Autoreferat

1. Imię i nazwisko.
Michał Przewoźniczek

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe lub artystyczne – z podaniem podmiotu nadającego stopień, roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej.

1. **Stopień naukowy doktora nauk technicznych w dyscyplinie Informatyka**, nadany decyzją Rady Naukowej Wydziału Informatyki i Zarządzania Politechniki Wrocławskiej z dnia 29 stycznia 2013 roku. Tytuł pracy doktorskiej: „Nowy szablon z kodowaniem nieporządnym, jako remedium na typowe wady algorytmu genetycznego". Decyzją Rady Naukowej Rady Naukowej Wydziału Informatyki i Zarządzania Politechniki Wrocławskiej **praca została nagrodzona wyróżnieniem**.
2. **Dyplom magistra inżyniera informatyka (2003 rok):** ukończone studia magisterskie na kierunku Informatyka na Wydziale Elektroniki Politechniki Wrocławskiej, specjalność: Systemy i Sieci Komputerowe.

3. Informacja o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych lub artystycznych.

1. W latach 2012-2015 byłem zatrudniony jako asystent naukowo-dydaktyczny na Wydziale Informatyki i Zarządzania. Początkowo byłem zatrudniony w Zakładzie Sztucznej Inteligencji (kierownik: prof. dr hab. inż. Halina Kwaśnicka) będącego częścią Instytutu Informatyki. Od 2014 roku, po rozwiązaniu Zakładu Sztucznej Inteligencji i Instytutu Informatyki, pracowałem w Katedrze Inteligencji Obliczeniowej (kierownik: prof. dr hab. inż. Halina Kwaśnicka).
2. Od 2015 do chwili obecnej pracuję na stanowisku adiunkta w Katedrze Inteligencji Obliczeniowej (kierownik: prof. dr hab. inż. Halina Kwaśnicka).
3. W okresie 2019.02-2019.05, pracowałem na stanowisku *Research Associate* na Uniwersytecie w Yorku (Wielka Brytania, *University of York*) na wydziale Informatyki (*Computer Science Department*). Jako członek zespołu badawczego odpowiadałem za samodzielne opracowanie dedykowanych metod ewolucyjnych oraz usprawnienie działania metod ewolucyjnych opracowanych przez resztę zespołu. Praktycznym celem prac było usprawnienie działania przemysłu brytyjskiego. Moje prace były finansowane ze środków Unii Europejskiej w ramach projektu SAFIRE.

4. Omówienie osiągnięć, o których mowa w art. 219 ust. 1 pkt. 2 Ustawy.

4.1 Tytuł osiągnięcia naukowego

Rozprawę habilitacyjną pt.: "**Opracowanie nowych technik wielopopulacyjnych i technik wykrywania zależności pomiędzy genami w celu podniesienia skuteczności metod ewolucyjnych**" stanowi cykl publikacji naukowych powiązanych tematycznie.

Jako osiągnięcie naukowe przedkładam wymienione poniżej prace, które tematycznie dotyczą wykorzystania technik wielopopulacyjnych w metodach ewolucyjnych (w większości są to dynamiczne techniki wielopopulacyjne (ang. *multi-population*), które dodają i usuwają podpopulacje w trakcie swojego przebiegu) w połączeniu z technikami wyszukiwania powiązań między genami (ang. *linkage learning*). Podstawowym zagadnieniem było wykorzystanie wpływu technik wielopopulacyjnych i technik dekompozycji struktury problemu do podniesienia skuteczności (ang. *effectiveness*) metod ewolucyjnych. Podjęte badania dotyczą w szczególności:

- Opracowania nowych strategii dynamicznego zarządzania podpopulacjami.
- Opracowania nowych technik wyszukiwania powiązań między genami (dekomponujących strukturę problemu).
- Wykorzystania informacji o dekompozycji problemu do zwiększenia korzyści oferowanych przez techniki wielopopulacyjne.
- Wykorzystania technik wielopopulacyjnych do podniesienia jakości dekompozycji problemu.

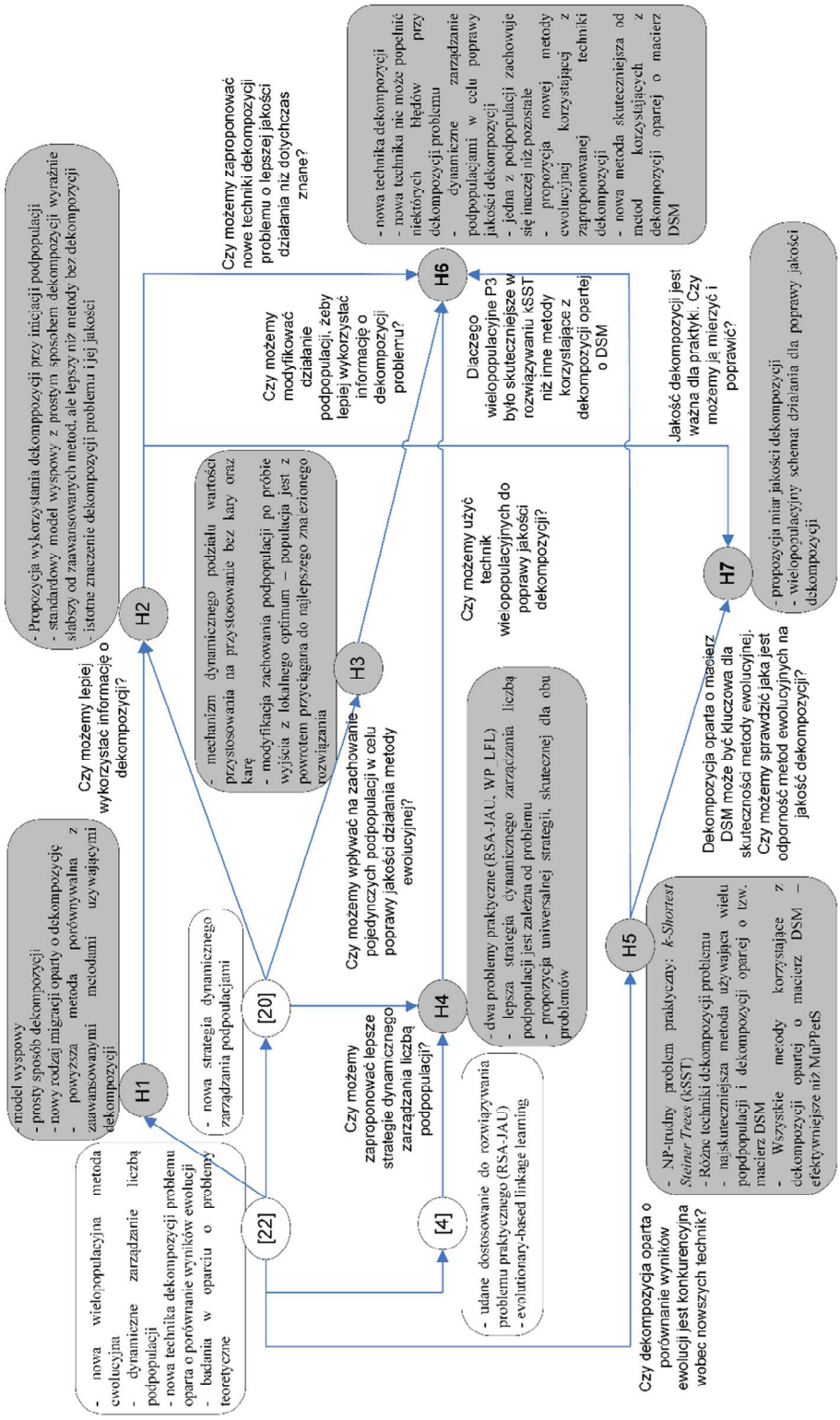
Celem wykorzystania ww. technik zarządzania podpopulacjami oraz technik wyszukiwania powiązań między genami jest poprawa skuteczności metod ewolucyjnych dzięki:

- Zwiększeniu różnorodności całej populacji.
- Dostosowaniu liczby wszystkich osobników (we wszystkich podpopulacjach) do aktualnego stanu metody ewolucyjnej.
- Podniesieniu jakości dekompozycji problemu.
- Dynamicznemu zwiększeniu różnorodności informacji o powiązaniach pomiędzy genami (ang. *linkage diversity*).

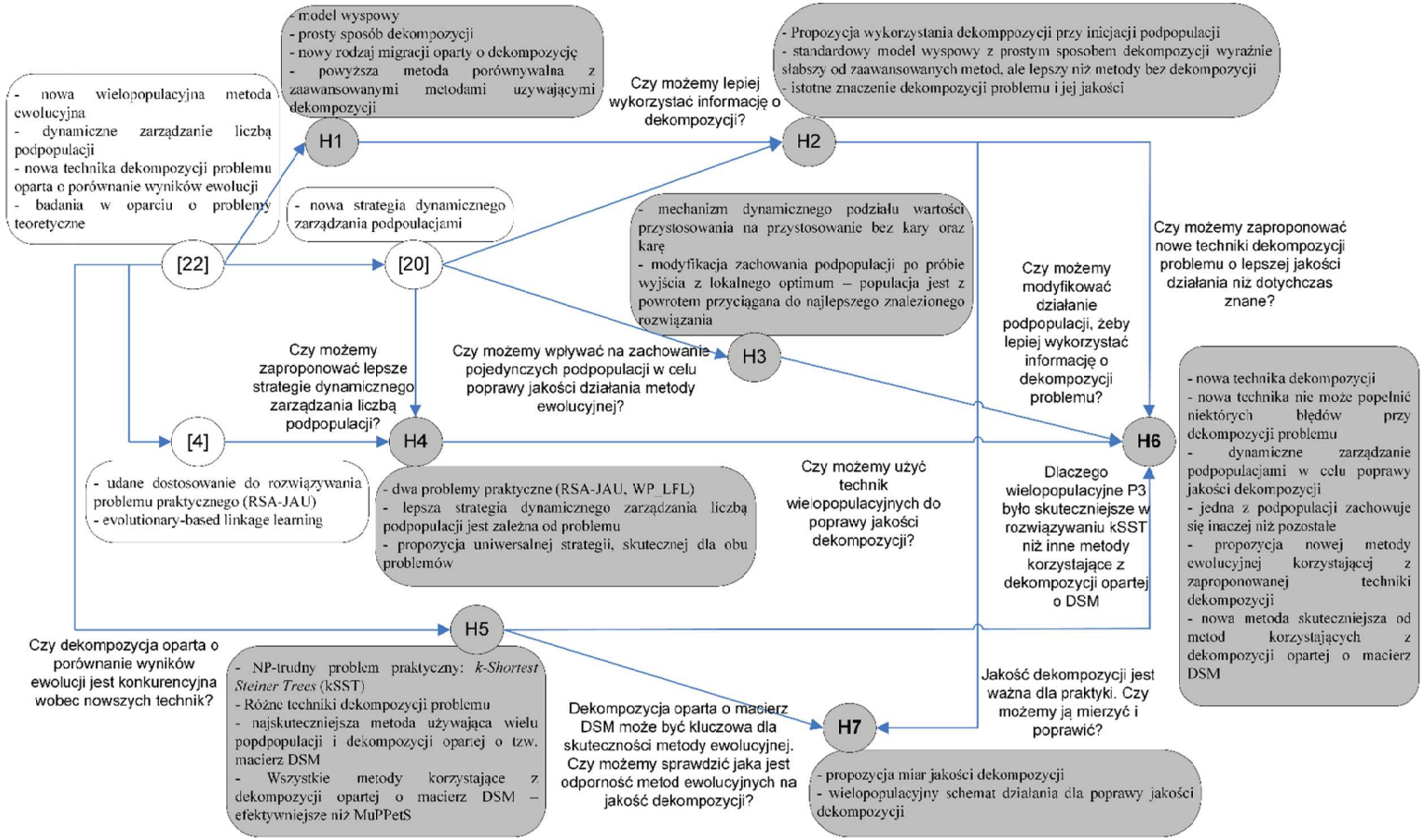
Większość przedstawionych poniżej prac powstała w ramach współpracy z innymi badaczami. Deklaracje współautorów określające mój wkład w poszczególne publikacje stanowią Załącznik nr 6 do niniejszego wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego. Mój własny wkład jest scharakteryzowany krótko przy każdej pracy.

4.2 Spis publikacji stanowiących osiągnięcie naukowe

Cykl publikacji przedstawiono schematycznie na



Rys. *1*. Pokazane są tam publikacje wchodzące w skład osiągnięcia naukowego ([H1]-[H7]), logiczne zależności pomiędzy nimi oraz najważniejsze publikacje stanowiące kontekst cyklu.


