

prof. dr hab. inż. Andrzej Obuchowicz
Uniwersytet Zielonogórski
Instytut Sterowania i Systemów Informatycznych
a.obuchowicz@issi.uz.zgora.pl

Zielona Góra, 14 luty 2024

Recenzja rozprawy doktorskiej

Pani mgr inż. Agnieszki Mensfelt

zatytułowanej:

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

opracowana na zlecenie

Rady Dyscypliny Naukowej

Informatyka Techniczna i Telekomunikacja

Politechniki Poznańskiej

1. Problem badawczy i jego znaczenie

Badania nad algorytmami ewolucyjnymi, poczynając od prac Laurence'a J. Fogla nad programowaniem ewolucyjnym na początku lat sześćdziesiątych ubiegłego wieku, wkroczyły w swoją 7 dekadę. Wydaje się, że najlepiej rozpoznane, opisane i przebadane są zastosowania tych algorytmów w klasie problemów optymalizacji i adaptacji parametrycznej. Fakt ten wynika z dobrze matematycznie zdefiniowanego problemu i stosunkowo łatwo interpretowalnych reprezentacji genotypowych, bądź fenotypowych, rozwiązań. Podejmując próby poszukiwania rozwiązań zagadnień o modelach zdefiniowanych matematycznie niejednoznacznie, opartych na niepewnych i niepełnych heurystykach, stajemy przed wyzwaniem znacznie trudniejszy-

mi. Poza trudnością z określeniem miar jakości rozwiązań (funkcji dopasowań), z rozpoznaniem własności związanej z nimi topologii przestrzeni poszukiwań, wyzwaniem jest dopasowanie do modelu problemu reprezentacji rozwiązań, sposobu ich kodowania i zdefiniowania operacji je modyfikujących. Do klasy tego typu problemów należy, podjęte w opiniowanej rozprawie doktorskiej, zagadnienie projektowania struktur trójwymiarowych dla wybranych zastosowań.

Przeszukiwanie krajobrazu ewolucyjnego wymaga ustalenia pewnej równowagi pomiędzy dwiema własnościami tego procesu: eksploracją i eksploatacją. Pierwsza własność kładzie nacisk na różnorodność puli genetycznej w aktualnej generacji osobniczej, tak aby przeszukiwanie objęło możliwie największy obszar krajobrazu, dając szansę zlokalizowania otoczenia rozwiązania globalnie optymalnego. Druga ma tendencję do zawężania tej puli, aby otrzymać rozwiązanie możliwie najbliższe osobnika optymalnego. Autorka rozprawy podejmuje wyzwanie balansowania pomiędzy tymi własnościami bazując na zaproponowanych miarach odmienności osobniczej. Z jednej strony, wykorzystując proponowane miary odmienności, przedstawia propozycje operacji mutacji i rekombinacji osobników populacji mających zachować w potomstwie pewien zakres cech dziedziczonych po rodzicach. Z drugiej, korzystając z tych samych miar, ingeruje w procesy modyfikacji puli rodzicielskiej tak, aby gwarantowały dużą różnorodność puli potomnej. Tego typu próby, podparte głęboką analizą efektywności w wybranych zagadnieniach, stanowią bardzo interesujący wkład w zrozumienie samego procesu projektowania struktur 3D, jak i własności metod ewolucyjnych zastosowanych do tego procesu.

2. Wkład autora

Zasadniczym osiągnięciem doktorantki jest głęboka i wieloaspektowa analiza wpływu miar odmienności (niepodobieństwa) na efektywność ewolucyjnego procesu projektowania struktur 3D. Szczegółowy zestaw osiągnięć pracy autorka rozprawy zamieściła w podrozdziale 7.2 i w pełni się z nim zgadzam. Na szczególne wyróżnienie zasługują:

- opracowanie i wygenerowanie zbioru danych pasywnych i aktywnych struktur 3D;
- propozycja oryginalnych miar odmienności dla aktywnych i pasywnych struktur

tur 3D;

- przeprowadzenie analizy globalnej wypukłości rozpatrywanych problemów ewolucyjnego projektowania struktur 3D;
- propozycja modyfikacji operatorów mutacji i krzyżowania uwzględniających zadany stopień odmienności osobników potomnych od rodzicielskich;
- weryfikacja skuteczności proponowanych rozwiązań w poszukiwaniu optymalnych struktur 3D.

