

dr hab. inż. Michał Małafiejski, prof. PG
Politechnika Gdańska
Wydział Elektroniki, Telekomunikacji i Informatyki
ul. Narutowicza 11/12, 80-233 Gdańsk
email: micmalaf@pg.edu.pl

Recenzja rozprawy doktorskiej
mgra inż. Bartłomieja Szawulaka

zatytułowanej:

Metody porównywania modeli złożonych systemów biologicznych wyrażonych za pomocą sieci Petriego

Tematyka pracy, sformułowanie problemu badawczego i wkład Autora

Rozprawa doktorska *mgra inż. Bartłomieja Szawulaka* poświęcona jest badaniu metod porównywania klasycznych (dyskretnych) sieci Petriego tworzonych jako dedykowane modele opisujące złożone zagadnienia biologiczne, np. sieci metaboliczne czy sieci regulacji genowych. Odniesienie do systemów biologicznych jest wielokrotnie podnoszone w pracy w kontekście, m.in. oceny wypracowanych metod i stanowiło istotną motywację autora do prowadzenia badań w interdyscyplinarnej dziedzinie biologii systemów, łączącej złożone zagadnienia z biologii, modele matematyczne oraz metody informatyczne. Sieci Petriego stanowią istotny i dobrze zbadany model matematyczny wykorzystywany w analizie procesów równoległych z wieloma jednoczesnymi interakcjami. Praca ma głównie charakter eksperymentalny, zaproponowane i wykorzystane przez Autora modele matematyczne oraz wypracowane i zastosowane algorytmy służące do analizy i porównywania sieci mają za zadanie dostarczyć potencjalnych metod i narzędzi dla badaczy z dziedziny biologii systemów.

Podstawowym celem badawczym postawionym przez Autora było wypracowanie metod służących porównaniu modeli systemów biologicznych przedstawionych za pomocą sieci Petriego, czyli skierowanych grafów dwudzielnych z wyróżnionymi dwoma typami wierzchołków (miejsca i tranzycje), zasobami (tokenami) w wierzchołkach (miejscach) wraz z dodatkowymi warunkami określającymi zasady migracji tokenów pomiędzy miejscami kontrolowanymi przez sąsiednie do nich tranzycje. Autor wyróżnił i przeanalizował dogłębnie kilka podejść do problemu porównywania sieci w oparciu o analizę strukturalną sieci oraz analizę przepływów tokenów w sieci, adaptując i rozwijając koncepcje znane w literaturze przedmiotu. Zagadnienie porównywania sieci Petriego, czy ogólniej porównywania sieci, mieści się w dobrze ugruntowanej dziedzinie określanej jako *teoria grafów*, w której modele matematyczne są od lat dobrze

opisane i jest ogromne bogactwo metod analitycznych oraz algorytmicznych. W kontekście badania własności sieci są znane podejścia oparte o analizę spektralną, metody lokalne (własności małych lokalnych struktur), metody dystansowe i wiele innych, definiuje się i bada różne parametry grafowe (sieciowe). W celu pośredniego porównywania sieci wykorzystuje się parametry zdefiniowane dla jednej sieci i porównuje się je z parametrami innej sieci, np. rozkłady stopni, rozkłady długości ścieżek, współczynniki klastryzacji i wiele innych. W celu bezpośredniego porównywania sieci wykorzystuje się koncepcje izomorfizmów na całych sieciach lub podstrukturach, bada się dystans grafowy, grafowe odległości edycyjne, a poprzez umiejętne dekompozycje sprowadza się porównanie sieci do porównania wydzielonych podsieci. Porównywanie sieci Petriego jako dwudzielnych grafów skierowanych stwarza dodatkowe wyzwania i czyni problem trudniejszym do analizy w porównaniu do grafów (sieci) prostych. Autor wyczerpująco podszedł do analizy istniejących metod porównywania sieci (w kontekście systemów biologicznych) wydzielając i analizując dostępne w literaturze przedmiotu podejścia, wprowadzając własne modyfikacje i usprawnienia, i finalnie skupił się na następujących metodach opartych o:

