

## **Recenzja rozprawy doktorskiej**

*Agnieszka Mensfelt*

### **zatytułowanej:**

*The Application of Dissimilarity Measures for 3D Structures to Improve the Effectiveness of Evolutionary Design*

## **1. Problem badawczy i jego znaczenie**

Rozprawa dotyczy znanego w dziedzinie Obliczeń Ewolucyjnych (ang. *Evolutionary Computation*) zagadnienia relacji pomiędzy fenotypem rozwiązania, a jego reprezentacją genotypową. Biorąc pod uwagę stan dziedziny, zagadnienie to wydaje się szczególnie istotne, kiedy rozwiązanie jest zakodowane w formie drzewa. Dlatego, pomimo, że recenzowana rozprawa dotyczy Projektowania Ewolucyjnego (ang. *Evolutionary Design*), jej znaczenie jest w mojej opinii znacznie szersze. W szczególności, przedstawione przez Autorkę propozycje mogą okazać się istotne dla Programowania Genetycznego (ang. *Genetic Programming*).

Jedną z podstawowych intuicji wykorzystywanych w Obliczeniach Ewolucyjnych jest oczekiwanie, że niewielka zmiana w reprezentacji genotypowej danego rozwiązania spowoduje, że otrzymane w ten sposób zmodyfikowane rozwiązanie będzie co prawda różne, ale podobne do pierwowzoru. Rozprawa dotyczy takich reprezentacji rozwiązań, dla których ta intuicja jest często fałszywa. W tym zakresie **ma więc charakter badań podstawowych**. Ponadto, rozprawa na bazie przeprowadzonych analiz i zrozumienia obserwowanych zjawisk proponuje nowy, ulepszony operator mutacji. Moim zdaniem, w **tych zakresie rozprawa ma charakter badań podstawowych i posiada duże znaczenie dla zastosowań Obliczeń Ewolucyjnych w praktyce**, ponieważ propozycje Autorki pozwalają na ich bezpośrednie lub pośrednie wykorzystanie co najmniej w dziedzinach Projektowania Ewolucyjnego (takie wyniki Autorka prezentuje) i Programowania Genetycznego.

## **2. Wkład autora**

Autorka analizuje zagadnienie relacji pomiędzy genotypem a fenotypem rozwiązania na bazie miar niepodobieństwa. Wykorzystywane są miary zaproponowane przez innych badaczy, jak i autorskie propozycje wynikłe z pracy nad rozprawą.

Na bazie analizy wyników uzyskanych za pomocą rozważanych miar niepodobieństwa, Autorka proponuje operatory krzyżowania i mutacji, które wykorzystują te miary po to, aby uzyskać wpływ na podobieństwo osobnika będącego wynikiem działania tych operatorów do osobnika/osobników rodzicielskich.

Autorce nie udało się zaproponować operatora krzyżowania wykorzystującego miary niepodobieństwa, który działałby lepiej od krzyżowania, które nie wykorzystuje takich miar. W mojej opinii, taki wynik nie powinien dziwić, ponieważ w rozważanym przez Autorkę optymalizatorze operator krzyżowania ma (podobnie jak w klasycznym Algorytmie Genetycznym) za zadanie eksplorację przestrzeni rozwiązań. Tak więc, wpływ podobieństwa potomka do rodziców wydaje się być tutaj znacznie mniej istotny. Nie zmienia to faktu, że próba zaproponowania operatora krzyżowania wykorzystującego miary niepodobieństwa była warta podjęcia, a wyniki związane z niepowodzeniem tej próby były warte zaraportowania i analizy, która znalazła się w rozprawie.