Trudnym do opisanania i docenienia jest wkład przeprowadzonych przez doktorantkę badań i analiz w zrozumienie specyfiki i stopnia skomplikowania procesu ewolucyjnego poszukiwania suboptymalnych struktur 3D dla różnych funkcji dopasowania.

3. Poprawność

Opiniowana praca, zawarta na 181 stronach, składa się z 9 rozdziałów uzupełnionych 7 dodatkami, listą symboli, oraz bibliografią zawierającą wyczerpujący zbiór 233 publikacji obejmujących stan badań prowadzonych w obszarze zainteresowania pracy.

W rozdziale 1 przedstawiono zagadnienie projektowania ewolucyjnego. Obok opisu ogólnego schematu algorytmu ewolucyjnego, rozważano problemy związane z dualizmem przestrzeni genotypowej, na której określony jest proces ewolucyjny, i fenotypowej, na której zdefiniowane jest kryterium jakości rozwiązań (funkcja dopasowania). Ponadto w rozdziale tym zawarto obszerny przegląd literatury związany z projektowaniem ewolucyjnym. W pierwszej części rozdziału 2 znajduje się opis wykorzystywanego w badaniach środowiska symulacyjnego Framsticks. W dalszej części przedstawiono sposób wykreowania i analizę rozkładu zbioru danych aktywnych i pasywnych struktur 3D będącego bazą do dalszych badań, bazując na zaimplementowanych w tym środowisku trzech reprezentacjach genotypowych rozwiązań i czterech kryteriach jakości. Rozdział 3 przedstawia kluczowe dla niniejszej rozprawy zagadnienie pomiaru odmienności dla konstrukcji 3D. Po wnikliwej analizie korelacyjnej badanych miar odmienności do dalszych badań autorka rozprawy nominowała pięć z nich. Pierwsza, zaimplementowana w środowisku Framsticks, to genotypowa miara odległości Levenshteina, druga to miara optymalna, będąca

modyfikacją autorską miary zachłannej wbudowanej do systemu, oraz trzy autor-
skie miary oparte na deskrytorach kształtu oraz na rozmieszczeniu przestrzen-
nym struktur. Rozdział ten zawiera również opis bardzo interesujących wstępnych
badań ankietowych ludzkiego postrzegania podobieństwa. W rozdziale 4 przed-
stawiono realizację i wyniki badań nad globalną wypukłością krajobrazów ewolu-
cyjnych w czterech zadaniach optymalizacyjnych przy użyciu trzech reprezentacji
osobniczych. Jako narzędzie do oceny globalnej wypukłości wybrano analizę kore-
lacji pomiędzy odmiennością a dopasowaniem przy użyciu pięciu miar odmienno-
ści. Propozycje operatorów genetycznych wykorzystujących opracowane miary od-
mienności dla struktur 3D, jeden operator mutacji i cztery rekombinacji, opisano
w rozdziale 5. Wszystkie nowe operatory genetyczne stanowiły pewne modyfikacje
operatorów wbudowanych wcześniej w systemie Framsticks. Analiza efektywności
przeszukiwań ewolucyjnych z użyciem wspomnianych operatorów wskazała, że je-
dyńnię proponowany operator mutacji TSM znacząco poprawia proces poszukiwań.
W rozdziale 6 przeanalizowano wpływ różnych algorytmów utrzymania różnorod-
ności i miar odmienności na efektywność i różnorodność rozwiązań. Rozdział 7 sta-
nowi podsumowanie rozprawy.