- model wyspowy
- prosty sposób dekompozycji
- nowy rodzaj migracji oparty o dekompozycję
- powyższa metoda porównywalna z zaawansowanymi metodami używającymi dekompozycji
- nowa wielopopulacyjna metoda ewolucyjna
- dynamiczne zarządzanie liczbą podpopulacji
- nowa technika dekompozycji problemu oparta o porównanie wyników ewolucji
- badania w oparciu o problemy teoretyczne
H1
Czy możemy lepiej wykorzystać informację o dekompozycji?
- Propozycja wykorzystania dekomppozycji przy inicjacji podpopulacji
- standardowy model wyspowy z prostym sposobem dekompozycji wyraźnie słabszy od zaawansowanych metod, ale lepszy niż metody bez dekompozycji
- istotne znaczenie dekompozycji problemu i jej jakości
H2
- nowa strategia dynamicznego zarządzania podpoulacjami
[22]
[20]
- mechanizm dynamicznego podziału wartości przystosowania na przystosowanie bez kary oraz karę
- modyfikacja zachowania podpopulacji po próbie wyjścia z lokalnego optimum – populacja jest z powrotem przyciągana do najlepszego znalezionego rozwiązania
Czy możemy zaproponować nowe techniki dekompozycji problemu o lepszej jakości działania niż dotychczas znane?
Czy możemy modyfikować działanie podpopulacji, żeby lepiej wykorzystać informację o dekompozycji problemu?
Czy możemy zaproponować lepsze strategie dynamicznego zarządzania liczbą podpopulacji?
Czy możemy wpływać na zachowanie pojedynczych podpopulacji w celu poprawy jakości działania metody ewolucyjnej?
H3
H6
- nowa technika dekompozycji
- nowa technika nie może popełnić niektórych błędów przy dekompozycji problemu
- dynamiczne zarządzanie podpopulacjami w celu poprawy jakości dekompozycji
- jedna z podpopulacji zachowuje się inaczej niż pozostałe
- propozycja nowej metody ewolucyjnej korzystającej z zaproponowanej techniki dekompozycji
- nowa metoda skuteczniejsza od metod korzystających z dekompozycji opartej o macierz DSM
[4]
H4
- udane dostosowanie do rozwiązywania problemu praktycznego (RSA-JAU)
- evolutionary-based linkage learning
- dwa problemy praktyczne (RSA-JAU, WP_LFL)
- lepsza strategia dynamicznego zarządzania liczbą podpopulacji jest zależna od problemu
- propozycja uniwersalnej strategii, skutecznej dla obu problemów
Czy możemy użyć technik wielopopulacyjnych do poprawy jakości dekompozycji?
Dlaczego wielopopulacyjne P3 było skuteczniejsze w rozwiązywaniu kSST niż inne metody korzystające z dekompozycji opartej o DSM
H5
Czy dekompozycja oparta o porównanie wyników ewolucji jest konkurencyjna wobec nowszych technik?
- NP-trudny problem praktyczny: *k-Shortest Steiner Trees* (kSST)
- Różne techniki dekompozycji problemu
- najskuteczniejsza metoda używająca wielu popdpopulacji i dekompozycji opartej o tzw. macierz DSM
- Wszystkie metody korzystające z dekompozycji opartej o macierz DSM – efektywniejsze niż MuPPetS
Dekompozycja oparta o macierz DSM może być kluczowa dla skuteczności metody ewolucyjnej. Czy możemy sprawdzić jaka jest odporność metod ewolucyjnych na jakość dekompozycji?
Jakość dekompozycji jest ważna dla praktyki. Czy możemy ją mierzyć i poprawić?
H7
- propozycja miar jakości dekompozycji
- wielopopulacyjny schemat działania dla poprawy jakości dekompozycji

Rys. 1 Schemat publikacji powiązanych tematycznie wchodzących w skład cyklu ([H1]-[H7]), oraz najważniejszych prac, z którymi związany jest cykl.

- **[H1]** M. M. Komarnicki, M. W. Przewozniczek, "Linked Genes Migration in Island Models," in *Proceedings of the 8th International Joint Conference on Computational Intelligence*, IJCCI 2016, vol. 3, pp. 30-40, 2016.
  (konferencja międzynarodowa indeksowana w WOS; Punktacja MNiSW: **15pkt;** Ranking Core: **brak;** szacowany udział: **30%; CI[1]=0/0/0)**
  Jestem współautorem koncepcji metody ewolucyjnej oraz większości treści artykułu. Pan M.M Komarnicki był wtedy doktorantem (jestem promotorem pomocniczym Jego doktoratu) i pracował we współpracy ze mną, oraz pod moim nadzorem. Wykonał większość prac programistycznych oraz pod moim nadzorem przeprowadził eksperymenty.

- **[H2]** M. W. Przewoźniczek, "Subpopulation initialization driven by linkage learning for dealing with the Long-Way-To-Stuck effect," *Information Sciences*, vol. 521, pp. 62-80, 2020.
  (IF 5.524; Punktacja MNiSW: **200pkt;** Ranking Core: **B;** szacowany udział: **100%; CI=0/0/0)**

- **[H3]** M. W. Przewozniczek, R. Datta, K. Walkowiak, M. Komarnicki, "Splitting the fitness and penalty factor for temporal diversity increase in practical problem solving," *Expert Systems With Applications*, vol. 145, pp.1-11, 2020.
  (IF 4.292; Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **B;** szacowany udział: **55%; CI=2/2/2)**
  Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej metody, implementacji części metod konkurujących, przeprowadzeniu eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

- **[H4]** M. W. Przewozniczek, R. Goścień, "Universal Strategy of Dynamic Subpopulation Number Management in Practical Network Optimization Problems," *Applied Soft Computing*, vol. 82, pp. 1-19, 2019.
  (IF 4.873; Punktacja MNiSW: **200pkt;** Ranking Core: **C;** szacowany udział: **70%; CI=0/0/0)**
  Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej metody, implementacji części metod konkurujących, przeprowadzeniu eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

[1] Dla publikacji podawany jest indeks Citation Index (CI), definiowany w następujący sposób: CI=x/y/z, gdzie x oznacza liczbę cytowań według Web of Science, y według Scopus, a z według Google Scholar. Oznaczenie "–" wskazuje na brak indeksowania publikacji odpowiednio przez WoS, Scopus lub Google Scholar. Cytowania podawane bez analizy (auto)cytowań i stan z dnia 2020.07.16.

- **[H5]** M. W. Przewozniczek, K. Walkowiak, A. Sen, M. Komarnicki, P. Lechowicz, "The transformation of the k-Shortest Steiner trees search problem into binary dynamic problem for effective evolutionary methods application," *Information Sciences*, vol. 479, pp. 1–9, 2019.
  (IF 4.038; Punktacja MNiSW: **200pkt;** Ranking Core: **B;** szacowany udział: **50%; CI=1/1/2)**
  Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej metody, implementacji części metod konkurujących, przeprowadzeniu części eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

- **[H6]** M.W. Przewozniczek, M. M. Komarnicki, "Empirical linkage learning," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2020 (in press).
  (IF 8.508; Punktacja MNiSW: **200pkt;** Ranking Core: **A*;** szacowany udział: **60%; CI=0/0/0)**
  Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, współopracowaniu nowej techniki pozyskiwania informacji o zależnościach pomiędzy genami, współopracowaniu nowej metody ewolucyjnej, wykonaniu części implementacji, przeprowadzeniu części eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

- **[H7]** M. W. Przewozniczek, B. Frej, M. M. Komarnicki, "On measuring and improving the quality of linkage learning in modern evolutionary algorithms applied to solve partially additively separable problems," in *Proceedings of the 2020 Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO '20)*. ACM, pp. 742–750, 2020.
  (konferencja międzynarodowa indeksowana w WOS; Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **A;** szacowany udział: **50%; CI=0/0/0)**
  Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, współautorstwie miar jakości dla dekompozycji problemu, zaproponowaniu uniwersalnego szablonu dla metod ewolucyjnych pozwalającego na podnoszenie jakości informacji o dekompozycji problemu, wykonaniu implementacji, przeprowadzeniu części eksperymentów obliczeniowych, współopracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

Jedna z wyżej wymienionych publikacji ([H1]) jest indeksowana przez WOS, ale nie znajduje się na obecnej liście MNiSW. Wszystkie pozostałe publikacje znajdują się na liście MNiSW. Przy każdej z nich podano liczbę punktów wg MNiSW, współczynnik Impact Factor z roku publikacji, oraz ranking Core. Dla publikacji ([H1]-[H7]) łaczna liczba punktów MNiSW wynosi **1195**, a sumaryczny IF=**27,235**.

4.3 Omówienie celu naukowego ww. prac i osiągniętych wyników wraz z potencjalnymi zastosowaniami

4.3.1 Wprowadzenie

Wykorzystanie dynamicznych technik wielopopulacyjnych. Metody ewolucyjne to narzędzia optymalizacji, które są szczególnie przydatne dla poszukiwania wysokiej jakości rozwiązań dla problemów NP-trudnych i NP-zupełnych występujących w praktyce [BD17, BLR83]. Z tego powodu można znaleźć liczne przykłady skutecznego zastosowania metod ewolucyjnych do rozwiązywania trudnych problemów praktycznych [DSI18, PTS14]. W związku z powyższym, badania prowadzące do podniesienia skuteczności działania metod ewolucyjnych są ważne dla innych dziedzin nauki i techniki. W związku z tematem cyklu publikacyjnego, poniżej zostaną omówione najważniejsze zagadnienia dotyczące wykorzystania rozwiązań wielopopulacyjnych, oraz dekompozycji problemu za pomocą technik wyszukiwania powiązań pomiędzy genami.

Wykorzystanie technik wielopopulacyjnych jest istotnym elementem dziedziny Obliczeń Ewolucyjnych. Użycie tych technik pozwoliło na poprawę jakości działania takich metod optymalizacji jak Algorytmy Genetyczne (ang. *Genetic Algorithms*, dalej: GA) [A15, KC15], Optymalizacja Rojem Cząstek (ang. *Particle Swarm Optimization*, dalej: PSO) [C15, F14], Ewolucja Różnicowa (ang. *Differential Evolution*, dalej: DE) [WZZ16, ZLB15]. Techniki wielopopulacyjne mogą być używane do wielu różnych celów: zachowaniu różnorodności populacji, rozwiązywaniu problemów wielokryterialnych, ograniczeniu liczby parametrów metody [BLT16]. W literaturze problemu dominują rozwiązania korzystające ze stałej liczby podpopulacji [A15,C15,OLM14,WZZ16].

Analiza literatury problemu pozwala stwierdzić, że użycie strategii do dynamicznego zarządzania podpopulacjami może prowadzić do znaczącej poprawy jakości wyników proponowanych przez metody ewolucyjne. W takich podejściach nowe podpopulacje są tworzone i kasowane w trakcie działania metody, w zależności od przebiegu procesu optymalizacji. Ponadto, niektóre podpopulacje mogą zachowywać się w różny sposób w zależności od stanu metody. Przykładem skutecznej metody ewolucyjnej korzystającej z dynamicznego zarządzania podpopulacjami może być metoda *Niching Migratory Multi-Swarm Optimiser* (NMMSO) [F14]. NMMSO jest rozwinięciem idei PSO. W trakcie przebiegu metoda tworzy wiele podpopulacji zwanych podrojami (ang. *subswarm*). Każdy podrój ma za zadanie przeszukiwanie innej części dostępnej przestrzeni rozwiązań. W celu podniesienia różnorodności całej populacji metoda co iterację tworzy nowe podroje, oraz łączy te, które zostaną uznane za zbliżone do siebie, lub też dzieli istniejące. Komunikacja pomiędzy podrojami jest zapewniana poprzez operator migracji (ang. *migration*), który jest klasycznym rozwiązaniem stosowanym w tzw. Modelu Wyspowym (ang. *Island Model*, dalej: IM) [S08]. IM jest jedną z form wykorzystania technik wielopopulacyjnych. Badania wykazały wysoką skuteczność NMMSO, które w 2015 wygrało konkurs *IEEE CEC Competition on Niching Methods For Multimodal Optimization* [LEE15]. Inne przykłady wysokiej skuteczności metod ewolucyjnych korzystających z dynamicznego zarządzania podpopulacjami mogą być znalezione w [BLT16,GP14].

Analizy przeprowadzone przed przystąpieniem do prac nad cyklem publikacyjnym wykazały, że dynamiczne zarządzanie liczbą podpopulacji niesie znaczący potencjał poprawy jakości wyników uzyskiwanych przez metody ewolucyjne. Wykorzystanie tego typu technik było i nadal pozostaje na stosunkowo niskim poziomie (pomimo wzrostu popularności). Powyższa analiza została uznana za wiarygodną przez recenzentów Narodowego Centrum Nauki (NCN).

Dzięki temu udało mi się uzyskać w 2015 roku grant w ramach programu Sonata-10, którego jestem kierownikiem (grant zostanie zamknięty przed zakończeniem 2020 roku).

Wykorzystanie i znaczenie technik wyszukiwania powiązań między genami (ang. *Linkage Learning*, dalej: LL). LL to grupa technik pozwalająca na dekompozycję struktury problemu i poprawę jakości działania metod ewolucyjnych. Literatura wskazuje, że wpływ LL na skalowalność GA i ich zdolność do znajdowania rozwiązań o wysokiej jakości jest znaczący. Na przykład w pracy [TB13], Autorzy wskazują, że ich metoda była w stanie rozwiązać trudny problem obliczeniowy, ponieważ potrafi perfekcyjnie rozpoznać prawdziwe zależności pomiędzy genami. Na kluczowe znaczenie LL wskazują również prace dotyczące optymalizacji techniką tzw. Szarej Skrzynki (ang. *Gray-Box Optimization*, dalej: GBO) – w pracy [WCG16] metody ewolucyjne korzystające z informacji o strukturze problemu zapewnionej przez użytkownika (istota GBO polega na ręcznym rozpoznaniu struktury problemu i dostarczeniu tej informacji do metody wykonującej optymalizację) są w stanie znajdować rozwiązania optymalne dla trudnych problemów optymalizacyjnych dzięki wysokiej jakości informacji o dekompozycji problemu. Warto zauważyć, że dla optymalizacji prowadzonej w przestrzeniach ciągłych LL również może mieć kluczowe znaczenie dla jakości wyników optymalizacji [OLM14,SEO19]. Potwierdza to fakt, że metoda zaproponowana w [SEO19] wygrała konkurs *CEC'2019 Large Scale Global Optimization Competition*. Metody ewolucyjne wykorzystujące LL mogą cechować się znacząco wyższą skutecznością niż metody niekorzystające z takich technik. Zwłaszcza w przypadku zastosowania do optymalizacji trudnych problemów praktycznych [OTB18]. Wykorzystanie technik LL może być również kluczem do uzyskania wysokiej skuteczności w rozwiązywaniu problemów permutacyjnych [BLT16] oraz pozwolić na osiągnięcie znacząco lepszych wyników niż w przypadku innych technik dekompozycji struktury problemu [CIM14]. Wykorzystanie LL nie jest ograniczone do optymalizacji jednokryterialnej. Przeciwnie – jest z powodzeniem stosowane w optymalizacji trudnych problemów wielokryterialnych [BLW17,LPB18].

Od roku 2013, wiodącą pozycję wśród metod ewolucyjnych w zakresie optymalizacji problemów kombinatorycznych zajęły metody korzystające z technik LL opartych o tzw. *Dependency Structure Matrix* (DSM) [GP14,HY15,TB13]. Techniki LL oparte o DSM analizują częstotliwości występowania poszczególnych kombinacji wartości dla każdej możliwej pary genów. Na tej podstawie tej wyliczana jest siła zależności pomiędzy każdą parą genów w genotypie. Żeby wytworzyć dłuższe zależności niż 2-genowe, informacja zawarta w DSM poddawana jest klasteryzacji. W pracach [GP14,TB13] budowane są tzw. Drzewa Powiązań (ang. *Linkage Trees*, dalej: LT), natomiast w [HY15] tworzony jest Inkrementacyjny Zestaw Powiązań (ang. *Incremental Linkage Set*, dalej: ILS).

