AGH University of Science and Technology
Faculty of Computer Science, Electronics
and Telecommunication
Mickiewicza 30, 30-059 Kraków, POLAND; tel. (+4812) 3283313, fax (+4812) 6339406

Robert Schaefer, Professor, PhD
Institute of Computer Science
Home: Batorego 5/4, 31-135 Kraków, POLAND
tel. (+4812)4234340, e-mail schaefer@agh.edu.pl

Kraków 2021-03-11

Recenzja w przewodzie habilitacyjnym dr inż. Michała Przewoźniczka

Niniejsza recenzja została wykonana w związku z pismem Przewodniczącego Dyscypliny Informatyki Technicznej i Telekomunikacja Politechniki Wrocławskiej prof. dr hab. inż. Michała Woźniaka z 28 stycznia 2021, na podstawie uchwały Rady Dyscypliny Informatyki Technicznej i Telekomunikacji Politechniki Wrocławskiej nr 6/01/RDN03/2021-2024 z dnia 27 stycznia 2021.

1. Krótka charakterystyka kandydata

Opiniowany ukończył w czerwcu 2003 roku studia informatyczne o specjalności „Systemy i Sieci Komputerowe" na Wydziale Informatyki i Zarządzania Politechniki Wrocławskiej. W styczniu 2013 uzyskał stopień doktora nauk technicznych specjalności informatyka na Wydziale Informatyki i Zarządzania Politechniki Wrocławskiej. Podstawą przewodu doktorskiego była rozprawa „Nowy szablon z kodowaniem nieporządnym jako remedium na typowe wady algorytmu genetycznego" zrealizowana pod kierunkiem prof. dr hab. inż. Haliny Kwaśnickiej. Rozprawa uzyskała wyróżnienie.

Od roku 2012 do chwili obecnej jest zatrudniony na Wydziale Informatyki i Zarządzania Politechniki Wrocławskiej początkowo na etacie asystenta a od 2015 roku na etacie adiunkta w Katedrze Inteligencji Obliczeniowej.

W roku 2019 pracował przez okres 4 miesięcy na Uniwersty of York jako członek zespołu badawczego w Computer Science Department finansowanego z projektu SAFIRE Unii Europejskiej.

WPŁYNĘŁO
11-03-2021
RDN IT.T/59/2021

2. Ocena osiągnięć naukowych wchodzących w skład rozprawy habilitacyjnej

2.1. *Charakterystyka kierunku badań*

Dr inż. Michał Przewoźniczek przedstawił rozprawę habilitacyjną zatytułowaną „Opracowanie nowych technik wielopopulacyjnych i technik wykrywania zależności pomiędzy genami w celu podniesienia skuteczności metod ewolucyjnych" na którą składa się 7 ściśle powiązanych tematycznie publikacji. Wyniki opiniowanego dotyczą rozwiązań uzyskiwanych przy pomocy stochastycznych, populacyjnych algorytmów przeszukiwania dużych zbiorów danych, nazywanych często ewolucyjnymi.

Dokładniej, rozważania i wyniki algorytmiczne dotyczą trudnych problemów optymalizacji dyskretnej, które można sformułować jako

$$\arg\max \{f(x)\}, x \in U,$$

gdzie $x = (x_1, \dots, x_n) \in U = U_1 \times, \dots, \times U_n$ będzie genotypem, którego każda ze współrzędnych (genów) x_i może przebiegać pewien skończony zbiór wartości U_i oraz $f: U \to \mathbb{R}$ jest funkcją przystosowania (fitness).

Dwie podstawowe trudności tych problemów polegają na:

(a) dużym rozmiarze (liczności) zbioru dopuszczalnego (uniwersum genetycznego U),

(b) dużej długości genotypu n.

Jednym ze sposobów pokonania trudności (a) i (b) jest próba dekompozycji dziedziny U tak, aby można było stochastyczne operacje mixingu (krzyżowanie, mutacja, etc.) wykonywać częściowo niezależnie w uzyskanych poddziedzinach.

