

Warszawa, 12 października 2018

dr hab. inż. Jarosław Arabas, prof. nzw. PW  
Politechnika Warszawska  
Wydział Elektroniki i Technik Informacyjnych  
Instytut Informatyki

# RECENZJA

rozprawy doktorskiej dla  
Rady Wydziału Matematyki, Informatyki i Mechaniki  
Uniwersytetu Warszawskiego

**Tytuł rozprawy:** **New evolutionary algorithms using similarities and dissimilarities in binary strings**

**Autor:** **mgr Radhwan Yousif Sedik Al-Jawadi**

## 1. Przedmiot recenzji

Przedmiotem recenzji jest tekst, skierowany do recenzji 12 września 2018 roku, przekazany przez Autora do ponownej oceny. Pierwsza wersja rozprawy, którą recenzowałem 31 lipca 2018 roku, zawierała usterki, z powodu których rekomendowałem wprowadzenie poprawek i ponowną recenzję. Najważniejsze moje zastrzeżenia dotyczyły niedostatecznego przeglądu literatury, braku weryfikacji eksperymentalnej wprowadzonych algorytmów z użyciem zadań optymalizacji kombinatorycznej oraz nieodniesienie się do standardowych zestawów benchmarków z rodziny CEC lub BBOB. Autor odniósł się do wszystkich podniesionych zastrzeżeń i przygotował nową wersję rozprawy. Recenzja dotyczy pełnego tekstu pracy po wprowadzeniu autorskich poprawek.

## 2. Zagadnienie naukowe rozpatrzone w pracy

Praca jest poświęcona zagadnieniu optymalizacji w przestrzeni wektorów binarnych. Autor proponuje kilka algorytmów, łączących analizę podobieństwa wektorów binarnych z losowymi modyfikacjami oraz powielaniem kopii wektorów w sposób zależny od jakości wektorów, wyrażonej za pomocą funkcji celu. Autor weryfikuje te metody za pomocą wielokrotnej symulacji, uruchamiając każdy analizowany algorytm dla wielu funkcji benchmarkowych zdefiniowanych oryginalnie w  $R^n$ . W rozprawie Autor przeszukuje siatkę prostokątną, zdefiniowaną jako podzbiór dziedzi. Węzły tej siatki odpowiadają reprezentacjom binarnym, które powstały w wyniku binarnego zakodowania współrzędnych. Ponadto Autor weryfikuje wprowadzone metody z użyciem zadania plecakowego.

Autor nie stawia tezy rozprawy, lecz formułuje jej cel w rozdziale 1.5 jako „to build new evolutionary algorithms which are able [to] find best solutions of Single Objective Optimization (SSO) problems.”

Sformułowanie tego celu jest moim zdaniem niefortunne, gdyż sformułowanie nowego algorytmu jako takie nie może być uznane jako osiągnięcie naukowe. Nowość nie jest wartością samą w sobie, ale jedynie w skojarzeniu np. z poprawą jakości. Na szczęście Autor w dalszej części rozprawy dokonuje weryfikacji efektywności wprowadzonych algorytmów, porównując je z metodami CMA-ES oraz ewolucją różnicową, a także klasycznym algorytmem genetycznym (CGA). Czyni to pracę wartościową z punktu widzenia praktyka.

Autor nie wskazuje w pracy powodów, dla których zaproponowane algorytmy nazywane są ewolucyjnymi, rozumiem jednak, że pojęcie algorytmów ewolucyjnych stało się na tyle pojemne, że mieści się w nim większość populacyjnych metaheurystyk.

Zgodnie z zapowiedzią w rozdziale 1.5, „In our six new algorithms we explore the effect of similarity and dissimilarity of chromosomes in the population, and also effects of discovering the schema”. Wspomniane przez autora sześć algorytmów to:

1. algorytm DSC (rozdział 3),
2. algorytm DSDSC (rozdział 4),
3. algorytmy DDS, FDS, MFDS (rozdział 5),
4. algorytm IPMFDS (rozdział 6).

W algorytmie DSC populacja, licząca  $M$  elementów (punktów z przestrzeni wektorów binarnych), jest sortowana wg wartości funkcji celu, po czym wykonywane są następujące czynności:

1. najlepszy punkt jest powielany  $M/8$ rotnie i zastępuje losowe punkty z połowy lepszych,
2. w pierwszej ćwiartce najlepszych punktów, następuje porównanie ich parami, po czym dla każdej pary, pierwszy z punktów jest pozostawiany bez zmian, zaś drugi ma losowo modyfikowane wszystkie bity identyczne z pierwszym (*similarity operator*),
3. w drugiej ćwiartce najlepszych punktów, następuje porównanie ich parami, po czym dla każdej pary, pierwszy z punktów jest pozostawiany bez zmian, zaś drugi ma losowo modyfikowane wszystkie bity różne z pierwszym (*dissimilarity operator*),
4. punkty z drugiej połowy są zastępowane poprzez losowanie zgodnie z rozkładem wykorzystywanym do inicjacji populacji.