Warto zauważyć, że w latach, dotyczących cyklu publikacji zainteresowanie LL wzrastało. Zgodnie z danymi z bazy Scopus liczba prac odnoszących się do LL wynosiła: 277 (2015), 243 (2016), 313 (2017), 309 (2018), 408 (2019). Pomimo trendu wzrostowego takie wartości należy jednak uznać za niskie. Na przykład w porównaniu z liczbą prac dotyczących algorytmów genetycznych (13 475 prac w 2015 i 17 692 w 2019). Z drugiej jednak strony, różne techniki dekompozycji struktury problemu cieszą się dużym zainteresowaniem zwłaszcza na wiodących konferencjach dotyczących obliczeń ewolucyjnych. Jako przykład można rozważyć konferencję GECCO, która obok PPSN i CEC jest uważana za jedną z najlepszych konferencji w dziedzinie Obliczeń Ewolucyjnych. W grupie (*track'u*) o nazwie Algorytmy Genetyczne liczba prac dotyczących LL, oraz innych zagadnień dotyczących dekompozycji problemów (np. *Estimation of Distribution Algorithms* lub *Gray-Box optimization*) wyniosła: 6 prac na 13 (GECCO 2017), 4 prace na 14 (GECCO 2018), 3 prace na 17 (GECCO 2019), 3 prace na 12 (GECCO 2020). Ponadto,

prace odwołujące się do LL otrzymały nagrody dla najlepszej pracy lub zostały do niej nominowane [BLT16,GP14,OTB18]. Dodatkowo, na konferencji GECCO 2020, nominowano do tej nagrody pracę z grupy (*tracku*) *Evolutionary Numerical Optimization*, która dotyczy rozwoju LL i jego użycia w przestrzeniach ciągłych [BMA20]. Prace dotyczące LL są również zauważane w innych wiodących czasopismach naukowych, oraz na innych wiodących konferencjach. Na przykład praca [OLM14] otrzymała nagrodę *IEEE Transactions on Evolutionary Computation Outstanding Paper Award*. Natomiast metoda wykorzystująca LL zaproponowana w [SEO19] wygrała konkurs *CEC'2019 Large Scale Global Optimization Competition*. W związku z powyższym, można postawić tezę, że LL i inne techniki dekomponujące strukturę problemu cieszą się dużym zainteresowaniem światowych liderów w dziedzinie obliczeń ewolucyjnych.

Pomimo znaczących postępów zarówno w rozwoju technik LL, jak i sposobów ich wykorzystania analiza ww. zagadnień wykazała znaczące braki. Przede wszystkim liczba prac proponujących metody ewolucyjne wykorzystujące LL w optymalizacji problemów praktycznych takich jak [OTB18] wydawała się niewielka. Ponadto, informacje zwracane przez techniki LL zwykle były wykorzystywane przy operacji krzyżowania (ang. *crossover*) [GP14]. W momencie przystąpienia do prac nad cyklem publikacji analiza literatury wskazywała, że kluczowym aspektem dekompozycji jest jej jakość [TB13], brakowało jednak dogłębnej analizy tego zagadnienia. Kluczowym brakiem w dziedzinie problemu, wydawał się brak badań pozwalających na odpowiedź na pytanie: „Skoro techniki wielopopulacyjne mogą poprawiać jakość działania metod ewolucyjnych, to czy jest możliwe, żeby mogły również poprawiać jakość samej dekompozycji problemu za pomocą LL i w ten (pośredni) sposób wpłynąć na jakość działania metod ewolucyjnych?".

Punkt wyjścia do badań stanowi stan określony przez prace [3,4,20-22]. W pracy [22] zaproponowano nową technikę LL, oraz metodę ewolucyjną wykorzystującą dynamiczne zarządzanie podpopulacjami - *Multi Population Pattern Searching Algorithm for Flow Assignment* (MuPPetS). Skuteczność MuPPetS została pokazana z użyciem zestawu trudnych problemów teoretycznych. W pracach [4,21] pokazano, że po odpowiednich dostosowaniach MuPPetS nadaje się do optymalizacji NP-trudnych i niebinarnych problemów praktycznych. W pracy [20] zaproponowaną nową strategię dynamicznego zarządzania podpopulacjami, która miała znaczący wpływ na skuteczność MuPPetS w optymalizacji NP-trudnego problemu praktycznego. Pomimo, że prace [20,21] zostały opublikowane po obronieniu przeze mnie doktoratu (w przypadku [20] ponad trzy lata po tym wydarzeniu), to nie zostały one zgłoszone jako część dorobku habilitacyjnego, ponieważ wynikają one bezpośrednio z mojej pracy doktorskiej. Nie zmienia to jednak faktu, że stan wiedzy, który zdefiniowały te prace, miał bezpośredni wpływ na kierunki i treść prowadzonych przeze mnie badań.

[A15] H. N. Alves, "A Multi-population Hybrid Algorithm to Solve Multi-objective Remote Switches Placement Problem in Distribution Networks," *Journal of Control, Automation and Electrical Systems*, Vol. 25, Issue 5, pp. 545-555, 2015.
[BD17] S. Bouajaja, N. Dridi, "A survey on human resource allocation problem and its applications," *Operational Research*, Vol. 17, No.2, pp.339-369, 2017.
[BMA20] A. Bouter, S. C. Maree, T. Alderliesten, P. A. N. Bosman, "Leveraging conditional linkage models in gray-box optimization with the real-valued gene-pool optimal mixing

evolutionary algorithm," in *Proceedings of the 2020 Genetic and Evolutionary Computation Conference* (GECCO '20). ACM, pp. 603–611, 2020.
[BLR83] Blazewicz, J., Lenstra, J.K. & Rinnooy Kan, "Scheduling subject to resource constraints: Classification and complexity," *Discrete Applied Mathematics*, Vol. 5, pp 11-24, 1983.
[BLT16] P. A. Bosman, N. H. Luong, D. Thierens, "Expanding from discrete cartesian to permutation gene-pool optimal mixing evolutionary algorithms," in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference 2016*, GECCO '16, pages 637-644. ACM, 2016.
[BLW17] A. Bouter, N. H. Luong, C. Witteveen, T. Alderliesten, P. A. N. Bosman, "The multi-objective real-valued gene-pool optimal mixing evolutionary algorithm," in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, GECCO '17, page 537-544, 2017.
[C15] W.D. Chang, "A modified particle swarm optimization with multiple subpopulations for multimodal function optimization problems," *Applied Soft Computing*, Vol. 33, pp. 170-182, 2015.
[CIM14] J. Ceberio, E. Irurozki, A. Mendiburu, J. A. Lozano, "A distance-based ranking model estimation of distribution algorithm for the flowshop scheduling problem," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 18, pp. 286-300, 2014.
[DD13] K. Deb, R. Datta, "A bi-objective constrained optimization algorithm using a hybrid evolutionary and penalty function approach," *Engineering Optimization*, Vol. 45, pp. 503–527 2013.
[DSI18] P. Dziurzanski, J. Swan, L.S. Indrusiak, "Value-based manufacturing optimisation in serverless clouds for industry 4.0," in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO'18)*, ACM, , pp. 1222–1229, 2018.
[F14] J. E. Fieldsend, "Running Up Those Hills: Multi-Modal Search with the Niching Migratory Multi-Swarm Optimiser" in *IEEE Congress on Evolutionary Computation*, pp. 2593 – 2600, 2014.
[GP14] B. W. Goldman, W. F. Punch, "Parameter-less population pyramid," in *Proceedings of the 2014 Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation*, GECCO '14, pages 785-792. ACM, 2014.
[HY15] S.-H. Hsu, T.-L. Yu "Optimization by Pairwise Linkage Detection, Incremental Linkage Set, and Restricted / Back Mixing: DSMGA-II," in *Proceedings of the 2015 Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation (GECCO '15)* 519-526, 2015.
[KC15] H. H. Kim, J. Y. Choi, "Pattern generation for multi-class LAD using iterative genetic algorithm with flexible chromosomes and multiple populations," *Expert Systems with Applications*, Vol. 42, pp. 833-843, 2015.
[LEE15] X. Li, A. Engelbrecht, M.G. Epitropakis, "2015 IEEE CEC Competition on Niching Methods For Multimodal Optimization" in *IEEE Congress on Evolutionary Computation Special Session on Niching Method for Multimodal Optimization*, http://goanna.cs.rmit.edu.au/~xiaodong/cec15-niching/competition/NichingCEC2015.pdf, 2015.
[LPB18] N. H. Luong, H. L. Poutre, P. A. Bosman, "Multi-objective gene-pool optimal mixing evolutionary algorithm with the interleaved multi-start scheme," *Swarm and Evolutionary Computation*, Vol. 40, pp. 238-254, 2018.
[OLM14] M.N. Omidivar, X. Li, Y. Mei, X. Yao, "Cooperative Co-evolution with Differential Grouping for Large Scale Optimization," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 18, pp. 378-393, 2014.
[OTB18] K. Orphanou, D. Thierens, P. A. N. Bosman, "Learning bayesian network structures with gomea" in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, GECCO '18, pp. 1007-1014. ACM, 2018.

[PGC99] Pelikan, M., Goldberg, D.E., Cantu-Paz, E, “BOA: The Bayesian Optimization Algorithm,” in *IlliGAL Report No. 99003*, 1999.
[PTS14] D. Perez, J. Togelius, S. Samothrakis, P. Rohlfshagen and S. M. Lucas, "Automated Map Generation for the Physical Traveling Salesman Problem," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 18, no. 5, pp. 708-720, 2014.
[S08] Z. Skolicki “Linkage in Island Models” in *Linkage in Evolutionary Computation*, pp. 41-60, 2008.
[SEO19] Y. Sun, X. Li, A. Ernst, M. N. Omidvar, “Decomposition for largescale optimization problems with overlapping components,” in *2019 IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC)*, pp. 326-333, 2019.
[WCG16] L. D. Whitley, F. Chicano, B. W. Goldman. Gray box optimization for mk landscapes nk landscapes and max-ksat. *Evolutionary Computation*, 24(3):491-519, 2016.
[TB13] D. Thierens, P. A. Bosman, “Hierarchical problem solving with the linkage tree genetic algorithm,” in *Proceedings of the 15th Annual Conference on Genetic and Evolutionary Computation*, GECCO '13, pp. 877-884. ACM, 2013.
[WZZ16] J. Wang, W. Zhang, J. Zhang, “Cooperative Differential Evolution With Multiple Populations for Multiobjective Optimization,” *IEEE Transactions on Cybernetics*, Vol. 46, pp. 2848-2861, 2016.
[ZLB15] A.-C. Zavoianu, E. Lughofer, G. Bramerdorfer, W. Amrhein, E. P. Klemen, "DECMO2: a robust hybrid and adaptive multi-objective evolutionary algorithm," *Soft Computing*, Vol. 19, Issue 12, pp. 3551-3569, 2015.

4.3.2 Cel

Wspólnym celem cyklu publikacji powiązanych tematycznie i stanowiących osiągnięcie naukowe była poprawa skuteczności działania metod ewolucyjnych. Środkami do tego celu jest zastosowanie technik wielopopulacyjnych z wykorzystaniem technik dynamicznie zarządzających podpopulacjami (dodających nowe podpopulacje i usuwających istniejące w trakcie przebiegu metody, oraz wpływających na zachowanie podpopulacji w trakcie działania metody), oraz dekompozycji struktury problemu z wykorzystaniem technik wyszukiwania powiązań pomiędzy genami.

W cyklu publikacji (z lat 2016-2020) w szczególności zajęto się następującą tematyką dotyczącą wielopopulacyjnych metod ewolucyjnych korzystających z technik wyszukujących powiązania między genami:

- Zastosowanie do NP-trudnych i NP-zupełnych problemów praktycznych
- Opracowanie ulepszeń dla istniejących i zaproponowanie nowych strategii dynamicznego zarządzania liczbą i zachowaniem podpopulacji
- Zbadanie wpływu jakości informacji o dekompozycji problemu na przebieg działania metody ewolucyjnej
- Zbadanie jakie czynniki faktycznie wpływają na jakość informacji o dekompozycji problemu
- Zbadanie, czy użycie technik wielopopulacyjnych (w szczególności technik dynamicznie zarządzających podpopulacjami) może wpłynąć na jakość informacji o dekompozycji problemu
- Porównanie jakości działania metod ewolucyjnych korzystających z różnych technik wyszukujących powiązań pomiędzy genami
- Zaproponowanie nowych technik wyszukiwania powiązań pomiędzy genami, takich które byłyby pozbawione wad tych technik, które były aktualne w literaturze problemu
- Opracowanie nowych metod ewolucyjnych, wykorzystujących nowe techniki wyszukiwania powiązań pomiędzy genami oraz dynamiczne zarządzanie liczbą podpopulacji

Nadrzędnym zadaniem cyklu publikacji było opracowanie nowych, skuteczniejszych metod ewolucyjnych, wykorzystujących nowe techniki wyszukiwania powiązań pomiędzy genami oraz dynamiczne zarządzanie podpopulacjami. Zrealizowane prace wpisują się w aktualne trendy dotyczące obliczeń ewolucyjnych, o czym świadczą publikacje w wiodących czasopismach naukowych w dziedzinie (np. w *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*) oraz na wiodących i kształtujących trendy konferencjach naukowych (np. na konferencji GECCO).