Opiniowany oparł swoje rozwiązania na koncepcji bloków budujących pochodzącej od Goldberga, postulującej grupowanie genów w podciągi zwane blokami budującymi, odpowiadające za niezależne lub „prawie" niezależne cechy rozwiązania. Skuteczne dokonanie takiego grupowania umożliwia stosowanie różnego rodzaju algorytmów bazujących na takiej dekompozycji.

W większości trudnych zadań optymalizacji bloki budujące nie są znane, nie jest również znana ich topologia (wzajemne przecięcia, odległości, etc.). Zespół metod sztucznej inteligencji prowadzących do rozpoznania bloków budujących stosowany przez opiniowanego nosi nazwę „uczenia się połączeń" (Linkage Learning, LL). W efekcie działania tych metod geny posiadające „silne" połączenia możemy przypisywać do jednego bloku budującego.

W najkorzystniejszym przypadku zespół bloków budujących stanowi rozłączne pokrycie genotypu, w przypadkach mniej korzystnych warunek rozłączności nie jest spełniony, a geny przypisane do więcej niż jednego bloku obniżają efektywność tak uzyskanej dekompozycji (overlaping problem).

Kryteria stosowane w dekompozycji mogą mieć różny charakter. Często stosowanym, najbardziej chyba naturalnym jest kryterium wpływu zespołu genów na wartość fitness. Kluczowe pytaniem, na które takie kryterium musi udzielić odpowiedzi jest, czy dwa dane rozłączne podzbiory genów są powiązane, czy nie.

Literatura przedmiotu nie dostarcza niestety w tym zakresie jednoznacznej, precyzyjnej odpowiedzi. Ważnym wynikiem opiniowanego, o którym należy wspomnieć na początku jest formalizacja koncepcji zależności i niezależności genów poprzez fitness (praca H6, strona 6):

Niech dalej $B = \{b_1, \dots, b_r\}, C = \{c_1, \dots, c_s\}$ będzie pewną rozłączną dekompozycją (pokryciem) zbioru wskaźników współrzędnych x, to znaczy $r + s = n$, $B \cup C = \{1, \dots, n\}$, $b_i \neq c_j \; \forall i, j = 1, \dots, n$. Oznaczmy odpowiednio wektory o współrzędnych wybranych poprzez dekompozycję, tzn.

$$x_B = (x_{b_1}, \dots, x_{b_r}), \; x_C = (x_{c_1}, \dots, x_{c_s}).$$

Niech obecnie $x, y \in U$ będą dwoma dowolnymi genotypami (wektorami złożonymi z n genów), oraz x_B, x_C, y_B, y_C ich podwektorami związanymi z dekompozycją B, C wskaźników.

Mówimy, że zbiory wskaźników B, C są *niezależne względem przystosowania* f, jeżeli

$$\forall\, x, y \in U \;\; f(x) < f(y_B \vee x_C) \Leftrightarrow f(x_B \vee y_C) < f(y),$$

oraz

$$\forall\, x, y \in U \;\; f(x) = f(y_B \vee x_C) \Leftrightarrow f(x_B \vee y_C) = f(y).$$

Wyrażenie $y_B \vee x_C \in U$ oznacza *rekompozycję* genotypu z części uzyskanych z genotypów $x, y \in U$.

Powyższa definicja oznacza, że dla genów (współrzędnych) wskazanych przez zbiór B wynik maksymalizacji przystosowania f zależy wyłącznie od zmiennych (genów) o wskaźnikach należących do B.

Zbiory wskaźników parami niezależnych tworzą bloki budujące dla rozważanych problemów optymalizacji $\arg\max \{f(x)\}, x \in U$.

Tak przyjęta definicja jest „skuteczna", tj. pozwala w szczególności na skonstruowanie algorytmu prowadzącego do „minimalnej" rozłącznej dekompozycji dla problemów addytywnie separowalnych tj. takich, dla których fitness jest sumą funkcji zależnych od rozłącznych podgrup genów.