- *t-niezmienności* (reprezentujące cykliczne marszruty w grafach osiągalnych stanów utworzonych dla danej sieci Petriego), które wykorzystał w metodzie dekompozycji sieci bazującej na wydzieleniu i porównaniu *t*-komponentów (jest to adaptacja metody porównania *t*-niezmienności),
- *(di)graflety*, wyszukując lokalnie w sieciach i zliczając wystąpienia podgrafów indukowanych izomorficznych z danym grafletem uwzględniając dodatkowo podział zbioru wierzchołków grafletu na rozłączne klasy (tzw. orbity) uzyskane w wyniku działania grupy automorfizmów grafletu na zbiorze wierzchołków tego grafletu,
- *wierzchołki rozgałęziające* (stopnia 3 lub większego), co sprowadza się do analizy grafu skierowanego po kontrakcji (ściągnięciu, redukcji) ścieżek z wierzchołkami stopnia 2 i uwzględnieniu sąsiedztwa wierzchołków rozgałęziających w nowo utworzonym zredukowanym grafie (już niekoniecznie dwudzielnym) oraz długości ściąganych ścieżek,
- *dekompozycję sieci*, tzn. podział sieci na podsieci o pewnych dodatkowych własnościach (rozłącznych krawędziowo, spójnych, związanych z *t*-niezmiennościami, etc), z ewentualną redukcją struktury sieci oraz z uwzględnieniem analizy wpływu części granicznych (wspólnych) w miejscach podziału.

Przedstawione w rozprawie wyniki badań, tzn. opis zaproponowanych metod algorytmicznych, przeprowadzone testy i szczegółowa analiza wyników oraz możliwości zastosowania tych metod dla wybranych zastosowań w biologii systemowej, Autor opublikował w następujących (chronologicznie) publikacjach:

1. pozycja [35] (2021), *The crosstalk between sars-cov-2 infection and the raa system in essential hypertension—analyses using systems approach*, **International Journal of Molecular Sciences**,

2. pozycja [120] (2022), *Graphlets in comparison of Petri net-based models of biological systems*, **Scientific Reports**,
3. pozycja [121] (2025), *Comparison by partition—Finding Petri nets similarity on the basis of subnet* (praca ukazała się w czasopiśmie **Computers in Biology and Medicine** w marcu 2025 roku),
4. pozycja [122] (2025+), *Graphlet degree distribution sensibility in Petri net with low density*. (praca zaakceptowana do publikacji w **IEEE Transactions on Computational Biology and Bioinformatics**).

Wszystkie pozycje są publikacjami współautorskimi zamieszczonymi w renomowanych czasopismach naukowych o wysokim *IF* i dotyczą bezpośrednio wyników prezentowanych w przedłożonej rozprawie doktorskiej. Warto odnotować również fakt, że Autor jest współautorem publikacji (pozycja [103] (2017)) prezentującej system *Holmes* stworzony w celu analizy własności sieci Petriego. Biorąc pod uwagę, że w trzech ze wskazanych publikacji autor jest jednym z dwóch współautorów, oceniam, że wkład autora w wyniki prezentowane w rozprawie jest wysoki. Ponadto, z uwagi na wysoki poziom recenzowanych czasopism oraz na podstawie znajomości literatury przedmiotu badań, mogę stwierdzić, że wyniki prezentowane w niniejszej rozprawie można uznać za oryginalne i wartościowe dla danej dziedziny badań.

Ocena merytoryczna pracy

Rozprawa doktorska mgr inż. Bartłomieja Szawulaka liczy 160 stron i składa się z 11 rozdziałów, streszczenia oraz bibliografii. Pierwsze trzy rozdziały mają charakter wstępny i zawierają podstawowe pojęcia i koncepcje. W rozdziałach 4 – 6 prezentowane są bardziej zaawansowane koncepcje: dekompozycji sieci (rozdział 4), wierzchołków rozgałęziających (rozdział 5) oraz grafletów (rozdział 6). W rozdziałach 7 – 10 opisane są szczegółowe eksperymenty związane z metodami porównywania sieci. Główne eksperymenty porównywania sieci były przeprowadzone na opisanych w literaturze sieciach biologicznych i nie miały masowego charakteru. Główna wartość naukowa rozprawy skoncentrowana jest w rozdziałach 7 – 10, które dalej szczegółowo przeanalizuję.