4.3.3 Omówienie wyników

W pracy [22] zaproponowano nową technikę LL pozyskującą informacje o powiązaniach pomiędzy genami na podstawie analizy zmian spowodowanych przez proces ewolucyjny. Ponadto, zaproponowano metodę MuPPetS (o dość skomplikowanej strukturze) i pokazano, że jest ona wysoce skuteczna. Celem pracy **[H1]** było sprawdzenie, czy jest możliwe osiągnięcie wyników porównywalnych jakościowo do MuPPetS, ale przy użyciu prostszych narzędzi. Dlatego zaproponowano metodę *Gene Pattern Based Island Model* (GePIM) opartą o klasyczny model wyspowy (ang. *Island Model*). Istotną nowością wprowadzoną w ramach GePIM było zastąpienie klasycznego operatora migracji (wymieniającego pomiędzy poszczególnymi podpopulacjami, tzw. wyspami, całe osobniki) operatorem *Linked Gene Groups Migration* (LGGM). Użycie LGGM ma na celu wymianę istotnych składników rozwiązania, tzw. bloków budujących (ang. *Building Blocks*), zamiast całych rozwiązań. Te części rozwiązań, które mają podlegać migracji są znajdowane za pomocą informacji uzyskanej dzięki LL. Zastosowana w GePIM technika LL była bardzo prosta – polegała na porównaniu genotypowych różnic pomiędzy najlepszymi osobnikami w poszczególnych populacjach i domniemaniu, że takie różnice powinny dotyczyć genów, które są od siebie zależne. Badania przeprowadzono z wykorzystaniem zestawu trudnych problemów teoretycznych. Wyniki zaprezentowane w **[H1]** wskazują, że GePIM jest znacznie skuteczniejszy od klasycznych metod ewolucyjnych (tutaj: klasyczny GA i klasyczny IM), oraz posiada porównywalną lub nieco lepszą skuteczność od aktualnych (w tamtym okresie) i dobrze opublikowanych metod ewolucyjnych takich jak MuPPetS [22] i Bayesian Optimization Algorithm (BOA) [PGC99]. Wyniki i propozycje zaprezentowane w pracy **[H1]** prowadziły do następujących pytań:

> *(P1) Czy jakość dekompozycji problemu za pomocą technik LL ma istotne znaczenie dla procesu optymalizacji? Czy proste (i prawdopodobnie nieprecyzyjne) techniki LL mogą prowadzić dawać podobne korzyści jak zaawansowane techniki?*
> *(P2) Czy w metodach używających technik wielopoulacyjnych użycie klasycznego IM jest porównywalnym jakościowo rozwiązaniem do użycia dynamicznego zarządzania podpopulacjami?*
> *(P3) Czy istnieją inne sposoby użycia informacji o dekompozycji problemu?*

Odpowiedzi na pytania P1-P3 dostarczyły wyniki dalszych badań opublikowane w pracy **[H2]**. Należy zauważyć, że praca **[H2]**, była również kontynuacją prac związanych z [20] dotyczącą zaprojektowania skutecznej metody ewolucyjnej przeznaczonej do optymalizacji problemu WP_LFL dotyczącego optymalizacji jakości przepływu w szkieletowych sieciach komputerowych. Rozwiązaniem problemu WP_LFL jest zestaw ścieżek, którymi mają być przesyłane informacje w szkieletowej sieci komputerowej (informacje mają być przesyłane pomiędzy zadanymi parami węzłów). Rozwiązanie problemu korzysta z kodowania dyskretnego (wartość każdego genu wskazuje na ścieżkę, której należy użyć, żeby przesłać informację pomiędzy daną parą węzłów, metoda posiada listę dostępnych ścieżek, dodatkowo w trakcie optymalizacji znajdowane są nowe ścieżki), jednak w odróżnieniu od prac [22,**H1**] nie jest ono binarnie.

W **[H2]** wykazano, że w przypadku rozważanych instancji problemu WP_LFL, które są istotne dla praktyki, klasyczna metoda ewolucyjna może przez długi czas poprawiać najlepsze dotychczas znalezione rozwiązanie. Zjawisko to nazwano efektem *Long-Way-To-Stuck*. Pokazano, że w takim przypadku dodawanie w trakcie działania metody podpopulacji

zainicjowanych losowo jest wątpliwe, ponieważ przez bardzo długi czas osobniki z nowododanych podpopulacji są na tyle słabej jakości, że są szybko dominowane przez osobniki z podpopulacji, które procesowi ewolucji podlegały przez dłuższy okres czasu. Jednocześnie, ewoluowanie nowych podpopulacji tak długo aż ich osobniki staną się porównywalnej jakości z osobnikami z wcześniej dodanych podpopulacji jest bardzo kosztowne obliczeniowo. Te obserwacje wskazały, że zaproponowana w [20] strategia dynamicznego zarządzania liczbą podpopulacji dedykowana dla problemu WP_LFL ma znaczący potencjał poprawy jakości działania. Warunkiem jest znalezienie takiego sposobu inicjacji nowych podpopulacji, że:

- nowe podpopulacje będą znacząco różne od dotychczas używanych
- nowe podpopulacje będą w stanie szybko znaleźć osobniki o wysokiej jakości, które nie zostaną łatwo zdominowane przez osobniki z wcześniej utworzonych podopoulacji

W związku z powyższym, główną innowacją zaproponowaną w pracy **[H2]** było wykorzystanie informacji o dekompozycji problemu, znalezionej przez LL do procesu inicjacji nowych podpopulacji w metodach dynamicznie zarządzających podpopulacjami (w tym przypadku zarządzanie dotyczyło dodawania i usuwania podpopulacji w trakcie przebiegu metody). Pokazano, że jakość dekompozycji ma kluczowe znaczenie dla jakości proponowanych rozwiązań. Ponadto, pokazano, że skuteczność metod korzystających z prostych (i prawdopodobnie niedokładnych) technik dekompozycji problemu jest znacząco niższa od metod używających bardziej zaawansowanych rozwiązań. Wreszcie, przeprowadzone badania wykazały, że metody dynamicznie zarządzające podpopulacjami są znacznie skuteczniejsze niż ich wersje pozbawione takiej możliwości (rozważano metodę MuPPetS, oraz IM z dynamicznym zarządzaniem podpopulacjami). Należy zauważyć, że praca **[H2]** pokazała, znaczący potencjał, który daje połączenie użycia dynamicznych technik wielopopulacyjnych i technik LL.

Powyższe wyniki dostarczyły odpowiedzi na pytania P1-P3 i poprowadziły do następnych pytań:

(P4) Badania wskazują, że jakość dekompozycji problemu może być istotna dla procesu optymalizacji. Czy można zaproponować nową technikę LL, która byłaby bardziej precyzyjna niż dotychczas zaproponowane techniki?

(P5) Skoro jakość dekompozycji jest istotna dla procesu optymalizacji w problemach praktycznych, to czy możemy zmierzyć jakość dekompozycji dla różnych metod i technik?

Praca **[H3]** również jest kontynuacją badań przedstawionych w pracy [20]. Stanowi ona inne podejście do kwestii dynamicznego zarządzania podpopulacjami niż to przedstawione w pracach [4,20,22]. W **[H3]** zamiast poszukiwać lepszej strategii dodawania i usuwania podpopulacji po tym jak metoda utknie w obszarze lokalnego optimum, poszukujemy modyfikacji zachowania poszczególnych podpopulacji tak, aby doprowadzić do osiągnięcia lepszych jakościowo wyników. Dlatego w **[H3]** zaproponowano sposób wykrywania, czy dana populacja utknęła w obszarze optimum lokalnego. Jeśli tak, to wykorzystywany jest mechanizm relaksujący wpływ łamania ograniczeń. Propozycja takiego mechanizmu została zainspirowana pracą [DD13] i jest efektem współpracy z drem Rituparną Dattą (*University of South Alabama*). Jak wskazano w motywacjach, użycie zaproponowanego mechanizmu *Ranking-based Fitness and Penalty Weighting* (RFPW) jest ściśle powiązane z jakością nowych bloków budujących (ang. *Building Blocks*), które można uzyskać dzięki czasowemu ograniczeniu wpływu kary nakładanej na rozwiązanie za załamanie

ograniczeń. Te bloki budujące mogą być później przekazane do reszty populacji dzięki użyciu technik LL.

Badania wykazały, że metoda wykorzystująca RFPW i techniki LL może być znacząco skuteczniejsza od innych metod ewolucyjnych. Wnioski z wykonanych prac doprowadziły do postawienia następującego pytania dotyczącego dalszych badań na dynamicznym zarządzaniem podpopulacjami (w tym przypadku dotyczącym dynamicznej zmiany zachowania podpopulacji) z wykorzystaniem technik LL:

> *(P6) Uzyskane wyniki wskazują, że czasowa zmiana zachowania podpopulacji w połączeniu z technikami LL, może prowadzić do znaczącej poprawy jakości wyników metody ewolucyjnej. W związku z powyższym, czy możliwe jest takie, celowe, zmodyfikowanie działania pojedynczej podpopulacji, żeby skuteczniej wykorzystać informację dostarczoną przez LL?*

Głównym celem prac [4,20] było zastosowanie metody MuPPetS, do rozwiązywania trudnych problemów praktycznych. Te cele zostały osiągnięte, jednak w znacząco różny sposób. Praca [4] dotyczyła optymalizacji dla problemu *Routing and Spectrum Allocation with Joint Anycast and Unicast* (RSA-JAU). RSA-JAU jest ważnym i aktualnym jest NP-zupełnym problemem optymalizacyjnym w dziedzinie sieci komputerowych dotyczącym elastycznych sieci optycznych (ang. *Elastic Optical Networks*, dalej: EON). Dla probemu RSA-JAU kluczowymi innowacjami prowadzącymi do uzyskania skutecznej metody ewolucyjnej była hybrydyzacja MuPPetS z algorytmem przeszukiwania lokalnego, oraz mechanizmami zwiększającymi zbieżność (ang. *convergence*) metody. Tymczasem, w pracy [20] (w której rozważano problem WP_LFL), kluczem do uzyskania wyników o wysokiej jakości było zaproponowanie nowej strategii dynamicznego zarządzania podpopulacjami. Badania wykazały, że strategia zaproponowana w [20] znacząco obniża jakość MuPPetS użytego do optymalizacji RSA-JAU, oraz że strategia używana w [4] znacząco obniża jakość wyników dla problemu WP_LFL. Dlatego celem pracy **[H4]** było zaproponowanie takiej strategii dynamicznego zarządzania podpopulacjami, która byłaby skuteczna zarówno dla problemu RSA-JAU jak i WP_LFL. Zaproponowana w **[H4]** strategia *Store and Use Later* (SUL) spełnia te wymogi. Wnioski z wykonanych badań doprowadziły do postawienia następującego pytania badawczego:

> *(P7) Strategie dynamicznego zarządzania podpopulacjami wpływają na jakość optymalizacji i mogą być dla tej jakości kluczowe. Czy w takim razie te strategie mogą wpływać na jakość dekompozycji problemu?*

Praca **[H5]** została opublikowana w roku 2019, a więc 8 lat po pracy [22], w której zaproponowano metodę MuPPetS oraz nową technikę LL. W tym czasie zostały zaproponowane metody ewolucyjne takie jak: *Linkage Tree Genetic Algorithm* (LTGA) [TB13], *Dependency Structure Matrix Genetic Algorithm II* (DSMGA-II) [HY15] oraz *Parameter-less Population Pyramid* (P3) [GP14]. Wszystkie te metody korzystają z technik LL opartych o DSM i pokazano ich wysoką skuteczność w rozwiązywaniu trudnych problemów teoretycznych. Jednak prace prezentujące wykorzystanie tych metod i ich skuteczność w rozwiązywaniu problemów praktycznych (takie jak [OTB18]) były stosunkowo rzadkie. Z drugiej strony, różne wersje metody MuPPetS zostały w tym czasie wykorzystane do optymalizacji wielu różnych NP-trudnych i NP-zupełnych problemów praktycznych [3,4,15-17,20,21]. Dlatego istotne było porównanie skuteczności metod

bazujących na technikach LL wykorzystujących DSM, oraz metody MuPPetS, która wykorzystuje technikę LL opartą na innej idei. Praca **[H5]** dotyczyła problemu k-*Shortest Steiner Trees* (kSST). kSST jest NP-trudnym problemem praktycznym. Główną innowacją było zaproponowanie mechanizmu dostosowującego wszystkie brane pod uwagę metody ewolucyjne (MuPPetS, LTGA, DSMGA-II i P3) do rozwiązywania kSST. Ten cel osiągnięto poprzez transformację kSST do problemu dynamicznego. W świetle przeprowadzonych badań najlepszą metodą okazała się P3, natomiast MuPPetS była znacząco mniej skuteczna niż wszystkie trzy metody wykorzystujące DSM. Warto również zauważyć, że dedykowana dla kSSP wersja metody P3 pomimo nawet 80-krotnie mniejszego czasu obliczeń okazała się znacząco skuteczniejsza niż optymalizator *Integer Linear Programming* (ILP) uruchamiany w ramach oprogramowania CPLEX.

Wyniki i propozycje zaprezentowane w pracy **[H5]** doprowadziły do powtórnego postawienia pytań P4 i P5 (postawionych w ramach wniosków płynących z pracy **[H2]**). Ponadto, postawiono następujące pytania badawcze:

(P8) Jakość dekompozycji problemu oferowana przez techniki LL korzystające z DSM wydaje się mieć kluczowy wpływ na wyniki badań. Czy możemy sprawdzić jak jakość dekompozycji wpływa na skuteczność metod ewolucyjnych?

(P9) Czy możliwe jest zaproponowanie nowej techniki LL proponującej dekompozycję lepszej jakości niż LL oparte o DSM?

(P10) W [H5], wśród metod korzystających z LL opartego o DSM, metoda P3 okazała się znacząco skuteczniejsza niż pozostałe. P3 korzysta z technik dynamicznego zarządzania podpopulacjami. Jakie cechy problemu i jakie cechy P3 są związane z jej wysoką skutecznością w rozwiązywaniu kSSP?