W pracach H1 – H7 należących do rozprawy opiniowany formułuje i weryfikuje, głównie eksperymentalnie, szereg nowych algorytmów znajdujących dekompozycję genotypu dla dużej ilości trudnych zadań optymalizacji dyskretnej. Stosuje on w swoich rozwiązaniach stochastyczne algorytmy wielopopulacyjne z dynamicznie zmienną ilością pod-populacji. Główną motywacją tej metodyki jest łatwość utrzymania zdolności poszukiwania globalnego kojarzoną czasem wyłącznie z tzw. „różnorodnością genotypów" oraz zmniejszenie całkowitego kosztu obliczeniowego wynikające z dodatniej synergii współbieżnych wątków realizujących LL. Architektura powiązań pod-populacji jest „płaska", zbliżona do stosowanej w przypadku klasycznego modelu wyspowego (Island Model, IM).

2.2. *Ocena zawartości publikacji wchodzących w skład rozprawy*

W pracy **H1** autor opisuje nowy algorytm **Gene Pattern Based Island Model (GePIM)**, którego celem było znalezienie optymalnej dekompozycji genów. Punktem wyjścia był algorytm **Multi Population Pattern Searching MuPPetS**, opublikowany we wcześniejszej pracy [22]. Algorytm operuje płaską strukturą wielu pod-populacji podobną jak w modelu wyspowym IM. W odróżnieniu od klasycznego IM, w trakcie migracji wymieniane są tylko pewne grupy genów (kandydaci na bloki budujące). Ten nowy typ migracji jest określany jako **Linked Gene Group Migration (LGGM)**. Zastosowano kodowanie położenia genów charakterystyczne dla algorytmu Messy GA Goldberga. Użyta metoda LL wykorzystywała kryterium zależności genów prze fitness. Algorytmy porównano na szeregu trudnych problemów benchmarkowych. Wyniki pokazują wyższość nowej propozycji algorytmicznej opiniowanego w porównaniu z klasycznym GA i IM.

Praca **H2** porównuje dwa algorytmy: IM oraz IM ze specjalnym sposobem inicjalizacji pod-populacji, które wykorzystano do rozwiązania problemu **Linkage Learning-Driven Subpopulation Inicialization (LLDSI)**. Inicjalizacja dobrej populacji jest na tyle istotna, że konsumuje ok 70% całego czasu obliczeniowego. Proponowana metoda LLDSI ma zmniejszyć ten czas. Osobniki nowej populacji są wybranymi, najlepszymi z populacji już istniejących. Celem LLDSI jest w szczególności rozbicie bloków zamarkowanych przez tak wybrane osobniki, co umieszcza nową pod-populację w jeszcze nie przeszukanym rejonie zbioru dopuszczalnego.

W pracy wykorzystano benchmarkowy problem przypisania przepływów w sieci komputerowej (flow assignement in computer network), będący pewną odmianą problemu routowania, w którym sieć komputerowa jest reprezentowana przez graf skierowany (połączenia są jednokierunkowe), każda jego gałąź posiada określoną maksymalną przepustowość.

Do eksperymentów porównawczych przyjmuje się trzy metody: HEFAN 2.2, IM z dynamicznym sterowaniem ilością pod-populacji oraz MuPPetS-Fun.

Praca pokazuje, że nowe zaproponowane algorytmy Dynamic IM i MuPPetS pozwalają na ograniczenie efektu Long-Way-To-Stuck w rozważanym przykładzie.

Praca **H3** nawiązuje do problemu przepływów w sieciach komputerowych opisanym w pracy H2. Problem jest sformułowany tym razem jako dwukryterialny, drugim kryterium jest funkcja kary za niespełnienie ograniczeń, co daje poważną poprawę wyników. Stosowana jest architektura wielopopulacyjna dla okresowego zwiększania różnorodności osobników. Ten sposób nazwano **Ranking based Fitness and Penalty Weighting (RFPW)**. Problem dwukryterialny rozwiązywano przy użyciu specjalnie opracowanej skalaryzacji.