W rozdziale 7 Autor prezentuje metodę porównania sieci Petriego uwzględniającą analizę przepływów w sieciach przez porównanie struktur sieci utworzonych na podstawie *t*-niezmienników (*t*-komponentów) zamieszczając trzy szczegółowo analizowane przypadki porównania sieci. Pierwsza analizowana sieć pochodzi z pracy Autora [35] i przedstawia model układu krwionośnego pacjenta z szeregiem chorób. Drugi przypadek dotyczy porównania sieci z artykułu [69] i opisuje model równowagi między pro- i antyoskydantami. Trzeci przypadek dotyczył porównania modeli sieci przedstawiających procesy naprawy DNA i najpewniej pochodzą z pracy [10] (Autor nie napisał tego wprost). W każdym przypadku porównywana była sieć oryginalna z jej podsiecią (z wyłączonym fragmentem). Wszystkie porównywane sieci miały rozmiar rzędu kilkudziesięciu wierzchołków i pochodziły z rzeczywistych zastosowań. W prezentowanych wnioskach

Autor wskazał ograniczenia tej metody i omówił potencjalne problemy. Zastosowane przez Autora podejście, które w zamierzeniu miało dostarczyć potencjalnie cenne wnioski dla ekspertów (biologów, lekarzy) jest uzasadnione, jednak ograniczyło moim zdaniem możliwości dogłębnej analizy metody. Zdecydowanie brakuje próby oszacowania jakości metody porównywania w zależności od rozmiaru porównywanych sieci, np. dla sieci z rysunku [7.2] można było wydzieleć zestaw kilkunastu lub więcej podstruktur i dokonać wyczerpującej analizy porównawczej w zależności od ich położenia, rozmiaru, etc. Z punktu widzenia badania własności metody takie wyniki mają wartość naukową, niezależnie od braku możliwości wnioskowania w kontekście sieci biologicznych (schorzenia, etc). Ponadto, dla tej metody porównania, jak i dla kolejnych, brakuje eksperymentów na sieciach losowych o dobrze sformułowanych i uzasadnionych modelach tworzenia sieci.

W rozdziale 8 Autor przedstawia wyniki analizy metody porównywania sieci Petriego za pomocą wierzchołków rozgałęziających, dokładniej poprzez zliczanie podsieci indukowanych przez wierzchołki rozgałęziające oraz ich końcówki (bezpośrednich sąsiadów w grafie zredukowanym). W testach zaproponowanych algorytmów wykorzystano różne sieci szlaków metabolicznych z artykułu [51] o rozmiarze kilkudziesięciu wierzchołków. Drugi eksperyment odnosił się do sieci opisujących chorego pacjenta, niestety Autor nie podał źródeł skąd zaczerpnął sieci przedstawione na Rysunkach 8.8 oraz 8.9, choć najpewniej była to pozycja [35] z uwagi na tematykę związaną z SARS-CoV-2. Podobnie jak poprzednio, brakuje eksperymentów o charakterze masowym na wielu wydzielonych podsieciach (np. z rysunku 8.8) lub na sieciach losowych o dobrze sformułowanych i uzasadnionych modelach tworzenia sieci.

W rozdziale 9, który zawiera wyniki z pracy [123] i wydaje się najważniejszym w rozprawie, Autor opisał szereg metod opartych o dekompozycje sieci z wyszukiwaniem podstruktur (w tym podsieci) o ustalonych cechach. Na uwagę zasługuje uwzględnienie w analizie prezentowanych metod biologicznej perspektywy wydzielanych podstruktur, m.in. jakie warunki musi spełniać podstruktura, aby była uznana za istotną z biologicznej perspektywy. Autor skoncentrował się na kilku typach podstruktur indukowanych, zastosował wybrane redukcje strukturalne (np. wykorzystujące wierzchołki (tranzycje) rozgałęziające) oraz wykorzystał w analizowanych przykładach sieci z artykułu [111] (opisujących procesy NER, naprawy DNA). Solidny i dobrze udokumentowany rozdział. Jedyne drobne mankament to dwukrotne odwołanie do *metody węgierskiej* bez chociażby drobnego komentarza czy podania źródła.

Rozdział 10 stanowi uzupełnienie eksperymentów przedstawionych w rozdziałach 6-9 i zawiera testy na kolejnych sieciach Petriego, w tym również spoza biologii, np. opisujących protokoły komunikacji (małe sieci o rozmiarze około 30 wierzchołków). Na uwagę zasługuje dodatkowa ewaluacja wcześniej opisanych metod.

Bibliografia składa się z 144 pozycji, z czego 6 pozycji jest współautorstwa mgr inż. Bartłomieja Szawulaka. Z drobnych uwag, nie wszystkie czasopisma zachowują konwencję pisania całych tytułów czasopism wielkimi literami (np. pozycja [35]) czy nie wszędzie są podane numery stron (np. w pozycji [39] brakuje podanych stron 223-239).