Sytuacja z operatorem mutacji jest odwrotna do opisanej powyżej. W wykorzystywanym przez Autorkę optymalizatorze operator mutacji (również podobnie jak w klasycznym Algorytmie Genetycznym) ma za zadanie eksploatację rozwiązań znajdujących się w populacji. A więc jego celem jest wytworzenie nowych rozwiązań, które są inne, ale podobne do rozwiązań poddanych mutacji. W związku z powyższym, można oczekiwać, że użycie miar niepodobieństwa analizowanych i proponowanych w rozprawie może być dobrą podstawą do zaproponowania nowego operatora mutacji, który prowadziłyby do zwiększenia efektywności i/lub wydajności rozważanego optymalizatora. Ten cel Autorka osiąga proponując własny operator mutacji, który wytwarza wiele zmutowanych osobników, a jako wynik zwracany jest ten, który jest najbliższy zadanej wartości miary niepodobieństwa. Taka konstrukcja operatora ma tą zasadniczą zaletę, że pozwala na sterowanie jak podobne lub jak niepodobne do pierwowzoru osobniki są zwracane przez mutację. Wadą takiego rozwiązania jest oczywiście konieczność zdefiniowania dodatkowych parametrów optymalizatora. Jakość działania zaproponowanego operatora mutacji została potwierdzona odpowiednimi badaniami i testami statystycznymi.

W mojej opinii, podjęta tematyka posiada wysoki potencjał naukowy i praktyczny z następujących powodów.

1. Jak wskazałem wcześniej, podjęta tematyka jest ważna nie tylko dla zastosowań w ramach Projektowania Ewolucyjnego, ale także dla Programowania Genetycznego.
2. Propozycje Autorki są oparte na oczywistych intuicjach, ale te intuicje są wcześniej zweryfikowane za pomocą badań wstępnych o dość szerokim zakresie. Takie podejście wyróżnia pozytywnie treść rozprawy, ponieważ Autorka proponuje konkretne mechanizmy przede wszystkim na bazie głębokiego zrozumienia natury przedmiotu, którym się zajmuje.

Zgodnie z informacjami dostępnymi w serwisie Google Scholar, Autorka rozprawy jest współautorem 7 prac naukowych. W tym jednej pracy w czasopiśmie posiadającym wskaźnik *Impact Factor* i jednej pracy na konferencji z rankingiem *Core* (publikacja na konferencji *IEEE Congress on Evolutionary Computation*; ranking *Core*: B). Pozostałe prace są znacząco niższej rangi. Do tej ostatniej grupy należy moim zdaniem zaliczyć również pracę opublikowaną na konferencji GECCO. W mojej opinii konferencja GECCO może być uznana za najlepszą lub jedną z najlepszych obecnie konferencji naukowych zajmujących się obliczeniami ewolucyjnymi, ale praca Autorki została tam opublikowana jako tzw. *poster-paper*, a więc publikacja o najniższej możliwej randze (po pracach typu *full-paper* i *workshop-paper*). W mojej opinii, taki dorobek należy uznać za wystarczający i typowy na tym etapie kariery naukowej. Jednocześnie uważam jednak, że istnieje znacząca różnica pomiędzy wagą podjętego tematu badań i merytoryczną jakością propozycji zaprezentowanych w rozprawie, a jakością i rozmiarem dotychczasowego dorobku Autorki. Biorąc pod uwagę treść rozprawy oczekiwałbym kilku publikacji typu *full-paper* na wiodących konferencjach dziedzinowych (w tym np. GECCO i PPSN) oraz publikacji w wyżej ocenianych czasopismach dziedzinowych np. *Applied*

*Soft Computing, Information Sciences*, lub (w niżej punktowanym wg MNiSW, ale cieszącym się w mojej opinii znacznie wyższym poziomem naukowym) *Swarm and Evolutionary Computation*. Być może przeszkodą w osiągnięciu lepszego wyniku publikacyjnego były pewne braki techniczne, które ujawniły się również w treści rozprawy (które jednak nie umniejszają znaczenia przedstawionych propozycji). Takie uchybienia, choć drobne, mogą znacząco utrudniać Autorce publikowanie wyników na najwyższym światowym poziomie (np. na konferencjach GECCO, lub PPSN oraz w czasopiśmie *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*). Moim zdaniem jest to istotne, ponieważ przedstawiony w rozprawie materiał posiada potencjał publikacyjny na takim właśnie poziomie.