W pracy **H4** zastosowano algorytm MuPPetS z dynamicznym sterowaniem pod-populacjami. Reguła sterująca zarządzania ilością pod-populacji powoduje jej zwiększanie w przypadku utknięcia w minimum lokalnym a zmniejszania, gdy obserwujemy poprawę najlepszego rozwiązania. Nowa strategia została nazwana **Store and Use Later (SUL)**. Usuwane pod-populacje są archiwizowane. Jeżeli nowa pod-populacja jest dodawana, to jedna pod-populacja jest wybierana z bufora (jeżeli tam istnieje) i dodawana do populacji przetwarzanych. Nowa strategia była testowana na dwóch praktycznych przykładach zadań dyskretnych.

W pracy **H5** prezentowane są rozwiązania problemu k-Shortest Steiner Trees kSST. Rozwiązywany problem został stosunkowo niedawno zdefiniowany i nie dysponujemy jeszcze dużą ilością algorytmów dla jego rozwiązania. Elementami zbioru rozwiązań dopuszczalnych są drzewa. Opiniowany proponuje transformację natywnego, statycznego problemu do problemu dynamicznego, która pozwala zredukować liczność zbioru dopuszczalnego. Umożliwiło to porównanie znanych metod ewolucyjnych bazujących na LL i DSM takich jak MuPPetS, LTGA, DSMGA-II i P3 do rozwiązania kSST z których najskuteczniejszą okazała się metoda P3.
Rozwiązania rozważanego problemu znajduje zastosowanie w optymalizacji sieci komputerowych. Badania eksperymentalne przeprowadzono dla dwóch topologii sieci komputerowej oraz multicast routingu.

Praca **H6** w duży stopniu podsumowuje doświadczenia opiniowanego dotyczące LL. Omawia i porównuje różne metody, w szczególności Dependency Structure Matrix (DSM) w połączeniu z różnymi technikami klastrowania dla uzyskania bloków genów powiązanych oraz metodą opartą na poszukiwaniach lokalnych 3LO (dla kodowania binarnego) polegającej na operacji binarnych perturbujący okolice jednego genu. Wielką zaletą pracy jest dość wysoki poziom abstrakcji opisu i taksonomii problematyki, w szczególności problemu LL, oraz błędów, niepełnej klasyfikacji bloków budujących oraz fałszywej klasyfikacji. Praca zawiera opisaną w poprzedniej sekcji formalizację koncepcji zależności genów poprzez fitness.

Krótka, ale ważna praca konferencyjna **H7** mówi o możliwości oceny dekompozycji do problemów częściowo separowalnych liniowo. Zaproponowano w niej miary jakościowe dekompozycji dla takich problemów. Wykazano również, że dla niektórych problemów częściowo addytywnie separowalnych techniki LL wykorzystujące DSM osiągają dekompozycje wysokiej jakości.

2.3. *Podsumowanie oceny wyników rozprawy*

Zasadniczy cel zamierzonych badań polegający na zbadaniu różnych technik LL oraz ich synergii ze sterowaną strukturą wielopopulacyjną próby losowej został osiągnięty. Wykazano w szczególności, że wykorzystanie dodatniej synergii w tym zakresie przynosi znaczne korzyści w rozwiązywaniu docelowego problemu optymalizacji.

Za najważniejsze wyniki uznać można:

(a) Opracowano i zbadano nowy algorytm 3LO który nigdy nie wykazuje fałszywych powiązań pomiędzy genami. Wykazano również wysoką wydajność technik LL bazujących ma macierzy DSM.

(b) Zdefiniowano i zidentyfikowano zagadnienie przenikania się grup genów odpowiadających za poszczególne cechy (overlaping problem).