Uwagi krytyczne i pytania

- O ile wkład eksperymentalny pracy ma wysoką wartość i rozdziały 7 – 10 są dopracowane merytorycznie i redakcyjnie, to pozostałe fragmenty pracy, w tym prezentacja formalnych pojęć i oznaczeń, niektórych metod i algorytmów pozostawia wiele do życzenia i wymaga osobnych wyjaśnień. W dalszej części znajduje się lista szczegółowych uwag.
- Zasadniczo autor niepotrzebnie unikając formalizacji języka wpada w pułapkę niepoprawnego używania wyrazów o nieprecyzyjnym lub błędnym znaczeniu w opisowych definicjach. Takie podejście jest bardzo kosztowne dla Czytelnika, bowiem wycucie autora nie musi mieć charakteru konsensusowego, dopiero język matematyczny ma (i w tym celu właśnie został stworzony) cechę konsensusu rozumienia zapisanych w nim definicji.
- Istotnym mankamentem pracy jest pominięcie opisu metod generowania losowych sieci Petriego (np. dedykowanych dla konkretnego typu zastosowań biologicznych) i przez to niewykorzystanie ich do analizy metod porównywania (dedykowanych) losowych sieci Petriego. Proszę o komentarz Autora: dlaczego nie była podjęta analiza metod generowania (dedykowanych) losowych sieci Petriego i niewykorzystanie ich w testach?
- Pewną niedbałością Autora jest brak informacji o źródłach sieci przedstawionych na rysunkach, tylko nieliczne zawierają w podpisie pod rysunkiem odwołanie do ich źródła, dla innych są one ukryte w tekście lub w ogóle nie są podane.
- W metodach opartych o dekompozycję sieci, pojawiał się problem zliczania grafletów na granicy wydzielonych struktur. Czy Autor analizował (uwzględniał) graflety, których wierzchołki zawierały się w dwóch granicznych podstrukturach oraz łuki należały do połączenia na granicy struktur?
- W metodzie opartej o zliczanie grafletów faktycznie zlicza się je jako grafy o zaetykietowanych wierzchołkach, proszę zatem uzasadnić krótko dlaczego w Tabeli 6.5 dla grafletu G_{20}^{PN} oraz sieci A jest wartość 12, a nie 24 ($4 \cdot 3!$).
- Zasadniczym mankamentem w porównywaniu sieci Petriego jest fakt, że jedno zjawisko (np. konkretna sieć metaboliczna) można opisać na wiele sposobów przez zupełnie różne sieci Petriego, równoważne w sensie modelowania tego zjawiska, ale o różnej strukturze. I ten problem *wiele-jeden* jest praktycznie nie do pokonania, dlatego moje pytanie brzmi czy są jakieś próby tworzenia *kanonu* (wspólnych zasad), którymi mogliby się kierować autorzy modeli zjawisk wyrażonych za pomocą sieci Petriego, dedykowanych dla poszczególnych zastosowań (np. sieci metabolicznych)?
- Dość poważnym brakiem w przedłożonej rozprawie jest brak jakichkolwiek formalnych uzasadnień własności prezentowanych modeli czy metod, brak jest dowodów matematycznych. Chociaż w wielu miejscach pojawiają się sformułowania, które wymagają uzasadnienia, np. własności związane z orbitami czy grafletami lub zdania podobne do *Podsieci A-C reprezentują drzewiaste struktury, które często można zaobserwować w sieciach*

Petrie bez względu na obszar, w którym się znajdują. (strona 67), czy *Każdy wierzchołek v^{br} posiada niepusty zbiór końcówek* (strona 45), Autor nie podjął żadnej próby formalnego uzasadniania prezentowanych własności. Ponadto, język matematyczny prezentowanych definicji czy koncepcji jest w znacznej mierze niepoprawny lub nieobecny.

Szczegółowa lista uwag prezentowana w kolejności pojawiania się w tekście.