### 3. Poprawność

Niezależnie od wysokiej jakości merytorycznej pracy, można w niej wskazać elementy, które mogą budzić wątpliwości, lub wymagają dopracowania.

#### 1. Uwagi do protokołu badawczego.

W mojej opinii, wyniki przedstawione w rozprawie są wiarygodne i uzasadniają twierdzenie Autorki, że zaproponowany w rozprawie operator mutacji oparty o miary niepodobieństwa podnosi skuteczność mutacji dla rozważanych przypadków problemów optymalizacji, których dotyczy praca. Niemniej jednak jakość i zakres badań mogą i powinny być znacząco rozszerzone. Zwłaszcza, jeśli Autorka myśli o publikacjach na najwyższym światowym poziomie, na który moim zdaniem zasługuje ta tematyka.

#### 1.1. W Tabelach 5.1 i 5.4 podane są parametry dla przebiegów testowych dla wyników badań zaprezentowanych w rozprawie.

Z tych Tabel wynika, że jako kryterium zatrzymania wykorzystywana jest liczba iteracji danej metody. W kontekście przedstawionych wyników badań nie jest to błąd, ponieważ wszystkie wersje rozważanej metody używają dokładnie tych samych ustawień. Jednak takie rozwiązanie ma następujące istotne wady:

1.1.1. Gdyby Autorka rozwinęła swój protokół badawczy o inne optymalizatory, które używają innych ustawień w zakresie rozmiaru populacji albo prawdopodobieństwa krzyżowania i mutacji, wtedy kryterium zatrzymania oparte o liczbę iteracji może uniemożliwić przeprowadzenie wiarygodnego porównania.

1.1.2. Faktyczny nakład obliczeniowy w eksperymentach, których dotyczy Tabela 5.1. i w eksperymentach, których dotyczy Tabela 5.4. jest różny. Powody są następujące. W eksperymentach, których dotyczy Tabela 5.1., od drugiej iteracji 35% osobników potomnych to kopie, a więc nie należy ich powtórnie oceniać. Tymczasem, w eksperymentach, których dotyczy Tabela 5.4. liczba oczekiwanych kopii wśród osobników potomnych wynosi  $(1-0.25) \cdot (1-0.65) = 0.26$ , czyli około 26%. Oznacza to, że faktyczny nakład obliczeniowy w eksperymentach, których dotyczy Tabela 5.4 jest znacząco większy niż w eksperymentach, których dotyczy Tabela 5.1. Nie powoduje to, że badania są niewiarygodne, ponieważ, te dwie grupy eksperymentów są analizowane oddzielnie. Niemniej jednak fakt, że w tych dwóch grupach eksperymentów użyto innego budżetu obliczeniowego jest nieintuicyjny i może zaskakiwać.

Z powodów wymienionych powyżej, uważam, że nakład obliczeniowy powinien być oparty na liczbie ocenionych rozwiązań, a nie na liczbie iteracji. Ewentualnie można użyć ograniczenia ze względu na czas obliczeń, o ile Autorka potrafi wykazać, że jest ono wiarygodne dla przeprowadzonych badań.

1.2. Wśród optymalizatorów wielokryterialnych wymienionych w sekcji 6.1 brakuje metody MOEA/D. Jest to istotny brak z dwóch powodów. Po pierwsze, MOEA/D to podstawa wielu prac naukowych i jest to wysoce popularny optymalizator, należy go więc uwzględniać w swoich badaniach. Po drugie, optymalizatory wielokryterialne oparte o MOEA/D, zwłaszcza te dobrze opublikowane, w ostatnich latach często osiągają znacząco lepsze wyniki niż optymalizatory oparte o NSGA-II. Na przykład, przeglądając jeden z numerów czasopisma *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, można znaleźć cztery prace [m1-m5]. Tylko w pracy [m5] jakość wyników NSGA-II jest porównywalna z jakością wyników MOEA/D. W pozostałych pracach jakość wyników optymalizatorów bazujących na MOEA/D jest znacząco wyższa [m1,m2,m4], lub wyniki NSGA-II zostały pominięte [m3].