Praca **[H6]** jest najważniejszym osiągnięciem cyklu. W znaczącym stopniu stanowi jego faktyczne podsumowanie i efekt wielu lat badań prowadzonych na różnych polach. Głównym osiągnięciem **[H6]** jest zaproponowanie nowej techniki LL, nazwanej *Linkage Learning based on Local Optimization* (3LO). Zgodnie z najlepszą wiedzą autorów 3LO jest oparta na ideach, które są fundamentalnie różne od idei wykorzystywanych we wszystkich wcześniej zaproponowanych technikach LL. 3LO działa z wykorzystaniem genotypu pojedynczego osobnika, na podstawie którego pozyskuje się informację o strukturze problemu. Do przeprowadzenia tej operacji wykorzystywany jest algorytm zachłanny optymalizujący genotyp osobnika. Informacja o powiązaniach pomiędzy genami jest pozyskiwana na podstawie porównania różnic pomiędzy efektem optymalizacji oryginalnego genotypu, a efektem optymalizacji oryginalnego genotypu, do którego wprowadzono niewielką perturbację w postaci zmiany wartości pojedynczego genu. W **[H6]** zamieszczono dowód, że 3LO nigdy nie wskaże fałszywych zależności pomiędzy genami (ang. *false linkage*). Oznacza to, że 3LO nie wskaże jako zależnych dwóch genów, pomiędzy którymi zależność nie zachodzi. Ta różnica jest znacząca, ponieważ dotychczasowe techniki LL były oparte o predykcję, że jakieś geny lub ich grupy są zależne. W związku z powyższym, w **[H6]** zaproponowano podział technik LL na predykcyjne techniki wyszukiwania powiązań miedzy genami (ang. *prediction-based linkage learning*), oraz empiryczne techniki wyszukiwania powiązań miedzy genami (ang. *empirical linkage learning*). Szczegóły dotyczące wprowadzonej klasyfikacji, oraz uzasadnienie jej nazewnictwa wskazane są w pracy **[H6]**.

Wadą 3LO jest jego wysoki koszt obliczeniowy, dlatego zastosowanie 3LO w aktualnych i skutecznych metodach ewolucyjnych takich jak LT-GOMEA (nowsza wersja metody LTGA) [BLT16], psDSMGA-II [9] i P3 [GP14] nie było możliwe (te metody dokonują aktualizacji

informacji o dekompozycji problemu stosunkowo często). W związku z powyższym w **[H6]** zaproponowano metodę dedykowaną do użycia 3LO, o nazwie: *Linkage Learning based on Local Optimization* Algorithm (3LOa). 3LOa aktualizuje informację o dekompozycji problemu wyłącznie w momencie, gdy poprawie ulegnie najlepsze rozwiązanie, jakie zostało dotychczas znalezione przez metodę.

Istotnym wątkiem poruszonym w **[H6]** było zagadnienie różnorodności informacji o powiązaniach między genami (ang. *linkage deversity*). Praca wskazuje, że w przypadku rozwiązywania problemów o przenikającej się strukturze (ang. *overlapping problems*) istotne może być posiadanie różnorodnej informacji o powiązaniach pomiędzy genami (to zagadnienie jest szczegółowo omówione w **[H6]**). Jest to tym bardziej istotne, że istnieje wiele przesłanek świadczących o tym, że przenikająca się struktura problemu jest typowa dla wielu problemów praktycznych. W związku z powyższym, istotne jest zapewnienie odpowiedniej różnorodności informacji o dekompozycji problemu.

Uwzględniając kwestię konieczności zachowania różnorodności informacji o powiązaniach między genami metoda 3LOa wykorzystuje podejście wielopopulacyjne z dynamicznym zarządzaniem podpopulacjami (nowe podpopulacje są tworzone i dodawane w momencie, kiedy metoda uzna, że aktualnie posiadana informacja o dekompozycji problemu nie jest wystarczająca i należy zwiększyć jej różnorodność). Każda podpopulacja jest całkowicie odseparowana od pozostałych i używa wyłącznie własnej informacji o dekompozycji problemu. Nie jest wykorzystywany żaden operator migracji, ponieważ podejście wielopoulacyjne ma za zadanie służyć do wytworzenia różnorodnej informacji o powiązaniach między genami, a nie zachowaniu różnorodności całej populacji. Ciężar optymalizacji i znalezienia jak najlepszego rozwiązania spoczywa w 3LOa na tzw. super-podpopulacji. W trakcie swojej pracy wykorzystuje ona informacje o dekompozycji problemu ze wszystkich innych podpopulacji, oraz ma możliwość pozyskiwania informacji ze wszystkich osobników znajdujących się w pozostałych podpopulacjach.

Wyniki zaprezentowane w **[H6]** wskazują, że 3LOa jest wysoce skuteczne w porównaniu z innymi aktualnymi i skutecznymi metodami (uwzględnione metody konkurencyjne to: psDSMGA-II, LT-GOMEA i P3). Jako jedyna z rozważanych metod, 3LOa znalazła rozwiązanie optymalne we wszystkich przebiegach dla wszystkich rozważanych problemów. Badania były oparte na zestawie trudnych problemów praktycznych o różnych cechach, w tym problemów o przenikającej się strukturze.

Praca **[H6]** jest głównym zwieńczeniem cyklu publikacyjnego (drugim jest publikacja **[H7]**), ponieważ odpowiada na następujące postawione wcześniej pytania badawcze (dla zwiększenia czytelności powtarzam treść wcześniej postawionych pytań):

(P4) Badania wskazują, że jakość dekompozycji problemu może być istotna dla procesu optymalizacji. Czy można zaproponować nową technikę LL, która byłaby bardziej precyzyjna niż dotychczas zaproponowane techniki?

Tak - 3LO jest techniką, dla której udowodniono, że nie popełnia jednego z rodzajów błędów, które mogą wystąpić przy dekompozycji problemu.

(P6) Uzyskane wyniki wskazują, że czasowa zmiana zachowania podpopulacji w połączeniu z technikami LL, może prowadzić do znaczącej poprawy jakości wyników metody ewolucyjnej. W

związku z powyższym, czy możliwe jest takie, celowe, zmodyfikowanie działania pojedynczej podpopulacji, żeby skuteczniej wykorzystać informację dostarczoną przez LL?
Tak – w metodzie 3LOa tzw. super-popdpopulacja używa informacji o dekompozycji problemu wytworzonych przez inne podpopulacje. Dzięki temu zabiegowi 3LOa skutecznie rozwiązuje problemy o przenikającej strukturze.

(P7) Strategie dynamicznego zarządzania podpopulacjami wpływają na jakość optymalizacji i mogą być dla tej jakości kluczowe. Czy w takim razie te strategii mogą wpływać na jakość dekompozycji problemu?
Tak – w metodzie 3LOa podpopulacje są dynamicznie tworzone w celu zwiększenia różnorodności dekompozycji problemu i podnoszą w ten sposób ogólną jakość dekompozycji problemu.

(P9) Czy możliwe jest zaproponowanie nowej techniki LL proponującej dekompozycję lepszej jakości niż LL oparte o DSM?
Tak – w przypadku 3LO jakość dekompozycji pozwala na znalezienie rozwiązania optymalnego dla problemów opartych na tzw. bimodalnych funkcjach zwodniczych. Jest to możliwe, ponieważ (jak zaznaczono w odpowiedzi na pytanie P4) 3LO nigdy nie raportuje fałszywych zależności pomiędzy genami.

(P10) W [H5], wśród metod korzystających z LL opartego o DSM, metoda P3 okazała się znacząco skuteczniejsza niż pozostałe. P3 korzysta z technik dynamicznego zarządzania podpopulacjami. Jakie cechy problemu i jakie cechy P3 są związane z jej wysoką skutecznością w rozwiązywaniu kSSP?
Szczegółowa analiza dla problemu kSSP nie została jeszcze przeprowadzona, jednak biorąc pod uwagę [H6], kluczowe wydaje się być wytworzenie różnorodnej dekompozycji. P3 w trakcie pojedynczej iteracji korzysta z wielu różnych informacji o dekompozycji problemu. Mechanizm dający podobne efekty stosowany jest w 3LOa.

Praca **[H7]** jest drugą z prac zamykających zgłoszony cykl publikacji. Należy zauważyć, że została opublikowana na konferencji GECCO w grupie (*tracku*) GA. Moje doświadczenia wskazują, że opublikowanie pełnych prac (*full-paper*) na tej konferencji i tej grupie (*tracku*) może być znacząco trudniejsze niż publikowanie w wielu wysoko punktowanych czasopismach takich jak np. *Information Sciences*, *Applied Soft Computing*, czy *Expert Systems With Applications*. W związku z tym, uważam, że ta publikacja stanowi mój znaczący sukces naukowy. Głównym celem pracy **[H7]** jest zaproponowanie miar jakości dla dekompozycji problemów, które można określić jako częściowo addytywnie separowalne (ang. *partially additively separable problems*). Dzięki zaproponowanej mierze jakości udało się osiągnąć następujące cele, istotne z punktu widzenia dziedziny:

- Analitycznie wykazano, że dla niektórych rodzajów problemów częściowo addytywnie separowalnych, techniki LL wykorzystujące DSM prowadzą do osiągnięcia perfekcyjnej dekompozycji problemu przy bardzo niskim koszcie obliczeniowym. Pozwoliło to na wyjaśnienie wysokiej skuteczności metod korzystających z takich technik do rozwiązania tego typu problemów.

- Zmierzono jakość dekompozycji, z której faktycznie korzystają metody ewolucyjne w przebiegach, w których znajdują i nie znajdują rozwiązania optymalnego.
- Zaproponowano algorytm służący do sztucznego wygenerowania dekompozycji o zadanej jakości. Z jego użyciem sprawdzono jak jakość dekompozycji wpływa na zachowanie metod ewolucyjnych dla rozważanych problemów.
- Dzięki analizie ww. wyników zaproponowano wielopopulacyjny szablon działania dla metod ewolucyjnych, który pozwala na podniesienie jakości dekompozycji dla rozważanych typów problemów. Szablon jest uniwersalny i można w nim użyć dowolnej metody korzystającej z technik LL opartych o macierz DSM.

Pracę **[H7]** można uznać za uzupełnienie zamknięcia cyklu publikacyjnego zrealizowanego w ramach **[H6]**. Odpowiada ona na następujące postawione wcześniej pytania i cele badawcze (dla zwiększenia czytelności powtarzam treść wcześniej postawionych pytań):

(P5) Skoro jakość dekompozycji jest istotna dla procesu optymalizacji w problemach praktycznych, to czy możemy zmierzyć jakość dekompozycji dla różnych metod i technik?
Tak – dzięki zaproponowanej mierze możemy to zrobić. Aktualnie jest to ograniczone do problemów częściowo addytywnie separowalnych, jednak trwają prace nad rozszerzeniem miar jakości dekompozycji na problemy o przenikającej się strukturze.

(P8) Jakość dekompozycji problemu oferowana przez techniki LL korzystające z DSM wydaje się mieć kluczowych wpływ na wyniki badań. Czy możemy sprawdzić jak jakość dekompozycji wpływa na skuteczność metod ewolucyjnych?
Tak – wyniki takich badań przedstawiono w pracy [H7]. Wskazują one, że niezbędna do znalezienia rozwiązania optymalnego jakość dekompozycji problemu może być silnie zależna od jego charakteru (niekoniecznie struktury). Takie badania przeprowadzono dla problemów częściowo addytywnie separowalnych, jednak trwają prace nad rozszerzeniem tych prac na problemy o przenikającej się strukturze.

4.3.4 Podsumowanie cyklu

W pracach stanowiących cykl publikacji skoncentrowano się na zagadnieniach związanych z jednoczesnym zastosowaniem technik wielopopulacyjnych i technik LL w metodach ewolucyjnych. Celem jednoczesnego zastosowania obu rodzajów technik jest podniesienie skuteczności metod ewolucyjnych. Wykazano, że oba rodzaje technik mogą wpływać nie tylko na działanie samej metody ewolucyjnej, w której są stosowane, ale również bezpośrednio na siebie nawzajem. Treść cyklu wskazuje również na to, że proponowane połączenie użycia obu rodzajów technik może prowadzić do znaczącej poprawy skuteczności metod ewolucyjnych w zastosowaniach praktycznych. Za najważniejsze osiągnięcia w cyklu publikacji uważam (w kolejności od najważniejszego):

- Zaproponowanie 3LO – nowej techniki LL, która dzięki oparciu na idei fundamentalnie różnej od dotychczas stosowanych nigdy nie wskazuje fałszywych powiązań pomiędzy genami.
- Zidentyfikowanie zagadnienia różnorodności informacji o dekompozycji problemu (ang. *linkage diversity*). Ten element jest szczególnie ważny, ponieważ jest związany z tzw. przenikającą się strukturą problemów optymalizacyjnych (ang. *overlapping problems*). Analiza literatury wskazuje, że jest to cecha typowa dla wielu problemów praktycznych. Ponadto, zagadnienie różnorodności dekompozycji problemu jest uniwersalne i dotyczy informacji zwracanej przez wszystkie techniki LL. Jest to ważne, ponieważ (zgodnie z moją najlepszą wiedzą) do tej pory w literaturze problemu mówiono wyłącznie o jakości dekompozycji [TB13,OLM14] w rozumieniu stopnia odwzorowania prawdziwych powiązań między genami. Wyniki przeprowadzonych eksperymentów wskazują, że samo odwzorowanie prawdziwych powiązań może być niewystarczające dla wielu typów problemów.
- Wykorzystanie technik dynamicznego zarządzania podpopulacjami do zwiększenia różnorodności dekompozycji problemu. Jest to istotne, ponieważ wskazuje, że techniki wielopopulacyjne dotychczas używane (zgodnie z moją najlepszą wiedzą) głównie do zwiększenia różnorodności populacji mogą zostać użyte do zachowania różnorodności innych elementów metod ewolucyjnych. W ten sposób mogą pośrednio wpływać na jakość optymalizacji.
- Zbadanie zależności pomiędzy jakością dekompozycji, a jakością optymalizacji oferowaną przez nowoczesne metody ewolucyjne. W tym umożliwienie badania odporności metody na spadek jakości dekompozycji problemu za pomocą algorytmu pozwalającego na generowanie sztucznej dekompozycji o zadanej jakości.
- Zaproponowanie nowych sposobów na użycie informacji o dekompozycji problemu. W tym do inicjacji nowych podpopulacji w dynamicznym zarządzaniu podpopulacjami.
- Formalne wykazanie, że dla niektórych typów problemów techniki LL korzystające z DSM pozwalają na uzyskanie perfekcyjnej dekompozycji problemu przy bardzo niskim nakładzie obliczeniowym.
- Zaproponowanie nowych technik dynamicznego zarządzania podpopulacjami, w tym techniki, która okazała się uniwersalna dla dwóch różnych problemów praktycznych.
- Zaproponowanie dostosowania licznych metod ewolucyjnych wykorzystujących techniki LL i techniki wielopopulacyjne do rozwiązywania NP-trudnych i NP-zupełnych problemów praktycznych.