Lista błędów, braków i niejasności

1. *Definicja 3*: Graf zdefiniowany w *Definicji 1* jest grafem prostym, ponieważ E jest zbiorem krawędzi, zdefiniowanych jako pary, a zatem nie dopuszcza wielokrotnych tych samych elementów. Zatem w definicji 3 pojęcie grafu (tak zdefiniowanego) i grafu prostego jest tożsame.
2. *Definicja 5*: *stycznych* - pojęcie jest nieprecyzyjne (niewłaściwe), zasadniczo używa się pojęcia sąsiednich czy sąsiadujących; *sumie* - powinno być *liczbie* (formalnie krawędzie są zbiorami, a suma krawędzi jest pojęciem teoriomnogościowym, bardzo precyzyjnym).
3. *Definicja 7*: *jeśli istnieje* - błędne sformułowanie, kwantyfikator szczegółowy (istnieje) musi być doprecyzowany warunkiem (np. istnieje krawędź należąca do), formalnie można to zapisać np. dla grafu $G = (V, E)$... jeśli $\{v_i, v_j\} \in E$.
4. *Definicja 8*: n - nie jest wprowadzone oznaczenie w definicji, ani w poprzedzającym tekście pomiędzy definicjami, być może chodziło o łańcuch o długości n .
5. *Definicja 8*: łańcuch (marszruta) jako sekwencja wymaga zasadniczo wskazania kolejności branych wierzchołków z kolejnych krawędzi (które są zbiorami), dlatego wskazane jest definiować go jako sekwencję naprzemienną, np. $v_0, e_1, v_1, e_2, v_3, \dots, v_{n-1}, e_n, v_n$, gdzie $e_i = \{v_{i-1}, v_i\}$.
6. *Definicja 10*: definicja niepoprawna, należy dopisać, że żaden z wierzchołków poza ewentualnie początkowym i końcowym.
7. *Definicja 13*: *wchodzących w skład tego grafu* - bardzo nieprecyzyjne i przez to kłopotliwe określenie, wystarczy napisać na początku: $G = (V, E)$ jest ... i dalej: dla każdej pary $v_i, v_j \in V$; dlaczego Autor konsekwentnie unika stosowania matematycznego zapisu i preferuje w definiowaniu pojęć bardzo kłopotliwy swój własny język? Proszę zwrócić uwagę, że dla każdej pary wchodzącej w skład grafu, można słusznie rozumieć jako dla każdej pary $\{v_i, v_j\}$ a zatem krawędzi, a *wchodzącej w skład*, to znaczy należącej do E , wtedy taka definicja spójności mówi, że każdy graf jest spójny (każda krawędź ma dwa końce połączone ścieżką).
8. *Definicja 15*: powinno być $G' = (V', E')$ oraz $G = (V, E)$; graf był wprowadzony jako para uporządkowana i dobrze się tego trzymać konsekwentnie w całej pracy.

9. *Definicja 16*: dobrze uspoźnić oznaczenia, w definicji 1 był podany zbiór $E \subset \dots$, gdzie $\subset$ znaczyło zawiera się lub jest równe, podobnie w definicji 4 ($A \subset \dots$). Rozumiem, że dalej pozostaje takie znaczenie i kolejne oznaczenie $\subseteq$ jest tożsame w znaczeniu z $\subset$?
10. *Definicja 18*: definicja nieprecyzyjna, brakuje informacji jak wyglądają zbiory wierzchołków $G_1, \dots$, czy $V(G_i) = V(G)$ dla każdego i ?
11. *tytuł 2.1.2*: powszechnie używa się sformułowania *Klasy grafów*, słowo *rodzaje* odnosi się raczej do grafów prostych, skierowanych, multigrafów, etc. Dalej użyto sformułowania *typy grafów*, podobna uwaga.
12. *strona 10, linia: -2*: *grafem pełnym* - błąd; powinno być grafem pełnym dwudzielnym.
13. *Definicja 20*: obecna definicja grafu (definicja 1) nie dopuszcza krawędzi wielokrotnych (E jest zbiorem), a zatem na bazie tej definicji nie można definiować multigrafu, musi być stworzona osobna definicja, prosiłbym zaproponować poprawną definicję multigrafu.
14. *Ukorzenione drzewo, punkt odniesienia*: to nie jest poprawna definicja ukorzonego drzewa; dobrze jest zdefiniować ukorzenie drzewa (grafu) poprzez skierowanie jego krawędzi w odpowiedni sposób, proszę zaproponować poprawną definicję ukorzenia drzewa dla danego drzewa (grafu prostego) T .
15. *Grafami planarnymi*: proszę nie używać w definicjach liczby mnogiej. Co oznacza w tym kontekście *żadne dwie krawędzie nie przecinają się*? Chodzi o wszystkie krawędzie jakiegoś zbioru grafów?
16. *Definicja 23*: dobrze wskazać nad jakim alfabetem jest ten ciąg znaków (słowo).
17. *Definicja 25: odpowiednio miejsc i tranzycji*, powinno być *odpowiednio tranzycji i miejsc*; *jest funkcją wag dla każdego łuku*, sformułowanie niejednoznaczne: może być funkcja określona dla każdego łuku lub waga (wartość funkcji) określona dla każdego łuku.
18. *strona 15*: brak (formalnej) definicji aktywacji i uruchomienia. Jeżeli to możliwe, to proszę podać takie definicje.
19. w *Tabeli 2.1* brakuje podanego źródła (publikacji) dla podanego kontekstu naukowego.
20. *strona 16*: błędne definicje wierzchołków wejściowych, warunki są analogiczne jak dla wierzchołków wyjściowych.
21. *Definicja 26*: dwukrotne powtórzenie tego samego napisu (*Dla sieci....*); jest: *między wierzchołkiem p_i a t_j* , powinno być: *między wierzchołkiem t_j a p_i* ; podobnie powinno być: *łączyącego uruchomioną tranzycję z danym miejscem*, kolejność jest równoważnie określona przez kierunek łuku.
22. *krotki $a_{i,j}$* : błędne użycie pojęcia krotki do wartości liczbowej.