Pominięcie MOEA/D nie podważa wiarygodności wyników badań zaprezentowanych w rozprawie, jest jednak znaczącym brakiem.

1.3. Tabela 6.1. podaje ustawienia parametrów zestawu różnych optymalizatorów, które następnie są uruchomione z wykorzystaniem 3 różnych niepodobieństw (*gene*, *opt* i *shape*). Biorąc pod uwagę przedstawione wyniki badań, można porównywać wyniki uzyskane w obrębie jednego optymalizatora. Jednak porównanie jakości wyników pomiędzy różnymi optymalizatorami budzi moje poważne zastrzeżenia. Powody są następujące. Treść pracy nie precyzuje wprost, jakie ustawienia były wykorzystane dla poszczególnych optymalizatorów. Z kontekstu wynika, że każdy optymalizator wykorzystywał wspólne ustawienia przedstawione w Tabeli 6.1. Jeżeli tak było, to nie można porównywać optymalizatorów między sobą, ponieważ każdy z nich może wymagać innych ustawień. Na przykład, można wykorzystać standardowy Algorytm Genetyczny (AG) do optymalizacji pewnego problemu, gdzie ze strojenia tegoż optymalizatora wynika, że najlepiej używać populacji o rozmiarze 1000. Ta podstawowa wersja AG zostaje następnie porównana z jej zmodyfikowaną wersją do której wprowadzono efekt Baldwina (genotyp każdego osobnika w ramach procesu oceny jest optymalizowany algorytmem zachłannym, a jakość osobnika to jakość rozwiązania po tej optymalizacji, jednocześnie oryginalny genotyp nie ulega zmianie). Pomimo tego, że wszystkie pozostałe parametry AG zostały zachowane, istnieje wysokie prawdopodobieństwo, że zmodyfikowane AG wykorzystujące efekt Baldwina będzie wymagać mniejszej populacji do skutecznego działania.

Z tego powodu uważam, że porównanie jakościowe pomiędzy poszczególnymi optymalizatorami jest metodologicznie błędne. Nie dotyczy to jednak wiarygodności porównania wyników w obrębie danego optymalizatora, a zatem nie wpływa negatywnie na analizę wyników związaną z głównym celem pracy.

2. Zaskakujące lub nieprecyzyjne stwierdzenia.

(Sekcja 1.2) „*For some simple problems, e.g. a knapsack problem [171], a genotype corresponds directly to a phenotype.*”

Powyższe stwierdzenie jest dla mnie niezrozumiałe. Nie wiem, jakie dokładnie problemy są uważane przez Autorkę za „proste”. Problem plecakowy należy do klasy problemów NP-trudnych [knap]. Z kontekstu zdania wynika, że być może chodziło o to, że problem plecakowy pozwala tak zakodować rozwiązanie, że genotyp jest równoważny z fenotypem. Takich problemów jest jednak wiele i określenie, że są one „proste” jest co najmniej dyskusyjne. Dlatego uważam, że stwierdzenie takie jak powyżej powinno być sformułowane bardziej precyzyjnie, czyli tak, aby nie budzić niepotrzebnych wątpliwości.

(Sekcja 1.3.2) „*Scaling refers to the way in which alleles within a genotype are mapped into a phenotype. In uniform scaling, all alleles (building blocks) affect fitness equally.*”

W nazewnictwie dotyczącym Obliczeń Ewolucyjnych określenie „allel” oznacza wartość pojedynczego genu (zmiennej). W konkretnym przypadku allel może być tożsamy z „blokiem budującym” (ang. *building block*) jednak te pojęcia są różne. Praca [bb] definiuje pojęcie bloku budującego jako fragmentu rozwiązania, które jest wysokiej jakości. Co więcej, blok budujący to nie tylko pewna **podgrupa** alleli – allele w bloku budującym są od siebie zależne. Wreszcie, kluczem do efektywności optymalizatorów opartych o ideę Algorytmu Genetycznego jest identyfikacja bloków budujących w celu ich rekombinacji. Autorzy [bb] podkreślają, że identyfikacja bloków budujących może być zadaniem trudnym, na przykład ze względu na to mogą się one wzajemnie przenikać.