Powyższe osiągnięcia stanowią istotny wkład w rozwój dziedziny jaką są Obliczenia Ewolucyjne w wymiarze międzynarodowym.

Należy zauważyć, że zamknięcie cyklu publikacyjnego nie prowadzi do wyczerpania interesującej mnie tematyki. Prace [**H6,H7**] stanowią punkt wyjścia do kolejnego etapu badań, które są obecnie realizowane.

Kluczowe kierunki dalszych prac (wykonywanych wraz z moim Współpracownikami) to:

- Zastosowanie 3LO do optymalizacji problemów praktycznych. Posiadamy już wyniki zastosowania metody bazującej na 3LOa do problemu WP_LFL. Wyniki są znacząco wyższej jakości od tych uzyskiwanych dotychczas. Na tej podstawie tworzona jest publikacja do czasopisma.
- Jedną z wad 3LO jest duży koszt obliczeniowy tej techniki. Prowadzimy prace nad znaczącym ograniczeniem tego kosztu. Planujemy opublikować te wyniki na konferencji GECCO 2021.
- Przeprowadzone badania wykazały, że zasadna może być hybrydyzacja wybranych technik LL w taki sposób, żeby wzajemnie kompensowały swoje wady. Wyniki tych prac planujemy opublikować na konferencji GECCO 2021. Prowadzimy rozmowy z prof. P.A.N. Bosmanem (CWI) dotyczące przeprowadzenia wspólnych badań w tym obszarze.
- Opracowujemy miary jakości dekompozycji dla problemów o przenikającej się strukturze. Celem jest lepsze zrozumienie jakie cechy musi mieć dekompozycja, żeby skutecznie rozwiązywać tego typu problemy.
- Opracowaliśmy nową technikę LL, która może być sklasyfikowana jako empiryczna. Publikację wyników planujemy na koniec 2021 roku.
- Pracujemy nad algorytmami automatycznego wykrywania cech rozwiązywanego problemu. Takie algorytmy mogą pozwolić na zaproponowanie hiper-technik LL, które będą dobierać technikę LL dopasowaną do wykrytych cech problemu. Badania są we wczesnym stadium, jednak uzyskane na tym polu wyniki są obiecujące.
- Próby bezpośredniego dostosowania 3LO do przestrzeni ciągłych nie powiodły się. W związku z powyższym opracowaliśmy technikę LL dedykowaną dla przestrzeni ciągłych opartą o intuicje i idee kluczowe dla 3LO. Ten obszar badań jest związany z tematem doktoratu Pana Marcina Komarnickiego, mojego doktoranta (jestem promotorem pomocniczym) i najbliższego współpracownika.

4.4 Pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze

Moje pozostałe najważniejsze osiągnięcia naukowe przedstawiam w poniższych punktach.

4.4.1 Udział w projektach badawczych

Projekty międzynarodowe
Udział w grancie w programie SAFIRE (jako pracownik *University of York*)
Sponsor: Unia Europejska
Tytuł grantu: „Cloud-based Situational Analysis for Factories providing Real-time Reconfiguration Services".
Rola: wykonawca (*research associate*)
Okres: 2016-2019
Budżet: 3 137 076,25 EUR

Projekty krajowe
1. Uzyskanie grantu w programie SONATA-10.
Sponsor: NCN
Tytuł grantu: „Opracowanie nowych strategii dynamicznego zarządzania liczbą koewoluujących podpopulacji dla metod ewolucyjnych korzystających z koewolucji".
Rola: kierownik
Okres: 2015-2020
Budżet: 144 000 PLN

2. Udział w grancie w programie OPUS 10
Sponsor: NCN
Tytuł grantu: „Zaawansowane metody optymalizacji sieci optycznych z elastycznością przestrzenną".
Rola: wykonawca
Okres: 2016-2019
Budżet: 409 320 PLN

3. Udział w grancie w programie OPUS 4
Sponsor: NCN
Tytuł grantu: „Algorytmy optymalizacji tras i widma optycznego w elastycznych sieciach optycznych zorientowanych na treść".
Rola: wykonawca
Okres: 2013-2016
Budżet: 499 200 PLN

4. Udział w grancie w programie Clarin
Sponsor: Unia Europejska
Rola: wykonawca
Okres: 2014-2015
Budżet: 16 495 280 PLN

5. *Udział w grancie sponsorowanym przez MNiSW* (przed uzyskaniem doktoratu)
Sponsor: *MNiSW*
Tytuł grantu: *„Algorytmy optymalizacji przepływów i przepustowości kanałów w rozległych sieciach komputerowych na potrzeby systemów przetwarzania rozproszonego”.*
Rola: *wykonawca*
Okres: *2008-2011*
Budżet: *396 000 PLN*

4.4.2 Współpraca zagraniczna

1. Grupa dra Leandro Indrusiaka (*University of York*)
Szczegóły mojej pracy na Uniwersytecie w Yorku są przedstawione w punkcie 5. Istotne jednak jest, że współpraca zainicjowana moim 3-miesięcznym pobytem na Uniwersytecie w Yorku jest kontynuowana. Obecnie przygotowujemy kolejną (jedna jest w procesie recenzji) wspólną publikację dotyczącą nowego sposobu zastosowania technik LL w optymalizacji wielokryterialnej. Nasza propozycja jest oparta na fundamentalnie innych ideach niż te użyte w pracy [LPB18] (więcej szczegółów dotyczących tej współpracy podaję w punkcie 5).

2. Współpraca z drem Rituparną Dattą (*University of South Alabama*)
Dr Rituparna Datta specjalizuje się między innymi w optymalizacji problemów z ograniczeniami i jest byłym doktorantem prof. Kalyanmoya Deba (ponad 140 tysięcy cytowań wg Google Scholar). Mieliśmy okazję poznać się na konferencji CEC w 2017 roku. Współpraca zaowocowała wspólną publikacją **[H3]**. Obecnie pracujemy wspólnie nad zagadnieniami związanymi z optymalizacją wielokryterialną.

4.4.3 Informacje naukometryczne

Cytowania wg GoogleScholar
(https://scholar.google.com/citations?user=dq_pnzwAAAAJ&hl=pl&oi=sra)
241 cytowań, H-index: 10, i10-index: 10
Bez autocytowań: 97, H-index: 4

Cytowania wg Scopus
(https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=8943670700)
190 cytowań, H-index 8
Bez autocytowań: 68, H-index: 4

Cytowanie wg ISI Web of Knowledge
135 cytowań, H-index 8
Bez autocytowań: 46, H-index: 4

Liczba prac dotyczących *linkage learning* wg Scopus (dane z dnia 2020.07.17)
16 prac (po zsumowaniu prac dla „Przewozniczek M.W.", „Przewozniczek M.", „Przewoźniczek M.W.", „Przewoźniczek M.") daje mi to 4 pozycję po P.A.N. Bosmanie, P. Christenie i D.E. Goldbergu.

Sumaryczny IF wszystkich moich prac to: **50.225 (15 prac)**
Sumaryczny IF wszystkich moich prac opublikowanych po doktoracie to: **44.525 (11 prac)**

Jestem recenzentem w następujących czasopismach:

- *Information Sciences* (**IF: 5.910, 41 recenzji**)
- *Engineering Applications of Artificial Intelligence* (**IF: 4.201, 11 recenzji**)
- *Expert Systems with Applications* (**IF: 5.452, 10 recenzji**)
- *IEEE Transactions On Industrial Informatics* (**IF: 9.112, 2 recenzje**)

Wykonałem też po jednej recenzji dla czasopism: *Applied Soft Computing* (**IF: 5.472**), *Journal of Network and Systems Management* (**IF: 2.250**), *Social Network Analysis and Mining* (**bez IF**), *oraz e-Informatica Software Engineering Journal* (**bez IF**)

Jestem promotorem pomocniczym pracy doktorskiej Pana Marcina Komarnickiego.

Ponadto, przewodniczyłem sesjom na następujących konferencjach:
IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC) 2017
8th International Joint Conference on Computational Intelligence (IJCCI) 2016
16th International Conference on Intelligent data engineering and automated learning (IDEAL) 2015
Third European Network Intelligence Conference (ENIC) 2016

4.4.4 Wyróżnienia i nagrody

Moja praca doktorska pt. „Nowy szablon z kodowanie nieporządnym, jako remedium na typowe wady algorytmu genetycznego” została nagrodzona wyróżnieniem.

W 2016 roku otrzymałem Nagrodę Rektora PWr.

Praca [H1] otrzymała nominację do nagrody dla najlepszej publikacji na konferencji IJCCI 2016

W 2020 roku otrzymałem nominację do Polska Nagroda Inteligentnego Rozwoju 2020 w kategorii „naukowiec przyszłości”.

4.4.5 Współpraca ze studentami

Jestem promotorem 8 obronionych prac magisterskich, oraz 27 obronionych prac inżynierskich. Wiele z tych prac (również inżynierskich) zakończyło się opublikowaniem wyników badań na konferencjach naukowych, w tym konferencjach wiodących w dziedzinie obliczeń ewolucyjnych takich jak GECCO [5,8] i PPSN [6] (praca przyjęta na konferencję PPSN 2020 jako *full-paper*; jest bezpośrednim efektem pracy inżynierskiej). Ponadto, na konferencję ECTA przyjęto pracę [18], która jest efektem jednej z prac magisterskich które prowadziłem.

Ponadto, w ramach popularyzacji nauki prowadzę nieoficjalne koło naukowe, w którym zapoznaję studentów z najnowszymi osiągnięciami w dziedzinie metod ewolucyjnych i zachęcam do samodzielnego prowadzenia badań w tym zakresie. Taka nieformalna forma współpracy daje w mojej ocenie doskonałe efekty i prowadzi do dobrej późniejszej współpracy z częścią studentów. Podnosi również jakość prac dyplomowych pisanych pod moim kierunkiem.

Na prowadzonym przeze mnie wykładzie dotyczącym podstaw programowania obiektowego w C++, od 3 lat, co roku przeprowadzam konkurs programowania w C++. Konkurs dotyczy samodzielnego napisania metody, której celem jest optymalizacja wybranego problemu obliczeniowego. Programy studentów konkurują ze względu na swoją skuteczność, jednak żeby mogły być dopuszczone do konkursu muszą spełniać określone wymagania dotyczące jakości kodu źródłowego.

4.4.6 Inne osiągnięcia dotyczące prowadzonych badań

Poza cyklem publikacji wskazanym w punktach 4.1, 4.2 i 4.3, który stanowi osiągnięcie naukowe zgodnie z art. 219 ust. 1. pkt 2b Ustawy, jestem współautorem szeregu innych publikacji. Dotyczą one badań związanych z różnymi aspektami obliczeń ewolucyjnych. Stanowią one moje pozostałe osiągnięcia naukowo-badawcze. W niniejszym podrozdziale odnoszę się wyłącznie do tych prac, które zgłaszam jako dorobek habilitacyjny. Niniejszy podrozdział nie odnosi się do prac [H1-H7].

- **Wpływ kodowania rozwiązań na skuteczność metod ewolucyjnych w zastosowaniach praktycznych.**

Sposób kodowania i dekodowania rozwiązania reprezentowanego przez pojedynczego osobnika w metodach ewolucyjnych może mieć istotny wpływ na ich skuteczność [1,3,15]. W pracach związanych z tą tematyką analizuję różne sposoby kodowania i ich wpływ na skuteczność metod ewolucyjnych stosowanych do optymalizacji problemów praktycznych. W pracy [3] wskazuję że tzw. efekt Baldwina może mieć istotny pozytywny wpływ na jakość uzyskiwanych wyników. Praca wskazuje jednak, że dla wraz ze wzrostem możliwych do zakodowania rozwiązań rośnie względna skuteczność metod stosujących prostsze kodowanie. Ogranicza ono możliwość zakodowania rozwiązań o wysokiej jakości za to prowadzi do szybkiej zbieżności, która może być kluczowa dla otrzymania wysokiej jakości wyników, kiedy liczba możliwych rozwiązań problemu jest szczególnie wysoka. Ten wątek jest kontynuowany w pracy [15], która wskazuje, że dla pewnych podklas rozważanych problemów praktycznych użycie uproszczonego kodowania może być konkurencyjne, a nawet prowadzić do wyższej skuteczności niż użycie wyrafinowanych technik.

Podsumowanie tego mini-cyklu publikacji może stanowić praca [1]. Zaproponowane tam podejście pokazuje, że w pojedynczej metodzie można połączyć stosowanie uproszczonego i precyzyjnego kodowania. Kodowanie uproszczone jest stosowane na początku działania metody, a kodowanie precyzyjne jest używane w drugiej części przebiegu metody po to, aby poprawić jakość już znalezionych rozwiązań. Zbliżona tematyka jest również poruszana w pracy [4].

- **Rozwój strategii dynamicznego zarządzania podpopulacjami.**

Dynamiczne zarządzanie liczbą podpopulacji może istotnie wpłynąć na jakość działania wielopopulacyjnej metody ewolucyjnej. Niniejsze prace stanowią uzupełnienie badań wskazanych w publikacjach [H1-H7].

W pracach [2,10] rozważano i proponowano różne strategie dynamicznego zarządzania podpopulacjami. Nowe strategie były proponowane dla trudnych, wielokryterialnych problemów praktycznych. Podobna tematyka została podjęta w pracy [7], gdzie rozważano różne strategie migracji w klasycznym modelu wyspowym

W pracach [16,17] zaproponowano zastosowanie metod dynamicznie zarządzających podpopulacjami do optymalizacji trudnych problemów praktycznych. Ponadto, w pracy [16] porównano jakość działania wybranej metody ewolucyjnej w zależności od strategii zarządzania podpopulacjami. Porównanie przeprowadzono na podstawie wybranego trudnego problemu praktycznego.