23. *Niezmienniki*: słowo *istnieją* jest nieadekwatne, lepiej użyć: *można wyróżnić/zdefiniować*; *jest wektorem x liczb naturalnych*: błędne sformułowanie, można poprawić np. *t-niezmiennik x jest wektorem m liczb naturalnych (całkowitych)*.
24. *równanie (2.6)*: wartość liczbową zero powinna być zastąpiona przez wektor złożony z zer;
25. *t-niezmiennik*: opisuje zbiór, a nie sekwencję uruchomień, ponieważ nie jest znana kolejność; co znaczy słowo *zajścia niezmiennika*? Proszę zaproponować poprawne definicje związane z *t-niezmiennikiem*.
26. *sub/sur-niezmiennik*: niezrozumiałe definicje. Co znaczy sformułowanie reprezentuje podproces? Czy nie powinno być: *w którym suma tokenów w każdym miejscu w sieci*? Proszę zaproponować zrozumiałe i poprawne definicje.
27. *p-niezmiennik*: podobne uwagi co poprzednio, niezrozumiałe sformułowanie: *odpowiada on procesowi, w którym suma tokenów jest stała*.
28. *t-niezmiennik minimalny*: wydaje się, że powinno być *żaden zbiór uzyskany za pomocą funkcji wsparcia dla innego niezmiennika*.
29. *Tabela 2.2*: czy te redukcje również działają dla ważonych łuków? Zwracam uwagę, że na tych (i niektórych innych) np. liczba 2 jest najmniejszą możliwą czcionką, trudna do odczytania okiem nieuzbrojonym.
30. *Definicja 27*: brakuje precyzji, można poprawić na np. *nazywana jest izomorfizmem grafów G_1 oraz G_2 , odnosząc się do wprowadzonych oznaczeń*.
31. *Tabela 3.1*: wszystkie złożoności są podane błędnie, cała trzecia kolumna jest do poprawy, np. dlaczego jest podana złożoność $O(n)$ w nazwie kolumny? Zamiast V powinno być $|V|$, co to jest v ? Złożoność algorytmu Yang-May nie jest wielomianowa (proszę sprawdzić artykuł).
32. *3.1.2 Historia*: Warto wspomnieć o pracach Brendana McKay i jego pakiecie *nauty*, dzięki któremu generowanie małych grafletów i digraflightów skraca się do kilku sekund.
33. *Definicja 29*: brakuje w definicji wybrania najmniejszej takiej liczby naturalnej. Definicja w dalszej części jest również nieprecyzyjna (*usunięciu lub dodaniu*). Proszę zaproponować poprawną matematycznie definicję.
34. *Definicja 30*: j.w.
35. *strona 23*: *metoda idealnego dopasowania*, co oznacza w tym kontekście *idealnego*? Dystrans grafowy jest definiowany dla grafów o możliwej różnej liczbie wierzchołków.
36. *strona 23*: *dwóch wspomnianych metryk*, gdzie zostały wspomniane?