Stwierdzenie, że każdy allel ma ten sam wpływ na jakość rozwiązania również jest nieprecyzyjne. W zależności od kontekstu (wartości innych zmiennych) wartość danego allelu może mieć różny wpływ na jakość rozwiązania. Weźmy pod uwagę następujący przykład. Maksymalizujemy wartość funkcji  $f(x_1, x_2, x_3, x_4) = (x_1 + x_2)(x_3 + x_4)$ , gdzie  $x$  to wektor binarny o rozmiarze 4. Intuicja wskazuje, że taka funkcja zostanie określone jako *uniform*, ponieważ wszystkie zmienne (a nie ich wartości) mają takie samo znaczenie. Weźmy jednak pod uwagę rozwiązanie *0001* (zauważmy, że  $f(0001) = 0$ ). Dla takiego rozwiązania, zmiana wartości genu nr 1 z 0 na 1 da rozwiązanie *1001*, dla którego  $f(1001) = 1$ . A więc dla takiego rozwiązania, allel o wartości 1 dla genu nr 1 zwiększa jakość rozwiązania, a allel o wartości 1 dla genu nr 3 nie. Tak więc twierdzenie, że każdy allel ma ten sam wpływ na wartość rozwiązania jest co najmniej nieprecyzyjne.

Z powyższych powodów, moim zdaniem, należałoby najpierw wskazać, że każda optymalizowana funkcja może składać się z wielu podfunkcji i jeżeli wszystkie podfunkcje mają identyczne definicje, to wtedy ich wpływ na jakość rozwiązania może być taki sam o ile pozwala na to struktura problemu. Innymi słowy jeśli problem jest częściowo separowalny (wszystkie podfunkcje są rozłączne), podfunkcje są identyczne i relacja między nimi (np. suma) jest taka sama, to każda podfunkcja ma ten sam wpływ na jakość rozwiązania. Jeżeli jednak jakaś grupa podfunkcji współdzieli ze sobą zmienne, a inne nie, to wtedy trudno mówić o identycznym wpływie poszczególnej podfunkcji (a tym bardziej pojedynczych alleli) na jakość rozwiązania.

Być może dobrym punktem do zaproponowania przekonującej definicji byłoby wykorzystanie dekompozycji Walsh’a [walsh, whitley] i stwierdzenie, że wpływ dwóch zmiennych na jakość rozwiązania jest ten sam jeśli odpowiednie współczynniki Walsh’a mają równe wartości.

(Sekcja 1.3.2) “*Non-uniform scaling can slow down the convergence and make the algorithm prone to genetic drift.*”

W powyższym zdaniu brakuje odpowiednich odniesień do literatury (patrz punkt 3). Jednak moim zdaniem jest ono również nieprawdziwe z dwóch powodów. Rozpatrzmy następujący

przykład. Maksymalizujemy wartość funkcji  $f(x_1, \dots, x_{100}) = f_s(x_1, \dots, x_{50}) + 100 \cdot f_s(x_{51}, \dots, x_{100})$ . Intuicja wskazuje, że wartości zmiennych od  $x_{51}$  do  $x_{100}$  będą miały znacząco większy wpływ na jakość rozwiązania. Dlatego przy odpowiedniej definicji funkcji  $f_s$  może zajść sytuacja taka, że Algorytm Genetyczny będzie skupiał się najpierw na znalezieniu jak najlepszej wartości funkcji  $f_s$ , dla zmiennych  $x_{51}-x_{100}$ , a po jej zoptymalizowaniu (kiedy zmiany wartości zmiennych  $x_{51}-x_{100}$ , nie będą już prowadzić do poprawy wartości  $f_s$ , a więc i całej  $f(x)$ ) skupi się na optymalizacji wartości zmiennych  $x_1-x_{50}$ . Nie zgadzam się, że taka sytuacja jest niekorzystna. Jeżeli funkcja  $f_s$  jest skomplikowana (np. posiada wiele optimów lokalnych), to oddzielne zoptymalizowanie poszczególnych członów problemu (najpierw zmiennych  $x_{51}-x_{100}$ , a dopiero potem zmiennych  $x_1-x_{50}$ ) może dać wyniki znacznie lepszej jakości.