- **Wpływ kosztu oceny jakości przystosowania na koszt obliczeniowy metod ewolucyjnych.**

W pracy [4] poruszono (między innymi) kwestię kosztu obliczeniowego pojedynczego wyliczenia oceny jakości przystosowania pojedynczego osobnika. Analiza sporządzona na bazie trudnego problemu praktycznego wykazała, że koszt pojedynczego wyliczenia przystosowania może znacząco się różnić. Te wyniki stanowiły jedną z inspiracji do wskazania efektu nazwanego *Problem Encoding Allowing Cheap Fitness Computation of Mutated Individuals* (PEACh) [13]. Efekt PEACh polega na tym, że koszt obliczenia przystosowania pojedynczego osobnika po drobnej zmianie (np. mutacji) może być znacząco niższy niż koszt obliczenia przystosowania osobnika wygenerowanego losowo lub po modyfikacji znaczącej części jego genotypu. Praca [13] przedstawia propozycję formalnej definicji efektu PEACh, oraz badania sprawdzające w jakich metodach łatwiej jest wykorzystać efekt PEACh. Badania zostały przeprowadzone na problemach teoretycznych. W pracy [11], badania nad efektem PEACh i jego wpływem na działanie metod ewolucyjnych są kontynuowane na bazie trudnego problemu praktycznego.

Prace [4,11,13] wskazują, że w przypadku wystąpienia efektu PEACh (praca [4] nie używa tej nazwy, ponieważ została opublikowana przed [13]) liczba wyliczeń funkcji przystosowania (ang. *Fitness Function Evaluation Number*, dalej: FFE) nie jest wiarygodnym kryterium pomiaru ilości nakładu obliczeniowego zużytego przez metodę ewolucyjną, ponieważ koszt obliczeniowy pojedynczego wyliczenia przystosowania może znacząco się różnić. W takiej sytuacji FFE nie jest również wiarygodnym kryterium zatrzymania obliczeń dla metod ewolucyjnych. Należy zauważyć, że w literaturze dotyczącej obliczeń ewolucyjnych FFE jest powszechnie w tym celu używane.

Tematyka wiarygodności FFE w pomiarze nakładu obliczeniowego została również poruszona w pracy [12]. Tym razem jednak analizowane jest zjawisko buforowania wyliczeń przystosowania. Polega ono na zapamiętywaniu wartości przystosowania odpowiadającej danemu genotypowi. Metoda, która używa takiej techniki przed wyliczeniem przystosowania dla danego genotypu najpierw sprawdza, czy nie był on już wcześniej oceniany. Praca wyróżnia dwa rodzaje buforowania: całkowite (ang. *brutal fitness caching*) i populacyjne (ang. *population fitness caching*). W buforowaniu całkowitym zapamiętywane są wszystkie pary genotyp-wartość od początku przebiegu metody, natomiast w buforowaniu populacyjnym wykorzystywana jest populacja, jaka wystąpiła w poprzedniej iteracji metody. Wyniki badań zaprezentowane w [12] wskazują, że buforowanie przystosowania może znacząco wpłynąć na liczbę FFE zużywanych przez metodę. W niektórych przypadkach liczba FFE na iterację może spaść nawet do zera i utrzymywać się na tym poziomie przez wiele godzin.

Wnioski z pracy [12] wskazują, że buforowanie przystosowania jest prostą techniką, która może prowadzić do znaczącej redukcji FFE zużywanych przez metodę ewolucyjną. Jednak w przypadku użycia takich technik, FFE może nie być wiarygodną miarą dla kosztu obliczeniowego. Zatem, w takich sytuacjach FFE, nie powinna być używana jako kryterium zatrzymania obliczeń. Praca [12] jest jednym z efektów ubocznych pracy nad moim najważniejszym osiągnięciem naukowym opublikowanym w **[H6]**.

- **Propozycje nowych metod ewolucyjnych i ulepszonych wersji istniejących metod ewolucyjnych**

Istotnym wątkiem w moich badaniach jest rozwój metod ewolucyjnych na bazie zastosowań praktycznych, oraz problemów teoretycznych. W tym zakresie mieszczą się propozycje nowych metod ewolucyjnych, nowych operatorów poprawiających jakość działania metod ewolucyjnych, oraz analiza działania istniejących mechanizmów.

W pracy [5] został zaproponowany nowy operator *Comparative Mixing* (CM) dedykowany dla metody DSMGA-II. CM zastępuje dotychczas używany operator *Restricted Mixing* (RM). Celem wprowadzenia nowego operatora jest poprawa jakości działania metody DSMGA-II dla problemów o przenikającej się strukturze (ang. *overlapping problems*). Intuicje stojące za propozycją CM wynikają wprost z wniosków płynących z pracy **[H6]** dotyczących konieczności zapewnienia różnorodnej informacji o dekompozycji problemu.

Praca [6] przedstawia propozycję nowej metody dedykowanej do rozwiązywania problemów permutacyjnych (ang. *permutation-based problems*). Jest wynikiem analiz i obserwacji wynikających z pracy **[H6]** i wskazujących, że metoda P3 ze względu na swoją konstrukcję szczególnie dobrze radzi sobie z problemami o przenikającej się strukturze. Biorąc pod uwagę, że przenikająca się struktura problemu jest typowa dla wielu problemów praktycznych, motywacją pracy było zaproponowanie takiej wersji metody P3, która byłaby dedykowana do rozwiązywania problemów permutacyjnych. Zaproponowana metoda *Parameter-less Population Pyramid for Permutations* (P4) integruje w sobie mechanizmy P3, oraz wcześniejsze propozycje dotyczące technik LL przeznaczonych dla problemów permutacyjnych. Badania wykazały, że P4 jest wysoce konkurencyjna względem aktualnych metod ewolucyjnych przeznaczonych do rozwiązywania problemów permutacyjnych.

W [9] została zaproponowana metoda Population-sizing DSMGA-II (psDSMGAII). psDSMGA-II jest metodą bezparametrową w przeciwieństwie do oryginalnej propozycji DSMGA-II [HY15]. Jest to istotne ze względów praktycznych (brak konieczności dostrajania metody). Propozycja psDSMGA-II jest jednym z efektów, który jest powiązany z pracą **[H6]**.

W pracy [14] zaproponowano modyfikację metody P3, o nazwie Parameter-less Population Pyramid with Feedback (fP3). Propozycja fP3 posiada wyższą skuteczność niż P3 dla niektórych problemów obliczeniowych. Wadą fP3 jest fakt, że wymaga ona specyfikacji pojedynczego parametru co jest zmianą niekorzystaną względem P3, które jest bezparametrowe. Ta wada została usunięta przez propozycję metody Parameter-less Population Pyramid with Automatic Feedback (afP3) [8]. afP3 wykorzystuje idee fP3, jednak likwiduje konieczność podania dodatkowego parametru, który jest automatycznie dostrajany.

W pracy [18] zaproponowano metodę Multi-Swarm Particle Optimization with Crossing (MSPOCk). MSPOCk jest wielopopulacyjną metodą wykorzystującą zestaw rojów PSO do optymalizacji problemów binarnych. Dodatkowo MSPOCk używa prostych mechanizmów typu LL. W pracy [19] przedstawiono analizę możliwości użycia różnych mechanizmów krzyżowania na bazie trudnego problemu praktycznego. Analiza wskazuje na znaczący potencjał użycia mechanizmów LL w optymalizacji problemów praktycznych.

Prace w czasopismach z IF:
[1] M.W. Przewozniczek, R, Goścień, P. Lechowicz, K. Walkowiak, "Metaheuristic Algorithms with Solution Encoding Mixing for Effective Optimization of SDM Optical Networks" in *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, 2020 (in press).
(IF 4.201; Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **B;** szacowany udział: **40%; CI=0/0/0)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej modyfikacji metod ewolucyjnych, implementacji części metod konkurujących, przeprowadzeniu eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

[2] P. Dziurzanski, S. Zhao, M. W. Przewoźniczek, M. M. Komarnicki, L. S. Indrusiak. Scalable distributed evolutionary algorithm orchestration using Docker containers. *Journal of Computational Science*, Vol. 40, pp.1-14, 2020.
(IF 2.644; Punktacja MNiSW: **100pkt;** Ranking Core: **brak;** szacowany udział: **15%; CI=0/1/1)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie dedykowanej dla problemu koncepcji mechanizmu poprawiającego działanie metody ewolucyjnej, współredakcji pracy.

[3] M. W. Przewozniczek, K. Walkowiak, M. Aibin. The evolutionary cost of Baldwin effect in the routing and spectrum allocation problem in elastic optical networks. *Applied Soft Computing*, Vol. 52, pp.843-862, 2017.
(IF 3.907; Punktacja MNiSW: **200pkt;** Ranking Core: **C;** szacowany udział: **60%; CI=3/3/3)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej metody, implementacji części metod konkurujących, przeprowadzeniu eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

[4] M. Przewozniczek, R. Goscien, K. Walkowiak, M. Klinkowski. Towards Solving Practical Problems of Large Solution Space Using a Novel Pattern Searching Hybrid Evolutionary Algorithm - An Elastic Optical Network Optimization Case Study. *Expert Systems with Applications*, Vol. 42, pp. 7781-7796, 2015.
(IF 2.240; Punktacja MNiSW: **35pkt;** Ranking Core: **B;** szacowany udział: **40%; CI=5/6/8)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej metody, implementacji części metod konkurujących, przeprowadzeniu części eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

Prace konferencyjne:
[5] M. M. Komarnicki, M. W. Przewozniczek, T. Durda, ”Comparative Mixing for DSMGA-II,” in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, GECCO '2020, ACM, pp. 708–716, 2020.
(Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **A;** szacowany udział: **30%; CI=0/0/0)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, współautorstwie koncepcji modyfikacji metody DSMGA-II, współredakcji pracy.

[6] S. Wozniak, M. W. Przewozniczek, M. M. Komarnicki, “Parameter-less population pyramid for permutation-based problems,” in *Proceedings of the 20th International Conference Parallel Problem Solving from Nature - PPSN XX*, 2020. (in press)
(Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **A;** szacowany udział: **35%; CI=0/0/0)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, współpracy przy opracowaniu proponowanej metody, wykonaniu części implementacji, przeprowadzeniu części eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

[7] S. Zhao, H. Mei, P. Dziurzanski, M. W. Przewozniczek, L.S. Indrusiak, “Cloud-Based Integrated Process Planning and Scheduling Optimisation via Asynchronous Islands,” in: Djemame K., Altmann J., Bañares J., Agmon Ben-Yehuda O., Naldi M. (eds) *Economics of Grids, Clouds, Systems, and Services*. GECON 2019. *Lecture Notes in Computer Science*, Vol. 11819. Springer, Cham, pp. 247-259, 2019.
(Punktacja MNiSW: **20pkt;** Ranking Core: **brak;** szacowany udział: **10%; CI=-/0/1)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie dedykowanej dla problemu koncepcji mechanizmu poprawiającego działanie metody ewolucyjnej, współredakcji pracy.

[8] A.M. Zieliński, M. M. Komarnicki and M. W. Przewozniczek, “Parameter-less population pyramid with automatic feedback,” in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion*, (GECCO 19), pp. 312-313, 2019.
(Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **A;** szacowany udział: **20%; CI=-/0/0)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji rozwoju metody ewolucyjnej, współpracy nad redakcją prac.

[9] M. M. Komarnicki, M. W. Przewozniczek, ”Parameter-less, population-sizing DSMGA-II,” in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion*, (GECCO 19), pp. 289-290, 2019.
(Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **A;** szacowany udział: **50%; CI=-/0/0)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu proponowanej metody, przeprowadzeniu części eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy

[10] S. Zhao P. Dziurzanski, M. W. Przewozniczek, M. Komarnicki, L.S. Indrusiak “Cloud-based Dynamic Distributed Optimisation of Integrated Process Planning and Scheduling in Smart Factories,” in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, (GECCO 19), pp. 1381-1389, 2019.
(Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **A;** szacowany udział: **15%; CI=0/2/5)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie dedykowanej dla problemu koncepcji mechanizmu poprawiającego działanie metody ewolucyjnej, współredakcji pracy.

[11] M. W. Przewozniczek, M. M. Komarnicki, “The practical use of problem encoding allowing cheap fitness computation of mutated individuals,” in *Proceedings of the 2018 Federated Conference on Computer Science and Information Systems*, (FedCSIS 2019), pp. 57-65, 2018.
(Punktacja MNiSW: **15pkt;** Ranking Core: **brak;** szacowany udział: **80%; CI=-/2/0)**
Mój udział własny polegał na: współpracy przy opracowaniu i implementacji metody ewolucyjnej, przeprowadzeniu badań, opracowaniu oryginalnej wersji pracy, współredakcji pracy.

[12] M. W. Przewozniczek, M. M. Komarnicki, “The influence of fitness caching on modern evolutionary methods and fair computation load measurement,” in Proceedings *of the Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion*, (GECCO 18), pp. 241-242, 2018.
(Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **A;** szacowany udział: **60%; CI=-/0/0)**
Udział własny Michała Przewoźniczka 60% polegał na: współpracy przy opracowaniu i implementacji metody ewolucyjnej, przeprowadzeniu badań, opracowaniu oryginalnej wersji pracy, współredakcji pracy.

[13] M. Przewozniczek “Problem encoding allowing cheap fitness computation of mutated individuals,” in *Proceedings of the IEEE Congress on Evolutionary Computation* (CEC), pp.308-316, 2017.
(Punktacja MNiSW: **70pkt;** Ranking Core: **B;** szacowany udział: **100%; CI=0/0/0)**

[14] M. M. Komarnicki M. W. Przewozniczek, ”Parameter-less population pyramid with feedback,” in *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion*, (GECCO 17), pp. 109–110, 2017.
(Punktacja MNiSW: **140pkt;** Ranking Core: **A;** szacowany udział: **40%; CI=-/0/1)**
Mój udział własny polegał na: współpracy przy opracowaniu i implementacji metody ewolucyjnej, przeprowadzeniu badań, opracowaniu oryginalnej wersji pracy, współredakcji pracy.