Z merytorycznego punktu widzenia przeprowadzone badania, analizy i dowody są
właściwe i poprawnie zrealizowane. Stwierdzenia w większości są uzasadnione,
bądź podane są odnośniki do literatury, gdzie odpowiednie uzasadnienie można od-
naleźć. Tok głównej myśli rozprawy jest właściwy i dobrze przemyślany. Na szcze-
gólne wyróżnienie zasługuje przejrzystość przeprowadzanych rozważań i analiz,
jak również niezwykła dbałość o postać edycyjną pracy.

Mam również pewne uwagi co do struktury pracy. Uderza brak pewnych elemen-
tów, których oczekiwałbym od rozprawy doktorskiej. Przede wszystkim brak mi
formalnego rozdziału wprowadzającego, w którym jawnie postawionoby cel pra-
cy, bądź jej tezę. Tego typu sformułowanie właściwie formalnie pojawia się dopie-
ro w podsumowaniu całej rozprawy. W brakującym wprowadzeniu możnaby było
również przedstawić główny tok dowodu tezy, osiągnięcia celu, uzasadnić zawarto-
ści poszczególnych rozdziałów i ich kolejności. Tego typu uzasadnienia pojawiają
się dopiero we wstępach poszczególnych rozdziałów. Czytelnik nierzadko zastana-
wia się, w jakim celu przeprowadzono badania opisane w danym rozdziale. Pra-
gnę zaznaczyć, że autorka rozprawy wszystkie te informacje w pracy zawarła, ale

są one rozproszone, co nie ułatwia czytelnikowi śledzenie głównego nurtu myśli doktorantki. Elementami rozprawy, które nieco tuszują wyżej wymieniony mankament stanowią bardzo trafne i systematyczne podsumowania każdego z rozdziałów, a część wyżej wymienionych treści zawiera, w wersji bardzo lakonicznej, wprowadzenie do rozdziału pierwszego.

Istotnym elementem merytorycznym, którego w pracy zabrakło, to formalny zapis sposobu wyznaczania miar jakości, zwanych w pracy *velocity on land* i *velocity in water*. Ponadto w pracy, zwłaszcza w jej części dotyczącej stanu aktualnych badań, pojawiają się stwierdzenia, z którymi nie do końca mogę się zgodzić.

- *Str. 14, linia 15* : Stwierdzenie, że, spośród metod metaheurystycznych stosowanych w projektowaniu automatycznym, algorytmy ewolucyjne okazują się być najskuteczniejsze, oparte jest na książce Bentleya z roku 1999, a zatem sprzed blisko ćwierćwiecza. Czy rzeczywiście dziś to stwierdzenie nadal jest słuszne? Po publikacji Bentleya pojawiło się wiele algorytmów metaheurystycznych, zwłaszcza w klasie algorytmów rojowych, które w wielu obszarach osiągnęły efektywność algorytmów ewolucyjnych, a niejednokrotnie je przebiły. Pytanie: czy były próby ich stosowania w zadaniach projektowania struktur trójwymiarowych i z jaki skutkiem ?
- *Str. 14, linia 16* : Stwierdzenie, że w algorytmach ewolucyjnych nie można bezpośrednio operować na fenotypach, jest słuszne tylko w klasie tzw. przeszukiwań genotypowych. Istnieją algorytmy ewolucyjne, tzw. przeszukiwania fenotypowe, gdzie osobniki są reprezentowane bezpośrednio przez wektory cech, funkcja oceny i operatory modyfikujące operują na tej samej przestrzeni, np. strategię ewolucyjne.
- *Str. 17, linia 19* : Pierwsze zdanie sugeruje w podtekście, że Rothlauf był pierwszym, który wprowadził ogólne ramy algorytmów ewolucyjnych bazujących na dualizmie genotypowo-fenotypowym. Wiele prac przed nim wprowadzało już takie opisy. Np. książka: Robert Scheafer *Podstawy genetycznej optymalizacji globalnej* Kraków: Wyd. Uniwersytetu Jagiellońskiego, 2002.

