

Warszawa, 19 czerwca 2007 r.

prof. dr hab. Witold Kosiński
Katedra Systemów Inteligentnych
Polsko-Japońska Wyższa Szkoła
Technik Komputerowych, Warszawa

**Recenzja rozprawy doktorskiej
mgr Anny Paszyńskiej**

**Projektowanie wspomagane komputerowo a problemy zbieżności
algorytmów genetycznych**

Niniejszą recenzję przygotowałem na zlecenie Rady Naukowej Instytutu Podstawowych Problemów Techniki PAN.

Uwagi wstępne

Rozwój komputerów sprawił, że w architekturze, projektowaniu inżynierskim, wzornictwie przemysłowym, sztuce użytkowej, sztuce komputerowej, reklamie a także w modzie wzrasta zapotrzebowanie na tworzenie systemów wspomaganego komputerowego procesów projektowania, wytwarzania i eksploatacji produktów użyteczności i budowli. Z informatycznego punktu widzenia projektowanie można traktować jako poszukiwanie optymalnych rozwiązań danego problemu w przestrzeni możliwych rozwiązań, tzn. z pewnymi ograniczeniami. Jedną z metod, jakie tutaj mogą być stosowane, są algorytmy ewolucyjne, które można wykorzystywać do zagadnień nieregularnych i o dużej liczbie wymiarów. Algorytmy genetyczne, szczególnie typ algorytmów ewolucyjnych, w których rozwiązania poszukuje się w przestrzeni wektorów binarnych, gdyż do takiej postaci są kodowane potencjalne rozwiązania, charakteryzują się zdolnością eksploracji wielkich zbiorów przy stosunkowo ograniczonej, zazwyczaj, złożoności obliczeniowej. To oznacza, że można je stosować do zadań trudnych, w których funkcja celu jest nieregularna, często niewypukła i wielomodalna.

Algorytmy genetyczne posiadają swoją nazwę dzięki Hollandowi, który w początku lat 70. zaproponował tę nazwę dla zespołu metod optymalizacyjnych wykorzystujących podpatrzone w naturze zasady ewolucji gatunków, w ramach których osobniki doznają mutacji lub podlegają reprodukcji czy krzyżowaniu. W wyniku tych działań pojawiać się mogą nowe osobniki, ich nowe generacje, lepiej dostosowane do warunków, jakie panują w otoczeniu, w którym przebywają. Dzięki lepszemu przystosowaniu osobniki te mają większe prawdopodobieństwo przeżycia.

Sformułowanie tezy

Recenzowana rozprawa łączy elementy projektowania produktów wzornictwa przemysłowego z dość rozbudowaną analizą ergodyczności i zbieżności klasy

algorytmów ewolucyjnych, właściwie - genetycznych, mających zastosowanie w procesie poszukiwania optymalnych rozwiązań projektowych. Autorka przyjmuje do tego celu dwa pojęcia: hierarchicznego chromosomu, zbudowanego dla modelowania hierarchicznego grafu reprezentującego projektowany, typowy produkt wzornictwa oraz markowowski model działania algorytmów genetycznych. Wprowadzając własne operatory genetyczne, obok znanych operatorów mutacji i krzyżowania, formułuje ciekawe twierdzenia o ergodytyczności całego procesu ewolucji genetycznej.

Rozprawa nie zawiera w zasadzie sformułowania tezy. Można się pokusić i przetransponować dwa główne cele, o których pisze Autorka w Wstępie, do tez w postaci:

1. *jest możliwe zbudowanie modelu matematycznego umożliwiającego badanie własności algorytmów genetycznych bazujących na strukturach hierarchicznych;*

2. *łańcuch Markowa opisujący dynamikę algorytmu genetycznego z hierarchicznym chromosomem jest ergodyczny oraz zbieżny w sensie zbieżności miar, a ponadto po zastosowaniu mikroskopowej teorii schematów Poli'ego jest możliwe obliczenie oczekiwanej liczby osobników pasujących do danego schematu w następnej generacji oraz ich efektywnego przystosowania.*

Otrzymane wyniki teoretyczne pozwolą na badanie własności innych algorytmów genetycznych bazujących na strukturach hierarchicznych, dla których do tej pory nie wykazano własności asymptotycznych ani zbieżności. używanego w projektowaniu wspomaganym komputerowo, na podstawie rozszerzonego modelu markowowskiego.

Zawartość rozprawy

Rozprawa prezentuje rozszerzenie modelu markowowskiego stworzonego przez Vose'a (poz. [101] bibliografii rozprawy) dla prostego algorytmu genetycznego o nowe operatory: operatory przesunięcia i permutacji. Na podstawie tego modelu została udowodniona ergodytyczność.

Rozprawa składa się z 9 rozdziałów; spis literatury zawiera 113 pozycji. Rozdziały są napisane nierówno stylowo, a ich kolejność złożenia nie ułatwia śledzenia toku myśli Autorki.