Drugi powód, dla którego omawiane stwierdzenie uważam za niefortunne jest następujący. Pojęcie „*genetic drift*” [drift] odnosi się do sytuacji, w której istnieje wysokie prawdopodobieństwo, że niewielkie zmiany wprowadzane do danego rozwiązania (np. przez operator mutacji) będą poprawiać jakość rozwiązania, ale jednocześnie w przestrzeni genotypu (np. w sensie odległości Hamminga) oddalają to rozwiązanie od rozwiązania optymalnego. Nie widzę, żadnego związku pomiędzy cechą problemu nazwaną „*non-uniform*” a pojęciem „*genetic drift*”. Dlatego omawiane stwierdzenie powinno być albo pominięte, albo dokładnie wyjaśnione.

3. Niektóre stwierdzenia dobrze byłoby wesprzeć odpowiednimi odnośnikami do bibliografii. Na przykład:

(Introduction) „*Evolutionary optimization methods can explore the solution space more extensively and discover optimal solutions that are beyond human imagination.*”

(Sekcja 1.3.2) „*Non-uniform scaling can slow down the convergence and make the algorithm prone to genetic drift.*”

(Sekcja 4.2.2) „*This means that the high-fitness structures tend to be highly dissimilar from the structures with the same or better fitness in terms of the gene measure.*”

Moim zdaniem Autorka powinna uzupełnić powyższe zdanie o odpowiednie odnośniki do własnego dorobku naukowego.

4. Spójność nazewnictwa. Dla optymalizatorów opartych o ideę Algorytmu Genetycznego można stosować różne nazwy, które są prawidłowe. Na przykład: „metoda”, „optymalizator”, lub „algorytm”. Jednak moim zdaniem, w obrębie jednej pracy naukowej należy zawsze używać jednej i tej samej nazwy. Tymczasem, w rozprawie w różnych miejscach używane są różne nazwy.
5. Drobne błędy językowe i potencjalne poprawki stylistyczne. Ich wystąpienie nie wpływa na jakość pracy.  
(Sekcja 1.4.2) „*Fig. 3.6 show the dissimilarity values computed for sample pairs of structures with different density values.*”  
Powinno być: „*Fig. 3.6 shows the dissimilarity values computed for sample pairs of structures with different density values.*”

(Sekcja 1.4.2) *“The first step in the parameter tuning was to set the value of density, which controls the resolution of sampling of the 3D model surface, as this is the most computationally intensive step in the algorithm.”*

Sugerowałbym zamianę określenia “intensive” na “expensive”.

(Sekcja 4.1) *“It is worth noting, however, that this measure is not invariant to the choice of genetic representation and operators, as they may affect the topology of the solution space and, consequently, the fitness landscape.”*

Konstrukcja zdania sugeruje kalkę z języka polskiego. Proponowałbym opuszczenie ozdobników, które nie wpływają na treść i zredukowanie zdania do:

*„However, this measure is not invariant to the choice of genetic representation and operators, as they may affect the topology of the solution space and, consequently, the fitness landscape.”*

[knap] Erlebach, T., Kellerer, H., Pferschy, U., “Approximating Multi-objective Knapsack Problems,” *Dehne, F., Sack, JR., Tamassia, R. (eds) Algorithms and Data Structures. WADS 2001. Lecture Notes in Computer Science*, vol. 2125. 2001.