37. 3.2.2: problem znalezienia nie może być problemem NP -zupełnym, ponieważ nie jest problemem decyzyjnym.
38. *duże zainteresowanie algorytmami przybliżonymi*: algorytmy przybliżone mają udowodnione gwarancje jakości (w kontekście optymalizowanej funkcji celu), zatem chyba chodziło o algorytmy heurystyczne?
39. 3.2.3, *podmiana krawędzi*: ta operacja nie jest jasna, ponieważ krawędź definiowana była jako zbiór jej wierzchołków końcowych a nie przez etykietę. Poproszę o jakiś komentarz do tej operacji.
40. *formuła 3.7*: zapis niepoprawny, umieszczanie kwantyfikatora ogólnego pod funkcją minimum jest błędem.
41. 3.3: Brak formalnej definicji grafletu. Czy graflet i graf nie są pojęciami tożsamymi? Co znaczy *małych podsieci*?
42. *zdefiniowanie orbit*: brak poprawnej definicji orbity.
43. *wraz z ich wprowadzeniem w 2007 roku*: orbity są znane od dziesiątek lat w algebrze abstrakcyjnej w kontekście grup.
44. *strona 26*: jak jest zdefiniowana liczba wystąpień $N_i(G)$? Jaka jest wartość $F_i(G)$ dla $N_i(G) = 0$?
45. $Orb(v)$: brakuje kwantyfikatora szczegółowego dla f .
46. *formuła 3.11*: błędne indeksy, przebiegają od 0 do m oraz od 0 do n ; brak definicji $f_{i,j}$, proszę podać poprawną definicję wartości $f_{i,j}$, zastosowany opis słowny jest dla mnie niezrozumiały.
47. *strona 27*: co oznacza *liczbę k -wystąpień j* – jej orbity we wszystkich wierzchołkach grafu G ? (bynajmniej nie chodzi o literówkę)
48. *formuła 3.17*: co oznacza wartość 73?
49. *np. metodą Levenshteina, będzie zwracać*: dlaczego użyto czasu przyszłego? Czy był przeprowadzony taki test?
50. *formuła 3.19* wydaje się, że jest błędnie sformułowana matematycznie. Jak działa funkcja $\max$ na wektorach, czy aby na pewno $S(e, e')$ jest jednym z dwóch ciągów? Poniżej notacja, np. $e = (3.4.4.3.1)$ jest niepoprawna matematycznie.
51. *formuła 3.20*: co znaczą X_1 oraz X_2 w formule?
52. *formuła 3.25*: co to jest $d_d^j(\cdot)$?
53. *strona 31*: czym jest użyty indeks r w formule h_r ? *podsieci H* , powinno być podsieci Petriego.

54. *t* – *komponent*: nie powinno być na bazie wsparcia dla minimalnego *t*-niezmiennika?
55. 4.2.2: brakuje *r* w h^M , tzn. h_r^M .
56. 4.2.3: brakuje definicji *ADT*.
57. *formuła* 4.9: kwantyfikator ogólny dla t_i oraz t_j jest zbędny (błędny).
58. *formuła* 4.10 jest błędna, pod drugim kwantyfikatorem ogólnym jest *p*, które może być równe jednej z dwóch tranzycji, a dalej jest warunek dla miejsc przepływowych.
59. *istnieje nieskierowana ścieżka*: dalej jest zbiór wierzchołków, który nie ma ustalonej kolejności, a zatem trudno go utożsamiać ze ścieżką.
60. *strona* 36: w symbolu h^{MP} brakuje indeksu dolnego *r*.
61. *formuła* 4.15: analogiczna uwaga jak dla *formuły* 4.10.
62. *strona* 37, *linia* –5: brakuje definicji pojęcia *stanu osiągalnego w podsięci*.
63. *formuły* 4.24, 4.25, 4.26 są błędne, pod kwantyfikatorami ogólnymi występuje P_r^Z z kropkami, które są błędne (w przeciwnym razie byłyby to tranzycje), a w ostatniej formule jest *p_v*, które jest niezrozumiałe.
64. *strona* 38, *linia*: –14, *Podsięci...*: w tym i wielu podobnych zdaniach brakuje odwołania do cytowanej pozycji z literatury; podobnie dalej *W niektórych publikacjach* (brak cytowań do wspomnianych publikacji).
65. *Rysunek* 4.6: brak uzasadnienia (poprawności) dla prezentowanego rysunku zawierania się struktur.
66. *formuły* 5.1, 5.2, 5.4 zapisane są błędnym językiem matematycznym, warunek poza nawiasami powinien znajdować się wewnątrz nawiasów, ponadto nie wiadomo co oznacza *n*.
67. *strona* 44, *linia*: –2: może się zdarzyć, że takich ścieżek pomiędzy parą wierzchołków rozgałęziających będzie więcej, trzeba to dalej uwzględnić.
68. *Rysunek* 5.1, *ze zbioru E*: *E* nie jest formalnie zbiorem końcówek, ale wektorem liczbowym.
69. *formuła* 5.5: co z krotnościami końcówek, gdy jest wiele równoległych ścieżek dla jednej pary wierzchołków rozgałęziających, czy są uwzględnione, czy jest konieczność?
70. *formuła* 5.13: jak w kontekście tej *formuły* ma się równanie trzy linijki wyżej $P^T = P_{IF}^T$?
71. *Rysunek* 6.4: dwukrotne użycie oznaczenia G_{31}^{PN} .
72. *Algorytm* 1: ogólna uwaga - w opisywanych w algorytmach często jest brak opisu użytych zmiennych, ich typu i przeznaczenia, np. co znaczy symbol *n*?

