinamikus szimulációja. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 22–28.
- Temesvári, K., Aranyi, A., Balogh, S., Bánkuti, G. and Csukás, B. (2004). Kétkomponensű szteroid elegy szimulált mozgó ágyas (smb) elválasztásának számítógéppel segített tervezése. *Acta Agraria Kaposvariensis* 8(3).

Előadások:

- Aranyi, A., Csukás, B., Temesvári, K. and Balogh, S. (1997). Structural model based dynamic simulation of preparative hplc. *International Symposium on Chromatography, Balatonszéplak, September*, 3–5.
- Balogh, S. (2006). A genetikus algoritmussal kapcsolt generikus szimulátor szoftver implementációjának fejlesztése. *V. Alkalmazott Informatika Konferencia*.
- Balogh, S. and Csukás, B. (1995). A makroszintű modell, mint a mikro szintű modell genetikus kódja - a nem string típusú genetikus kód lehetőségei és korlátai. *Műszaki Kémiai Napok'*, 89–90.
- Balogh, S. and Csukás, B. (1996). Számítógéppel segített folyamattervezés a részletes modellel generált és értékelt genetikus algoritmussal. *Műszaki Kémiai Napok'*, 37–38.
- Balogh, S. and Csukás, B. (1997). Esettanulmány dinamikus szimuláció és genetikus algoritmus összekapcsolására. *Műszaki Kémiai Napok'*, 141–142.

- Balogh, S. and Csukás, B. (1998). A genetikus programozás lehetőségei a folyamatmérnöki munkában. *Műszaki Kémiai Napok'*, 5–6.
- Balogh, S. and Csukás, B. (2001). A generikus szimulátorral visszacsatolt kapcsolatban működő genetikus algoritmus és újabb alkalmazási lehetőségei. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 206–209.
- Balogh, S., Lakner, P. R. and Csukás, B. (1994). Több szempontú genetikus algoritmusok vizsgálata. *Műszaki Kémiai Napok'*, 26–28.
- Balogh, S., Négyesi, G., Budai, M., Sógor, A. and Csukás, B. (2003). Szakaszos üzemcsarnok légtér szennyezettségének mérése és dinamikus szimulációja. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém*, 284–290.
- Barthó, I., Sinkó, B. I., Hantos, G., Balogh, S., Csukás, B. and Varga, M. (2006). *Bioreaktor modelljének identifikálása és egy biokonverziós folyamat modell bázisú fejlesztése*. Kaposvár május 26: V. Alkalmazott Informatika Konferencia.
- Csukás, B. and Balogh, S. (1998). Megmaradási folyamatok strukturális modelljének közvetlen leképezése végrehajtható program értékű adatbázisra. *Műszaki Kémiai Napok'*, 54–55.
- Csukás, B., Balogh, S., Takátsy, T., Bóity, O., Guldin, G. and Tari, C. (2001). Mérnöki logisztika az üzemirányításban. *MTA Agrárműszaki Bizottságának Tanácskozása, Gödöllő január*, 23–25.
- Csukás, B., Debelak, K. A., Prokop, A., Balcarcel, R. R., Tanner, R. D., Bánkuti, G. and Balogh, S. (2003). *Generic Bi-layered Net Model Based Discrimination of Chemical and Biological Warfare Agents*, AICHE Annual Meeting, San Francisco, November 16-20. Manuscript 474f.
- Csukás, B., Kováts, S., Aranyi, A., Temesvári, T.-K. and Balogh, S. (1997). A valódi és szimulált mozgó ágyas folyamatos üzemű preparatív kromatográfia szimulációjának tapasztalatai. *Műszaki Kémiai Napok'*, 100–101.

- Domonkos, D., Könczöl, K., Balogh, S., Csukás, B. and Varga, M. (2006). Rekombináns fehérje szintézis számítógépi modellen alapuló fejlesztésének lehetőségei.
- Katona, A., Balogh, S. and Csukás, B. (2006). A generikus kétrétegű háló modell fpga bázisú hardver implementációjának lehetőségei.
- Lehőcz, G., Balogh, S., Bánkúti, G. and Csukás, B. (2005). Gazdasági potenciál számításra alapuló lokális döntéseket támogató algoritmusok fejlesztése. *Informatika a Felsőoktatásban'Konferencia, Debrecen, 24–26.*
- Nagy, K., Csukás, B., Kis, G., Bartha, L. and Balogh, S. (2001). Study on preparation and properties of olefin-maleic-anhydride copolymers. 40th international petroleum conference. *September, 17–19.*
- Nagy, K., Kis, G., Bartha, L., Csukás, B. and Balogh, S. (2001). Olefin - malein-savanhidrid kopoli-merek előállítási körülményeinek és tulajdonságainak vizsgálata. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém, 24–26.*
- Takátsy, T., Csukás, B., Balogh, S. and I., L. A. (2001). Az állati metabolizmus makroszintű dinamikus szimulációja mérnöki alkalmazásokra. *MTA Agrárműszaki Bizottságának Tanácskozása, Gödöllő január, 23–25.*
- Temesvári, K., Aranyi, A., Csukás, B. and Balogh, S. (2001). Kísérletek és szimulációs vizsgálatok egy királis elválasztás szimulált mozgó ágyas megvalósíthatóságának elemzéséhez. *Műszaki Kémiai Napok' Veszprém, 24–26.*
- Temesvári, K., Aranyi, A., Csukás, B. and Balogh, S. (2003). Simulated moving bed separation of a two components steroid mixture. *International Symposium on Chromatography, Balatonszéplak, September, 4–6.*
- Temesvári, T.-K., Csukás, B. and Aranyi, A. (1997). Determination of the equilibrium, hydrodynamic and kinetic parameters for the structural modeling of preparative hplc. *International Symposium on Chromatography, Balatonszéplak, September, 3–5.*

- Varga, M., Bíró, B. B., Kitanics, B. T., Bánkúti, G. and Csukás, B. (2005).
Vállalkozók adózási stratégiáinak szimulációja generikus kétrétegű háló
modellel. *Informatika a Felsőoktatásban'Konferencia, Debrecen, 24–26.*
- Veizer, A., Bánkúti, G., Balogh, S. and Csukás, B. (2005). Metabolikus
hálózatok generikus kétrétegű háló modelljének identifikálása. *Informatika a
Felsőoktatásban'Konferencia, Debrecen, 24–26.*