



Kraków 2009-03-24

Recenzja rozprawy doktorskiej mgr inż. Stefana Kotowskiego pt. „Analiza algorytmów genetycznych jako układów dynamicznych”

1. Ogólna charakterystyka pracy

Przedłożona do recenzji rozprawa doktorska mgr inż. Stefana Kotowskiego pt. „*Analiza algorytmów genetycznych jako układów dynamicznych*” została zrealizowana pod kierunkiem Prof. dr hab. inż. Witolda Kosińskiego. Praca stanowi manuskrypt o łącznej objętości 111 stron zawierający 3 rysunki. Tekst pracy podzielono na 5 rozdziałów uzupełnionych nienumerowanym streszczeniem w języku angielskim. Praca zawiera bogaty, złożony ze 109 pozycji spis literatury.

Tezy rozprawy podane na stronie 8 brzmią następująco:

1. Istnieje rozkład graniczny i można go opisać jawną zależnością. Zależność ta wskazuje na sposób ulepszania algorytmu.
2. Dla każdego wyjściowego algorytmu genetycznego istnieje algorytm genetyczny, optymalny w sensie probabilistycznym.
3. Możliwa jest klasyfikacja algorytmów genetycznych na podstawie ich entropii i wymiaru fraktalnego trajektorii. Może być ona pożyteczna przy projektowaniu następnych algorytmów genetycznych.

Zadania, jakie zrealizował Autor w rozprawie można scharakteryzować następująco:

1. Przedstawił obszerne tło obejmujące opis wielu technik poszukiwania stochastycznego z grupy nazywanej algorytmami genetycznymi. W ich opisie ograniczył się do przypadków z dyskretną, skończoną przestrzenią poszukiwań. Opisał również dwie tradycyjne metody analizy algorytmów genetycznych takie jak tzw. twierdzenie o schematach, hipoteza bloków budujących oraz tzw. twierdzenie NFL (No Free Lunch). Całość tych rozważań zawarł on w

Rozdziale 1 rozprawy. W rozdziale tym zasygnalizowano również problematykę definiowania izomorfizmów służących do klasyfikacji algorytmów.

2. Formułuje podstawy modelowania rozważanej grupy algorytmów genetycznych przy pomocy łańcuchów Markowa bazujący na ideach i wynikach grupy Vose. W tej części zawarto ważne wyniki dotyczące klasyfikacji zachowania się algorytmów genetycznych wykorzystując jego zachowania asymptotyczne. W tej części znajduje się również najciekawszy bodajże wynik pracy dotyczący interpretacji hipotezy No Free Lunch dla rozważanej klasy algorytmów. Wyniki tej części zawarto w Rozdziale 3 rozprawy.
3. Kolejny Rozdział 4 zawiera drugą klasyfikację behavioralną algorytmów genetycznych opartą o wymiar fraktalny ich trajektorii. Zaproponowaną klasyfikację ilustruje kilka przykładów obliczeniowych.

2. Ocena pracy

Autor podjął w pracy trudne zagadnienie klasyfikacji behavioralnej algorytmów genetycznych pozwalającej na ich porównanie w zakresie skuteczności rozwiązania zadań optymalizacji globalnej. Problem ten, dotąd w ogólności nierozwiązany jest jak się wydaje najtrudniejszy w analizie asymptotycznej tej grupy algorytmów.

Istnieje wiele podejść pozwalających ocenić różne aspekty zachowania się algorytmów ze skończonym uniwersum genetycznym. Historycznie pierwsze pochodzące od Hollanda a później rozwinięte i częściowo doprecyzowane przez Whitleya znane pod nazwą twierdzenia o schematach pozwala na częściowe statystyczne oszacowanie (w sensie wartości oczekiwanej) wydajności eksploatacyjnej algorytmu (zdolności do uzyskiwania lepszego wyniku średniego w populacji) w pojedynczym kroku ewolucji. Wielu uznanych autorów zgodnie twierdzi, że wynik ten nie pozwala na asymptotyczne rozszerzenie, tj. uzyskanie pewnego oszacowania dla nieskończonej, a nawet dla skończonej liczby kroków poprzez jego iterowanie.

Najbardziej obiecującym jak się wydaje sposobem analizy asymptotycznej algorytmów genetycznych jest przedstawienie ich jako procesów stochastycznych, lub bardziej ogólnie jako układów dynamicznych w odpowiednio zdefiniowanej przestrzeni stanów. Z uwagi na niedeterministyczny charakter kolejnych iterat przestrzeń tę budują miary probabilistyczne na zbiorze wszystkich osiągalnych populacji. W rozważanym przypadku skończonego uniwersum kodów zbiór ten jest również skończony. Kluczowe wyniki tego podejścia uzyskane w grupie Vose pozwalają na sformułowanie warunku koniecznego dla istnienia miary niezmienniczej, będącej granicą ciągu miar próbkowania przy ilości epok zmierzającej do nieskończoności, oraz pokazują pewne regularne zachowanie tych miar w sytuacji, gdy rozważamy algorytmy operujące na coraz to większych populacjach. Wyniki te pozwalają sformułować jakościowe kryteria, przy których algorytm może rozwiązać stawiany przed nim problem, oraz gwarantują zbieżność trajektorii algorytmów o skończonych populacjach do trajektorii uzyskanej poprzez iteracje tzw. heurystyki, odwzorowania reprezentującego oczekiwane zachowanie się algorytmu w każdym kroku, czyli postępowania deterministycznego wykorzystującego maksimum informacji, jakie dać mogą populacje przetwarzane w ustalony sposób, tj. przy pomocy ustalonych, niezmiennych w czasie operatorów genetycznych.