73. *Algorytm 2*: czy na liście głównej procedury nie powinno być drugiego argumentu H ? podobnie jak poprzednio - brak opisu użytych argumentów.
74. *strona 57, linia: -4*: może być wiele różnych NWP , co ma wpływ na dalsze rozważania.
75. *formuła 6.1*: N^{NWP} jest niejednoznaczne (może być wiele NWP).
76. *dla Net-II i Sub*: chyba *Net-I i Sub*.
77. *Tabela 6.2*: Tytuły kolumn *Net - I* oraz *Net - II* powinny być zamienione miejscami.
78. 6.5.1: co znaczy sformułowanie *ile razy orbita o_i pojawia się w nim?* Wierzchołki zawierają się w orbitach, a nie orbity pojawiają się w wierzchołkach. Proszę wyjaśnić to sformułowanie. Dalej w algorytmie pojawia się podobne sformułowanie: o_i dotyka v_j .
79. *Algorytm 5*: czym jest d ? Czy to jest oznaczenie z innego rozdziału?
80. *strona 64*: jedno cytowanie jest zastąpione znakiem ?
81. *wygenerowane losowo sieci*: brak informacji o modelu losowania / tworzenia sieci na potrzeby przeprowadzonych testów.
82. *strona 67, linia: -6*: często można zaobserwować, na jakiej podstawie Autor twierdzi, że drzewiaste truktury $A - C$ często można zaobserwować w sieciach Petriego?
83. *strona 75, dla 100 sieci o takiej samej gęstości* - jaki model tworzenia grafów losowych został zastosowany?
84. *Rysunki 8.8 oraz 8.9*: brak podanego źródła rysunków (dla innych rysunków jest podobnie).
85. *Grafy zawierają, po sieci A* wydaje się celowym dodanie *wraz z końcówkami*.
86. *strona 115, linia: -3*: używając *metody węgierskiej*, brak opisu tej metody. Podobnie strona 130 oraz 142.

Struktura i kompozycja rozprawy są właściwe, poziom redakcyjny (poza stroną matematyczną) jest dość wysoki, znaleziono nieliczne błędy stylistyczne i literówki. W pracy brakuje spisu oznaczeń i symboli, co jest raczej niespotykane dla rozpraw doktorskich w dziedzinie informatyki.

Błędy stylistyczne i literówki

1. *Definicja 4*: **parę**: powinno być *parą*.
2. *strona 42, linia: -2*: *czasowych sieciach Petriego*, powinno być *sieci*.
3. *strona 64, linia: +5*: z *jaki* - niezrozumiałe.
4. *strona 83*: jest *zwierania*, a powinno być *zawierania*.

5. faktycznego stopień podobieństwa, powinno być stopnia.

Przedstawione uwagi krytyczne, mimo że są liczne, nie podważają mojej opinii, iż oceniana rozprawa doktorska świadczy o właściwej wiedzy teoretycznej mgr inż. Bartłomieja Szawulaka w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja. Przygotowując rozprawę Kandydat wykazał się umiejętnością samodzielnego prowadzenia badań naukowych w sposób zgodny z metodologią obowiązującą w uprawianym obszarze badawczym.

Podsumowanie

Podsumowując wcześniejsze części recenzji, uważam, że opiniowana rozprawa doktorska mgr inż. Bartłomieja Szawulaka pt. *Metody porównywania modeli złożonych systemów biologicznych wyrażonych za pomocą sieci Petriego* spełnia wymagania zdefiniowane przez art. 187 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (z późniejszymi zmianami)², w odniesieniu do rozpraw doktorskich: stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego, świadczy o ogólnej wiedzy teoretycznej kandydata w zakresie dyscypliny informatyka techniczna i telekomunikacja oraz o umiejętności samodzielnego prowadzenia pracy naukowej. Wnoszę o dopuszczenie rozprawy doktorskiej mgr inż. Bartłomieja Szawulaka do publicznej obrony.

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

Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE
X				

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

Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE
	X			

C. Czy kandydat posiada umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej?

Zdecydowanie TAK	Raczej TAK	Trudno powiedzieć	Raczej NIE	Zdecydowanie NIE
	X			



Podpis
Michał Małafiejski

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