Powstała w ten sposób populacja punktów stanowi nowy stan algorytmu

W algorytmie DSDSC, przetwarzanie punktów jest wykonywane w sposób bardziej skomplikowany, jednak jedyny opis, jakim jest nieformalny opis tekstowy i pseudokod na podobnym poziomie ogólności, nie pozwala mi na pełne zrozumienie metody. Algorytm działa podobnie jak DSC, z tą różnicą, że trzecia ćwiartka nowej populacji jest wypełniana poprzez przetworzenie pary punktów: najlepszego oraz na pozycji  $M/4$ . Stosuje się dla nich „dynamic schema operator”, polegający na tym, że dla części bitów, które są różne w tych punktach, losuje się ich nowe wartości; zmodyfikowane w ten sposób losowo kopie punktów o numerach 1 i  $M/4$  umieszczane w trzeciej ćwiartce nowej populacji. Punkty z czwartej ćwiartki są zastępowane poprzez losowanie zgodnie z rozkładem wykorzystywanym do inicjacji populacji.

Algorytmy DDS, FDS i MFDS są wariantami DSC i DSDSC polegającymi na zarządzaniu wieloma populacjami z użyciem operatorów *similarity*, *dissimilarity*, *dynamic schema*, i ich modyfikacji. Algorytm IPMFDS startuje z dużej populacji i wykonuje na niej kombinację wspomnianej wcześniej operatorów, przy okazji redukując liczbę punktów do  $2M$ , działając dalej na tej wielkości populacji.

Autor implementował własne metody w środowisku MATLAB. Testowanie wprowadzonych algorytmów jest realizowane poprzez analizę binarnych odpowiedników funkcji wielomodalnych w  $R^n$ , dla  $n=2$ ,  $n=3$  i  $n=10$ , a także funkcji unimodalnych w  $n=100$  wymiarach. Dodatkowo, Autor rozważył jedną instancję zadania plecakowego dla 50 przedmiotów. Dla każdego z rozważanych zadań optymalizacji Autor wykonał 50-krotne uruchomienie analizowanych metod, a także metod odniesienia (algorytmu genetycznego, CMA-ES i ewolucji różnicowej). Wyniki są raportowane w postaci tabel, z podanym procentowym udziałem uruchomień zakończonych sukcesem

(osiągnięciem ustalonego arbitralnie progu zadowalającego poziomu wartości funkcji celu), najmniejszą i największą liczbą iteracji do osiągnięcia sukcesu, średnią liczbą iteracji dla uruchomień zakończonych sukcesem oraz wartością średnią funkcji celu dla najlepszych rozwiązań w każdym uruchomieniu zakończonym sukcesem.

Rozdział 6, oprócz definicji algorytmu IPMFDS, zawiera porównanie wyników wszystkich wprowadzonych algorytmów w podrozdziale 6.5. Rozdział 7 podsumowuje wyniki porównania i kończy tekst.

### 3. Jakość analizy stanu wiedzy

Przegląd literatury Autor zawarł w rozdziale 1 i 2. Rozdział 1 przywołuje z nazwy pewną liczbę starszych i nowszych metaheurystyk w rys. 1.2. Jest to rysunek daleki od zupełności, gdyż mnóstwo metaheurystyk zostało w nim pominięte (np. sztuczne systemy immunologiczne, algorytmy fajerwerkowe, świetlikowe itp. egzotyczne nazwy). Sądzę jednak, że pracą Syzyfa jest wyliczenie wszystkich nazw wprowadzonych w euforii przez ich twórców, wartościowsze byłoby raczej wskazanie podstawowych elementów konstytutywnych dla tych metod. W szczególności, pożądanym byłby głębszy komentarz poświęcony algorytmom ewolucyjnym, co pozwoliłoby na uzasadnienie stwierdzenia, że wprowadzone w rozprawie algorytmy należą do rodziny ewolucyjnych.

Wprowadzenie w metaheurystyki w rozdziale 1. nie stanowi moim zdaniem zbyt dobrej motywacji pracy, gdyż nie wskazuje na elementy metaheurystyk, których poprawa mogłaby skutkować efektywniejszym algorytmem.

Rozdział 2 jest poświęcony przeglądowi literatury. Autor koncentruje się w nim przede wszystkim na algorytmach optymalizacji kombinatorycznej, wymieniając kwestie analizy zbieżności, wpływu populacji początkowej na jakość rozwiązań, wielokrotnej symulacji jako narzędzia analizy praktycznej weryfikacji metod optymalizacji. Autor dyskutuje także zagadnienia związane z binarną reprezentacją zagadnień optymalizacji numerycznej. Autor nie ustrzegł się manieri referowania wielu artykułów, jednak widać, że łączy on w pewien logiczny wywód ich treści.