Rozdział drugi poświęcony jest reprezentacji obiektów 3D i wymaganiom, jakie te reprezentacje winny spełniać. W rozdziale trzecim omówiono metody ewolucyjne i schemat działania algorytmu ewolucyjnego oraz reprezentacje pewnych struktur na potrzeby projektowania: chromosomu hierarchicznego oraz reprezentację grafową. Rozdział czwarty przedstawia istniejące teorie algorytmów genetycznych w tym teorię schematów. Rozdział piąty opisuje markowowski model algorytmu genetycznego rozszerzonego o dodatkowe operatory: przesunięcie w prawo i w lewo oraz permutację. Tutaj zawarte są główne wyniki Autorki pozwalające następnie udowodniać tezy rozprawy. W

rozdziale szóstym został przedstawiony model algorytmu genetycznego z hierarchicznym chromosomem o zmiennej długości; przynosi on dowód większości elementów tez. Rozdział siódmy opisuje wyniki teoretyczne otrzymane na podstawie ogólnej teorii schematów dla programowania genetycznego z krzyżowaniem, bazujące na hiperschematach wprowadzonych przez Polie'go w 2001 roku, kończąc dowód tez. Rozdział ósmy opisuje zaimplementowaną aplikację bazującą na algorytmie genetycznym z hierarchicznym chromosomem. Rozdział dziewiąty zawiera podsumowanie osiągniętych wyników.

Ocena zawartości rozprawy

Przyjęty markowowski model algorytmu genetycznego rozszerzonego o dodatkowe operatory: przesunięcie w prawo i w lewo oraz permutację oraz wykonane obliczenia macierzy przejścia algorytmu genetycznego okazały się płodnym podejściem. Udowodniona ergodyczność łańcucha Markowa opisującego algorytm genetyczny (Wnioski 5.2-5.4) i te z hierarchicznym chromosomem o zmiennej długości oraz zbieżność w sensie zbieżności miar (Wnioski 6.1 -6.4) są ważnymi wynikami Autorki dla teorii algorytmów ewolucyjnych. Otwierają one nowe perspektywy badawcze. Ponadto zbudowany model może zostać wykorzystany do modelowania algorytmów genetycznych bardziej złożonych niż prosty algorytm genetyczny.

Autorka uzyskała znaczące wyniki naukowe w zakresie modelowania i zbieżności algorytmów genetycznych. Do analizy ergodyczności dołączyła analizę zachowania się algorytmów genetycznych z hierarchicznym chromosomem na pojedynczym kroku tworzenia nowej populacji. Są to wyniki wykorzystujące teorię schematów. Jej oryginalnym wkładem w tej części rozprawy jest zbudowanie odpowiedniej reprezentacji (w tym grafowej) operatorów krzyżowania hierarchicznego i umiejętne wkomponowanie ich do mikroskopowej teorii schematów Poli'ego w rozdziale 7. Tworzenie schematów i hiperschematów jest ciekawym pomysłem Autorki. Pozwoliło to na wyznaczenie prawdopodobieństwa stworzenia w kolejnej epoce osobnika pasującego do zadanego schematu H (Tw. 7.1 na str. 89), a także do wyznaczenia efektywnego przystosowania do schematu (Tw. 7.2).

Obok tych niepodważalnych osiągnięć autorki lektura rozprawy sprawia duże trudności czytelnikowi. Wiele definicji jest niedokończona lub nieściśła. Na przykład w definicji algorytmu genetycznego idea jego działania prezentowana w pseudo-kodzie na str.20 nie zawiera selekcji, definicja 3.5 na str.36 grafu hierarchicznego jest trudna do śledzenia, gdyż wykorzystując poprzednie pojęcia, takie jak wierzchołek hierarchiczny (Def.3.2) czy wiązanie (Def. 3.1). W wybranych oznaczeniach wprowadza pewne zamieszanie, np. v_i jest wierzchołkiem z identyfikatorem i zaś $v(b)$ oznacza wiązanie b wierzchołka v , by w końcu - na załączonym Rys. 3.9 na następnej stronie - nie umieszczać niezbędnych do zrozumienia tych i innych elementów definicji. Nie lepsza

sytuacja występuje przy definiowaniu tak podstawowych pojęć, jak selekcja (str. 55 Def. 5.1), selekcja proporcjonalna (wzór (5.7)) i krzyżowanie w Def.5.5 na str.57: brak w nich wyjaśnienia oznaczeń (np. funkcji F_k czy r_k^j w (5.3), symbolu \oplus w (5.8)) przy jednoczesnych licznych błędach w oznaczeniach (np. w (5.14) i poniżej: $z_u = \bar{z}$) i zakresach zmienności indeksów (w szczególności litery określającej zakres bitów l : raz jest to od 0 do $l - 1$, a innym razem od 1 do l (str. 59 wiersz 6 od dołu czy str. 60 wiersz 3 od góry). To skutkuje w niepoprawnych definicjach przekształceń (por. (5.19) i (5.20)).