[bb] D.E. Goldberg, “The Race, the Hurdle, and the Sweet Spot: Lessons from Genetic Algorithms for the Automation of Design Innovation and Creativity”, *IlligAL Report No. 98007*, 1998.

[walsh] Heckendorn R. B., Wright A. H., “Efficient linkage discovery by limited probing,” *Evolutionary Computation*, 12, 4 (2004), 517–545, 2004.

[whitley] Whitley D., “Next Generation Genetic Algorithms: A User’s Guide and Tutorial,” 10.1007/978-3-319-91086-4\_8, 2018.

[drift] J. He, T. Chen and X. Yao, "On the Easiest and Hardest Fitness Functions," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 19, no. 2, pp. 295-305, 2015.

[moead] Q. Zhang, H. Li, Moea/d: A multiobjective evolutionary algorithm based on decomposition, *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 11 (6), 712–731, 2007.

[m1] Q. Zhang, S. Yang, S. Jiang, R. Wang and X. Li, "Novel Prediction Strategies for Dynamic Multiobjective Optimization," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 24, no. 2, pp. 260-274, 2020

[m2] M. Rong, D. Gong, W. Pedrycz and L. Wang, "A Multimodel Prediction Method for Dynamic Multiobjective Evolutionary Optimization," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 24, no. 2, pp. 290-304, 2020.

[m3] L. Cao, L. Xu, E. D. Goodman, C. Bao and S. Zhu, "Evolutionary Dynamic Multiobjective Optimization Assisted by a Support Vector Regression Predictor," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 24, no. 2, pp. 305-319, 2020.

[m4] M. K. Tomczyk and M. Kadziński, "Decomposition-Based Interactive Evolutionary Algorithm for Multiple Objective Optimization," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 24, no. 2, pp. 320-334, 2020.

[m5] Y. Tian, X. Zhang, C. Wang and Y. Jin, "An Evolutionary Algorithm for Large-Scale Sparse Multiobjective Optimization Problems," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 24, no. 2, pp. 380-393, 2020.

#### **4. Wiedza kandydata**

Rozprawa prezentuje dogłębną i prawidłową analizę dziedziny, której dotyczy. Uchybienia dotyczące pracy, które przedstawiłem w poprzednim rozdziale nie podważają wniosku, że Autorka posiada dogłębną i szeroką wiedzę w zakresie, którego dotyczy praca.

## 5. Inne uwagi<sup>1</sup>

Jako jeden z potencjalnie obiecujących kierunków badań rozprawa wymienia:

*Developing a dissimilarity crossover operator that will not rely on the native operators.*

Biorąc pod uwagę obecny stan badań w dziedzinie Obliczeń Ewolucyjnych rozważyłbym raczej poszukiwanie takich operatorów krzyżowania, które pozwolą zidentyfikować konkretne podstruktury rozwiązań (analogia do bloków budujących), które potencjalnie mogą być składowymi wysokiej jakości rozwiązań. Opracowanie operatorów, które konstruują rozwiązania za takich bloków wydaje się obiecujące. Oczywiście, jest to jedynie moja bazująca na własnej intuicji opinia, która nie ma wpływu na ocenę rozprawy.

## 6. Podsumowanie

Biorąc pod uwagę opinie zaprezentowane w poprzednich punktach i wymagania zdefiniowane przez art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (z późniejszymi zmianami)<sup>2</sup> moja ocena rozprawy pod względem trzech podstawowych kryteriów jest następująca:

A. Czy rozprawa zawiera oryginalne rozwiązanie problemu naukowego? (wybierz jedną opcję stawiając znak X)


<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE

B. Czy po przeczytaniu rozprawy zgadzasz się, że kandydat posiada ogólną wiedzę teoretyczną w dyscyplinie Informatyka techniczna i telekomunikacja?

<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE

C. Czy kandydat posiada umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej?

<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE

  
\_\_\_\_\_  
Podpis

<sup>1</sup> Opcjonalnie

<sup>2</sup> <http://isap.sejm.gov.pl/isap.nsf/DocDetails.xsp?id=WDU20190000276>