[15] M. W. Przewozniczek, K. Walkowiak, M. Aibin, “The Effectiveness of the Simplicity in Evolutionary Computation,” in *Intelligent Information and Database Systems: 9th Asian Conference*, ACIIDS 2017, pp. 392–402, 2017.
(Punktacja MNiSW: **20pkt;** Ranking Core: **brak;** szacowany udział: **65%; CI=0/0/1)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej metody, implementacji części metod konkurujących, przeprowadzeniu eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

[16] M. Przewozniczek, “Dynamic Subpopulation Number Control for Solving Routing and Spectrum Allocation Problems in Elastic Optical Networks,” in *Proceedings of the Third European Network Intelligence Conference*, ENIC, pp.257-264, 2016.
(Punktacja MNiSW: **15pkt;** Ranking Core: **brak;** szacowany udział: **100%; CI=0/2/2)**

[17] M. Przewozniczek, “Multi population pattern searching algorithm for solving routing spectrum allocation with joint unicast and anycast problem in elastic optical networks,” in *Proceedings of the 16th International Conference on Intelligent data engineering and automated learning - IDEAL 2015*, Vol. 42, No. 21, pp.328-339, 2015.
(Punktacja MNiSW: **15pkt;** Ranking Core: **C;** szacowany udział: **100%; CI=0/1/1)**

[18] B. Fidrysiak, M. W. Przewozniczek, "Towards finding an effective way of discrete problems solving: the particle swarm optimization, genetic algorithm and linkage learning techniques hybrydization," in *Proceedings of the 7th International Joint Conference on Computational Intelligence*, IJCCI 2015, vol. 1, pp. 228-236, 2015.
(Punktacja MNiSW: **5pkt;** Ranking Core: **brak;** szacowany udział: **50%; CI=-/1/2)**
Mój udział własny polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, nadzorze edytorskim, redakcji pracy, współudziale w opracowaniu i analizie wyników

[19] M. Przewozniczek "Towards finding an effective uniform and single point crossover balance for optimization of Elastic Optical Networks," in *Proceedings of The Second European Network Intelligence Conference*, ENIC 2015, pp.40-46, 2015.
(Punktacja MNiSW: **15pkt;** Ranking Core: **brak;** szacowany udział: **50%; CI=-/0/1)**

4.4.7 Pozostałe prace niewykazane w dorobku habilitacyjnym (punkty 4.2 i 4.4.6), w tym opublikowane przed uzyskaniem doktoratu

W niniejszym punkcie wskazuję na mój pozostały dorobek, którego nie zgłaszam jako dorobku habilitacyjnego. W większości prace te zostały przeze mnie napisane przed uzyskaniem doktoratu w styczniu 2013 roku. Jednak niektóre z tych prac, choć napisane i opublikowane po doktoracie są bezpośrednio z nim związane, lub wynikają bezpośrednio z jego treści [20,21]. W związku ze znaczącymi zmianami dotyczącymi punktacji MNiSW ta punktacja jest przeze mnie w tym punkcie pomijana. Pozostały dorobek składa się z 8 prac, w tym z 6 prac opublikowanych w czasopismach z IF (podaję IF aktualny w momencie publikacji).

Prace w czasopismach z IF:
[20] M. Przewozniczek "Active Multi Population Pattern Searching Algorithm for Flow Optimization in Computer Networks – the novel coevolution schema combined with linkage learning," *Information Sciences*, Vol. 255-256, pp. 15-36, 2016.
(IF 4.038; Ranking Core: **B;** szacowany udział: **100%; CI=3/5/6)**

[21] K. Walkowiak, M. Przewozniczek, K. Pająk, "Heuristic Algorithms for Survivable P2P Multicasting," *Applied Artificial Intelligence*, Vol. 27, pp. 278-303, 2013.
(IF 0.402; Ranking Core: **B;** szacowany udział: **40%; CI=1/1/1)**
Mój udział polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej metody, implementacji części metod konkurujących, przeprowadzeniu części eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

[22] H. Kwasnicka, M. Przewozniczek, "Multi Population Pattern Searching Algorithm: a new evolutionary method based on the idea of messy Genetic Algorithm," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 15, pp. 715-734, 2011.
(IF 3.341; Ranking Core: **A*;** szacowany udział: **60%; CI=8/8/10)**
Mój udział polegał na: współautorstwie koncepcji artykułu, opracowaniu i implementacji proponowanej metody, implementacji metod konkurujących, przeprowadzeniu eksperymentów obliczeniowych, opracowaniu i analizie wyników, współredakcji pracy.

[23] M. Przewozniczek, K. Walkowiak, M. Woźniak "Optimizing distributed computing systems for k-nearest neighbors classifiers - evolutionary approach," *Logic Journal of the IGPL*, Vol. 19, No.2, pp. 357-372, 2011.
(IF 0.913; Ranking Core: **Brak;** szacowany udział: **40%; CI=11/14/18)**
Mój udział polegał na: samodzielnym opracowaniu algorytmu ewolucyjnego GRETTMA dla problemu optymalizacji systemu przetwarzana rozproszonego dla klasyfikatorów k najbliższych sąsiadów/ samodzielne zakodowanie algorytmu, samodzielne przeprowadzenie badań eksperymentalnych dla tego algorytmu, sformułowanie wniosków z przeprowadzonych badań.

[24] K. Walkowiak, M. Przewozniczek, "Modeling and optimization of survivable P2P multicasting," *Computer Communictations*, Vol. 34, No.8, pp. 921-1042, **2011**.
(IF 1.044; Ranking Core: **Brak;** szacowany udział: **25%; CI=9/12/19)**
Mój udział własny polegał na: samodzielnym opracowaniu algorytmu ewolucyjnego SUTEC dla problemu wyznaczania przepływów P2P multicast w przeżywalnych sieciach komputerowych, samodzielnym zakodowanie algorytmu, samodzielnym przeprowadzeniu badań eksperymentalnych dla tego algorytmu, sformułowaniu wniosków z przeprowadzonych badań.

[25] M. Przewozniczek, K. Walkowiak, "Evolutionary Algorithm for Congestion Problem in Connection-Oriented Networks," *Lecture Notes in Computer Science*, Vol. 3483, pp. 802-811, 2005.
(IF 0.402; Ranking Core: **Brak;** szacowany udział: **50%; CI=3/4/3)**
Mój udział własny polegał na: zaprojektowaniu metody rozwiązującej problem optymalizacyjny, implementacji zaproponowanej metody i metod konkurencyjnych, przeprowadzeniu badań, pracy edytorskiej, sformułowaniu wniosków z badań.

Prace konferencyjne i prace w czasopismach bez IF:

[26] M. Przewoźniczek, K. Walkowiak, "Quasi-hierarchical Evolutionary Algorithm for Flow Optimization Survivable MPLS Networks," in *Proceedings of the 7th International Conference on Computational Science and Its Applications*, ICCSA 2007, Lecture Notes in Computer Science, Vol. 4707, Springer Verlag, 2007, s. 330-342, 2007.
(IF brak; Ranking Core: **Brak;** szacowany udział: **50%; CI=1/1/2)**
Mój udział własny polegał na: opracowaniu ewolucyjnej metody optymalizacji, implementacji, samodzielnym przeprowadzeniu eksperymentów, sformułowaniu wniosków z przeprowadzonych badań.

[27] M. Przewoźniczek, K. Walkowiak, "Quasi-hierarchical Evolution Algorithm for Flow Assignment in Survivable Connection-Oriented Networks," *International Journal of Applied Mathematics and Computer Science*, Vol. 16, No. 4, pp. 101-116, 2006.
(IF brak; Ranking Core: **Brak;** szacowany udział: **50%; CI=-/4/8)**
Mój udział własny polegał na: opracowaniu ewolucyjnej metody optymalizacli, implementacji, samodzielnemu przeprowadzenieu eksperymentów, sformułowaniu wniosków z przeprowadzonych badań.

5. Informacja o wykazywaniu się istotną aktywnością naukową albo artystyczną realizowaną w więcej niż jednej uczelni, instytucji naukowej lub instytucji kultury, w szczególności zagranicznej.

W roku 2018 na konferencji GECCO zaproponowano mi pracę na Uniwersytecie w Yorku. Wstępna propozycja dotyczyła rocznego okresu współpracy, jednak ze względu na inne moje zobowiązania zawodowe, ostatecznie mój pobyt w Anglii trwał 3 miesiące w pierwszej części 2019 roku. Zostałem zatrudniony w ramach projektu SAFIRE (szczegółowa informacja w punkcie 4.4.1). Pracowałem w zespole zajmującym się optymalizacją trudnych problemów praktycznych występujących w brytyjskim przemyśle. Moim głównym zadaniem było opracowanie metody dedykowanej do wielokryterialnej optymalizacji produkcji farby. Ponadto, konsultowałem pozostałe rozwiązania zespołu dotyczące obliczeń ewolucyjnych i wskazywałem jak należy je zmodyfikować w celu uzyskania lepszych jakościowo wyników. Zawiązana współpraca jest cały czas kontynuowana. Wymiernymi jej efektami są publikacje [2,7,10]. Ponadto, głównym efektem mojego zatrudnienia na Uniwersytecie w Yorku jest praca zgłoszona do czasopisma *Swarm And Evolutionary Computation* (IF: 6.912). Praca znajduje się w procesie recenzji, złożono jedną rewizję pracy. W dniu 2020.07.16 otrzymałem informację o wynikach recenzji poprawionej wersji pracy. Obecnie publikacja posiada status *minor revision* (dwóch recenzentów zaakceptowało pracę, jeden zgłosił uwagi dotyczące treści niektórych opisów), co pozwala optymistycznie podchodzić do szansy na jej ostateczną publikację. Dane pracy zamieszczam poniżej. Równolegle prowadzimy prace nad zaproponowaniem nowej metody wykorzystującej techniki LL w rozwiązywaniu problemów wielokryterialnych.

M. W. Przewozniczek, P. Dziurzanski, S. Zhao, L. S. Indrusiak, "Multi-Objective Parameter-less Population Pyramid for Solving Industrial Process Planning Problems," *Swarm and Evolutionary Computation* **(under review)**.

6. Informacja o osiągnięciach dydaktycznych, organizacyjnych oraz popularyzujących naukę lub sztukę.

- W 2018 roku zająłem 2 miejsce w konkursie na najlepszego prowadzącego na kierunku Informatyka na Wydziale Informatyki i Zarządzania. Warto zauważyć, że nagrodę otrzymałem pomimo tego, że przez lata, co roku, na prowadzonym przeze mnie wykładzie z programowania obiektowego wystawiam pomiędzy 30% a 40% ocen niedostatecznych (wykład dla drugiego roku studiów dziennych na kierunku Informatyka).

- Od 2017 roku, wspólnie z Marcinem Komarnickim prowadzę nieoficjalne koło zainteresowań, gdzie prezentuję studentom aktualną wiedzę z zakresu metod ewolucyjnych. Efektem działań tego koła jest znaczące podniesienie jakości prac dyplomowych pisanych pod moim kierunkiem i kierunkiem innych prowadzących, oraz popularyzacja dziedziny, jaką są obliczenia ewolucyjne.

- W ramach popularyzacji nauki, w 2018 roku, na prośbę Samorządu Studenckiego, przygotowałem wykład wprowadzający studentów w tematykę Obliczeń Ewolucyjnych pod tytułem „Obliczenia Ewolucyjne, czyli jak zaprojektować kombajn nie mając pojęcia o koszeniu zboża". Wykład spotkał się z bardzo dobrym przyjęciem i był wielokrotnie przeze mnie wykorzystywany przy różnych okazjach.

- Co roku na prowadzonym przeze mnie wykładzie z „Technik Efektywnego Programowania" (wcześniej „Zaawansowane Metody Programowania Obiektowego") przeprowadzam konkurs programowania dla studentów. Zwykle bierze w nim udział około 20 osób.

- Opracowałem nowy przedmiot: „Techniki Efektywnego Programowania". Przedmiot jest następcą przedmiotu „Zaawansowane Metody Programowania Obiektowego" i ma ten sam zakres tematyczny, jego formuła jest jednak zupełnie inna ponieważ, ma jedynie pół semestru wykładu (wcześniej cały semestr), oraz pełny semestr laboratorium (wcześniej pół semestru). Z tego powodu musiałem na nowo opracować koncepcję nauczania i materiały (główny ciężar nauczania, wcześniej był na wykładzie uzupełnianym przez laboratorium, teraz jest odwrotnie). Wśród opracowanych przeze mnie materiałów są m.in.:
    - Instrukcje do laboratoriów z pełnym wstępem teoretycznym i przykładami
    - Przewodniki dla prowadzących z instrukcjami jak prowadzić kolejne laboratoria na co zwracać uwagę, jak oceniać itp.
    - Nowe wykłady razem z animacjami pokazującymi poszczególne stany wykonywanego kodu
    - Szczegółowy cennik ocen (ważny materiał dla studentów, pokazuje jak „nie pisać" programu)

- Poprowadziłem prace zespołu przygotowującego program studiów dla nowego kierunku Sztuczna Inteligencja. Program jest gotowy od strony merytorycznej i formalnej. Obecnie

trwają prace polegające na przepisaniu treści dokumentów do nowego formatu obowiązującego na PWr od lutego tego 2020.

7. Oprócz kwestii wymienionych w pkt. 1-6, wnioskodawca może podać inne informacje, ważne z jego punktu widzenia, dotyczące jego kariery zawodowej.

Od 2004 roku jest wspólnikiem w niewielkiej firmie programistycznej. Zatrudniamy dziewięć osób, w tym pięcioro programistów. Firma zajmuje się m.in. wdrażaniem rozwiązań opartych o najnowsze zdobycze nauki. Posiadamy wdrożenia w dużych fabrykach systemu klasy MES+APS+CMMS (nasze systemy m.in. monitoring produkcji, planowanie produkcji razem z automatami do jej harmonogramowania, obsługę działów Utrzymania Ruchu, Kontroli Jakości i innych). Wykonaliśmy również wdrożenia prototypowych urządzeń do kontroli jakości opartych o autorskie, dedykowane dla naszych Klientów algorytmy. Wśród naszych Klientów są takie firmy jak np. BASF, czy grupa FCA (dawniej FIAT).

……..……..……

(podpis wnioskodawcy)