(c) Opracowano nowe techniki dynamicznego sterowania strukturą wielu pod-populacji dla okresowego zwiększania różnorodności próby losowej oraz dla uzyskania wysokiej jakości początkowej próby losowej.

(d) Podjęto udaną próbę określenia zależności pomiędzy jakością dekompozycji a jakością wyników problemu optymalizacji.

Wszystkie prace wchodzące w skład osiągnięcia są bardzo dobrze opublikowane, w tym: H1 w materiałach konferencji IJCCI 2016 indeksowanej przez WOS; H2 w

Information Sciences, IF=5.524; H3 w *Expert Systems with Applications*, IF=4.292; H4 w *Applied Soft Computing*, IF=4873; H5 w *Information Sciences*, IF=4.038; H6 w *IEEE Transaction on Evolutionary Computation*, IF=8.508; H7 w materiałach konferencji naukowej GECCO 2020 indeksowanej przez WOS, Core A, jednej z najważniejszych w dyscyplinie. Sumaryczny IF tego cyklu prac wynosi 27.235.

3. Ocena pozostałych elementów aktywności naukowej i publikacyjnej

3.1. *Ocena pozostałych wyników naukowych*

Oprócz zagadnień opracowanych i opublikowanych w ramach rozprawy habilitacyjnej opiniowany prowadził badania w następujących kierunkach:

Wpływ kodowania na efektywność metod ewolucyjnych. W tej grupie prac badano wpływ złożoności kodowania na efektywność procesu sztucznej ewolucji. Stwierdzono, że dla badanej klasy problemów prostsze kodowania prowadzą do szybszego wzrostu przystosowania próby losowej, pomimo trudności ekspresji dobrych cech rozwiązania w tej reprezentacji (por. [1, 3, 15]).

Zastosowanie technik dynamicznego sterowania strukturą pod-populacji dla rozwiązywania trudnych zadań optymalizacji dyskretnej. Ta grupa stanowi uzupełnieni wyników prac [H1 – H7]. Zbadano efektywność różnych technik migracji w modelu IM [7] oraz inne aspekty zarządzania pod-populacjami przy rozwiązywaniu trudnych problemów dyskretnych jedno- i wielokryterialnych (por. [16, 17]).

Problemy optymalizacji dyskretnej, dla których koszt obliczenia przystosowania zależy od reprezentacji (kodowania) genotypu. W pracach tej grupy rozważano wpływ kodowania oraz wyników działania operatorów genetycznych na koszt obliczania przystosowania (*Problem Encoding Cheap Fitness Computation of Mutated Individuals*, PEACh). W pracach tej grupy [4, 11, 13] kwestionowany jest warunek zatrzymania algorytmu na podstawie zliczanego kosztu ewaluacji przystosowania oraz proponowane i badane są techniki „buforowania" przystosowania, polegające na przechowywaniu obliczonych wartości przystosowania.

Nowe techniki i operatory genetyczne zwiększające efektywność rozwiązywania trudnych dyskretnych zadań optymalizacji. Zaproponowano nowy operator *Comparative Mixing* CM dedykowany do metody DSMGA-II poprawiający efektywność tej metody dla problemów przenikających się bloków budujących. Dla podobnej klasy problemów zaproponowano nową metodę *Parameter Less Population Pyramid*. Kolejna propozycja algorytmiczna to wersja bezparametrowa DSMGA-II (psDSMGA-II). Również w tym samym kierunku idzie propozycja algorytmiczna fP3 i afP3 oraz algorytm P4 będący modyfikacją P3 dedykowaną do problemów permutacyjnych. Ostatnia z propozycji algorytmicznych to algorytm wielorojowy MSPOCk przenoszące na grunt tej algorytmiki ideę modelu IM. Opisane wyniki zebrano w pracach [5, 6, 9, 18, 19].