Autorka nie dba o dobrą konwencje oznaczeń. Zbliżone znaczeniowo obiekty są indeksowane literami z różnych, znacznie oddalonych, zakresów liter. To sprawia kłopot przy śledzeniu wywodów Autorki. Jest oczywiste, że litery alfabetu łacińskiego mogą nie wystarczać dla tak rozbudowanej tematycznie rozprawy: mamy więc możliwość albo rozróżniać kroje czcionek, fonty, albo też sięgnąć po inne alfabety, co jest częstym przypadkiem w literaturze matematycznej i fizycznej. Nagminne stosowanie litery S - w sumie naliczyłem co najmniej 3 różne obiekty tą literą oznaczone w 2 rozdziałach, nie wspominając o literce f , pojawiającej się, jak na zawołanie, przy niemal każdej nowej funkcji wprowadzanej. To wszystko jest niedopuszczalną nonszalancją.

Uwagi szczegółowe

Wyliczmy część uwag i pytań szczegółowych.

1. Czy na str. 66 litera R podana w 3 różnych krojach oznacza ten sam obiekt: rodzinę artefaktów?
2. Na str. 64 w sformułowaniu Wniosku 5.2 pojawiają się indeksy $j = q_1, q_2, \dots, q_{s_1}$. Czy mają oznaczać indeksy kolumn o niezerowych elementach macierzy przejści czy jej potęgi n ? Nie jest to jasne.
3. Na str. 61 we wzorze (5.22) występuje w liczniku $(G(j))_k$ a poniżej w (5.23) obiekt $G_k(j)$. Czy to są te same obiekty?
4. Na str. 61 nie określono znaczenia nawiasu $(\mathbf{1}, \mathbf{u})$ w (5.21).
5. Na str. 61 błędny zakres mnożenia we wzorze w Def. 5.11. Ta sama uwaga dotyczy Def. 5.13 na str. 62.
6. Oznaczenia w sformułowaniu jak i w Lemacie 1 są w wielu miejscach błędne. Sam dowód nie jest dokończony, choć jego idea poprawna a stąd i Lemat 1, podstawowy dla głównego wyniku rozprawy odnoszący się do ergodyczności, prawdziwy.
7. Na str. 60 pod wzorem (5.18) oznaczenie $\mathbf{0}$ niepoprawne.

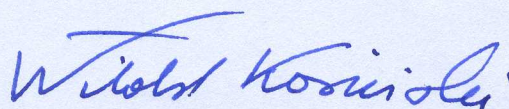
8. Na str. 56 we wzorze (5.7) po różnych stronach różna zmienność indeksów.
9. Na str.6 pojawia się reguła Eulera, wyrażająca niezmienniczą zależność między liczbą wierzchołków, ścian i krawędzi wielościanu. Pytanie: czy projektowane operatory genetyczne dla reprezentanta obiektu wzornictwa użytkowego zachowują tę niezmienniczość?
10. Kontynuując ten wątek: czy istnieje jakaś ogólna charakterystyka operacji na grafach zachowujących regułę Eulera, a mających zastosowanie przy budowaniu operatorów genetycznych dla chromosomów hierarchicznych je reprezentujących?
11. Na str. 52 niezręczne sformułowanie w wierszu 11 od góry; stąd pytanie: czy ciąg zawiera się w schemacie czy schemat w ciągu?
12. Na str. 56: co to jest rząd mutacji a ?
13. Czy Autorka spotkała się z przesunięciem Bernoulliego? Jaka jest relacja tego pojęcia do wprowadzanych przez Nią dwóch operacji przesunięcia?

Uwagi końcowe

Wymienione w Ocenie zawartości wyniki nie powinny być przesłonięte brakami wyszczególnionymi powyżej. Stąd końcowa konkluzja recenzenta jest pozytywna: Autorka sformułowała problem i go rozwiązała w sposób naukowy wykazując się oryginalnością. Jej wyniki mają duże znaczenie w teorii algorytmów genetycznych i ich zastosowaniach praktycznych, w szczególności przy projektowaniu wspomaganym komputerowo.

Wnioskuje jednak o umieszczenia na piśmie i dołączenie do egzemplarza rozprawy niezbędnych korekt, zauważonych przez recenzenta błędów i nieścisłości, w szczególności podstawowego dla wyników rozprawy dowodu Lematu 1 ze str. 63.

Przesłana do mnie do recenzji rozprawa doktorska mgr Anny Paszyńskiej pt. **Projektowanie wspomagane komputerowo a problemy zbieżności algorytmów genetycznych** promotorstwa dr hab. Ewy Grabskiej, spełnia wszystkie wymogi stawiane rozprawom doktorskim w dziedzinie nauk technicznych w dyscyplinie informatyka. W związku z tym wnioskuje o dopuszczenie doktorantki Pani mgr Anny Paszyńskiej do dalszych etapów przewodu doktorskiego.


Witold Kosiński