Podsumowując, analiza stanu wiedzy została dokonana w rozprawie na poziomie wskazującym na orientację Autora w wybranych wątkach rozwojowych metaheurystyk z binarną reprezentacją rozwiązań.

### 4. Ocena warsztatu naukowego

Autor wprowadza nowe algorytmy poprzez oznajmienie, nie uzasadniając w sposób przekonujący nowych operatorów ani parametrów. Algorytmy nie są opisane ściśle, lecz poprzez podanie opisu słownego. Potrzebny byłby w opisie porządkowy pseudokod.

Autor dostrzega fakt, że problemy optymalizacyjne, które rozważa, są zdefiniowane w  $R^n$ , zaś algorytmy, które je rozwiązują, działają w przestrzeni  $n$ -wymiarowych wektorów binarnych. Są to dwie różne przestrzenie, a intuicje topologiczne wyrobione dla  $R^n$  zawodzą dla wektorów binarnych, co Autor ilustruje na rys. 2.1, 2.2. Zadanie wypukłe w  $R^1$  może stać się zadaniem z wieloma ekstremami w przestrzeni wektorów binarnych, zaś dzięki kodowaniu binarnemu, zadanie niewypukłe w  $R^1$  może mieć tylko jedno optimum.

Przyjmując, że wprowadzone algorytmy służą do optymalizacji w  $R^n$ , Autor odnosi się do wyników uzyskiwanych przez efektywne algorytmy takie jak CMA-ES czy ewolucja różnicowa. Do porównania efektywności własnych i wiodących metaheurystyk Autor wykorzystuje zarówno zadania obecne w literaturze przedmiotu, jak i wykorzystywane do zdefiniowania zadań testowych w benchmarku CEC. Dzięki testowaniu na zadaniach ciągłych Autor jest w stanie zweryfikować działanie algorytmu w skojarzeniu z binarną metodą reprezentacji.

Porównanie jakości wprowadzonych metod z prostym algorytmem genetycznym w zadaniu plecakowym pozwala na wyrobienie poglądu na efektywność samych mechanizmów przetwarzania punktów przestrzeni przeszukiwań.

Można mieć wątpliwości, czy porównanie metod optymalizacji na bazie jedynie liczby iteracji jest właściwą metodą w przypadku technik populacyjnych. Moim zdaniem fortunniejszą niż liczba iteracji miarą kosztu byłaby liczba obliczeń wartości funkcji celu lub czas poświęcony na obliczenia, unormowany do czasu wykonania elementarnej operacji arytmetycznej. Tym niemniej nawet ta miara daje szansę porównania analizowanych technik.

Analiza wyników wskazuje, że w zadaniu plecakowym wprowadzone algorytmy wykazują szybszą poprawę wyników niż klasyczny algorytm genetyczny, który jednak jest w stanie osiągnąć rozwiązania wyższej jakości. Dla zadań ciągłych w niskiej wymiarowości, jakość wyników uzyskanych przez badane algorytmy jest porównywalna z uzyskiwanymi przez CMA-ES i ewolucję różnicową.

Podsumowując, w rozprawie poprawnie wykonano weryfikację eksperymentalną analizowanych metod. Opis metod nie jest dostatecznie szczegółowy i nie pozwala na ścisłe odtworzenie algorytmu, jednak możliwości powtórzenia eksperymentu daje załączona do pracy implementacja badanych metod.

#### *5. Ocena oryginalności rozprawy*


Oryginalności rozprawy upatruję w sformułowaniu sześciu nowych algorytmów optymalizacyjnych.

#### *6. Ocena umiejętności poprawnego i przekonującego przedstawienia uzyskanych wyników*

W rozdziałach 3 – 7, praca jest zredagowana w formie raportu z badań, zawierającego wyniki wraz z dość lakonicznym komentarzem. Część literaturowa (rozdziały 1 i 2) jest dość dobrze powiązana z resztą rozprawy. Autor przedstawia wnioski jakościowe i dochodzi do konkluzji w rozdziale 8. Strona językowa jest akceptowalna, choć nie wolna od błędów stylistycznych.

#### *7. Wniosek końcowy*

Stwierdzam, że oceniana praca w stopniu minimalnym spełnia wymagania stawiane rozprawom doktorskim. Autor wykazał się ogólną wiedzą na temat algorytmów ewolucyjnych i niektórych metaheurystyk z reprezentacją binarną rozwiązań. Autor sformułował oryginalne algorytmy i w dostatecznym stopniu je zweryfikował. Uważam, że rozprawa może ona być podstawą dopuszczenia Autora do dalszych faz przewodu doktorskiego.



Jarosław Arabas