4. Wiedza kandydatki

Realizując podjęte w rozprawie doktorskiej zadania doktorantka wykazała się głęboką wiedzą z zakresu algorytmów ewolucyjnych, w szczególności w obszarze ich zastosowań w zadaniach projektowych, a także w zakresie analizy danych, czy eksperymentalnej weryfikacji hipotez badawczych. Zawartość treści w rozdziale 1, także w wielu późniejszych fragmentach, dogłębnie i wyczerpująco zapoznaje czytelnika z aktualnym stanem wiedzy dziedzinowej, a także opis przebiegu badań w rozdziałach następnych wskazuje na szeroką wiedzę autorki rozprawy w powyższych obszarach i umiejętność z niej korzystania. Ponadto doktorantka wykazała się poprawnością terminologiczną i szeroką znajomością literatury przedmiotu.

5. Inne

Lektura rozprawy nasuwa pewne kwestie warte przedyskutowania.

- W badaniach weryfikujących efektywność zaproponowanych nowych operatorów krzyżowania, prawdopodobieństwo zajścia krzyżowania jest stosunkowo niskie (0,25). Fakt ten jest w opozycji do sugestii Goldberga dotyczącej algorytmów genetycznych bazujących na reprezentacji w postaci łańcucha binarnego, która kładła nacisk na wysokie prawdopodobieństwo krzyżowania (ok. 0,6) i stosunkowo niskie prawdopodobieństwo mutacji. Skąd ta zmiana podejścia? Z moich doświadczeń nad ewolucyjnym rozwiązywaniem zadań parametrycznej optymalizacji globalnej, mutacja odpowiadała za wprowadzenie różnorodności do populacji, kiedy krzyżowanie było główną techniką eksploatacji otoczenia aktualnie najlepszych rozwiązań, efektywną w dłuższym przedziale czasowym. Niskie prawdopodobieństwo krzyżowania nie pozwala ujawnić się zaletom tej operacji, zwłaszcza kiedy zastosujemy proponowane w pracy operatory, które promują lokalność tej modyfikacji osobnika.
- Operator TSM promuje mutacje, w których osobnik potomny odbiega od rodzicielskiego o wartość najbardziej zbliżoną, spośród pewnej próby mutacji, do zadanej wartości żądanej. Zatem karane są mutacje zarówno zbyt lokalne, jak i megamutacje. Efektywna wartość żądana z pewnością silnie zależy od krajobrazu przeszukiwań, jak i sposobu kodowania rozwiązania, i najpewniej

zwykle nie jest z góry znana. Czy możliwe byłoby wprowadzenie mechanizmu samoadaptacji tej wartości w trakcie trwania procesu ewolucyjnego przeszukiwania?

- Czy podjęto próbę przeprowadzenia analizy korelacyjnej pomiędzy ludzkim pojmowaniem podobieństwa a miarami numerycznymi stosowanymi w niniejszej rozprawie? Czy można wskazać którąś z nich jako najbliższą ludzkiemu postrzeganiu podobieństwa struktur?

6. Podsumowanie

Biorąc pod uwagę opinie zaprezentowane w poprzednich punktach i wymagania zdefiniowane przez artykuł 187 ust. 1 i 2 Ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce (Dz. U. 2023 r., poz. 742 z późn. zm.) moja cena rozprawy pod względem trzech podstawowych kryteriów jest następująca:

- A. Czy rozprawa zawiera oryginalne rozwiązanie problemu naukowego?

Zdecydowanie TAK

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

Zdecydowanie TAK

- C. Czy kandydatka posiada umiejętność samodzielnego prowadzenia pracy naukowej?

Zdecydowanie TAK

W związku z powyższym **wnoszę** o przyjęcie rozprawy i dopuszczenie jej do publicznej obrony.