3.2. *Podsumowanie działalności publikacyjnej*

Opiniowany w trakcie 17 lat swojej działalności naukowej po ukończeniu studiów opublikował w sumie 34 prac naukowych, w tym 16 prac w czasopismach naukowych i

18 w materiałach konferencji naukowych. Ilość ta może nie wydawać się bardzo duża (średnio 2 prace rocznie), rekompensuje to jednak ich wysoka jakość. I tak 15 prac opublikowanych zostało w czasopismach z listy JCR, ich sumaryczny IF wyniósł 50.225, a sumaryczna punktacja MENiSW 940. Ponadto 11 publikacji konferencyjnych wydanych zostało w materiałach konferencji naukowych z rankingiem Core.

Opiniowany uzyskał 68 cytowań wg bazy Scopus i 46 wg. ISI Web of Knowledge (bez autocytowań) a jego H-indeks wynosi 4.

3.3. *Ocena aktywności konferencyjnej*

Opiniowany koncentrował się na wystąpieniach na bardzo dobrych, wysoko ocenianych konferencjach naukowych dla zapewnienia popularyzacji swoich wyników. W sumie przeprowadził on 18 wystąpień konferencyjnych, z czego 11 na konferencjach z rankingiem Core. Z każdym z tych wystąpień związana jest publikacja w materiałach konferencyjnych.

Jedno z tych wystąpień oraz związana z nim publikacja H1 uzyskała nominację do nagrody Best Paper Award na konferencji IJCCI 2016.

O wysokiej międzynarodowej ocenie dorobku dr inż. Michała świadczy powołanie go w skład komitetów programowych (PC) konferencji ENIC 2015, 2016, IJCCI 2016, 14th FCCSIS oraz powierzenie mu przewodniczenie sesjom na konferencjach CEC 2017, IJCCI 2016, IDEAL 2015, ENIC 2016.

3.4. *Ocena międzynarodowej współpracy naukowej*

Opiniowany prowadzi wspólne badania z zespołem dr Lenardo Indrusiaka University York. Główną tematyką badań jest zastosowanie LL w optymalizacji wielokryterialnej. W ramach tej współpracy opiniowany odbył 3 miesięczny staż naukowy w University of York. Efektem współpracy jest jedna opublikowana praca naukowa, a dwie kolejne znajdujące się w przygotowaniu.

Drugim zespołem naukowym z którym współpracuje opiniowany jest zespół dr Bituparny Datty z University of South Alabama. Efektem współpracy jest jedna opublikowana praca. Tematyka wspólnych badań dotyczy również optymalizacji wielokryterialnej.

Oprócz wymienionych powyżej opiniowany opublikował jeszcze kilka prac w międzynarodowych zespołach autorskich.

3.5. *Ocena udziału w projektach naukowych i grantach*

Opiniowany brał udział (jako research associate) w jednym projekcie naukowym międzynarodowym „Cloud-based Situational Analysis for Factories providing Real-time Reconfiguration Services" realizowanym w okresie 4 lat w University of York w ramach programu SAFIRE finansowanego przez EU.

Był on także wykonawcą w grancie realizowanym w ramach programu Clarin finansowanym przez EU.

W latach 2015-2020 był kierownikiem jednego grantu NCN w programie SONATA-10, oraz wykonawcą w projekcie serii OPUS 4. Ponadto był on wykonawcą w jednym projekcie MNiSW.

3.6. *Ocena wykonywanych recenzji*

Opiniowany wykonywał bardzo wiele (około 70) recenzji dla redakcji bardzo dobrych czasopism naukowych, między innymi: *IEEE Transactions in Industrial Informatics, Information Sciences, Expert Systems with Applications, Applied Soft Computing*.

Ponadto recenzował jako członek PC prace konferencyjne w 5 międzynarodowych konferencjach naukowych.

4. Ocena dorobku dydaktycznego

Opiniowany jest promotorem pomocniczym w przewodzie doktorskim w dyscyplinie informatyka techniczna i telekomunikacja mgr inż. Marcina Komarnickiego.

Był promotorem 8 prac magisterskich oraz 27 prac inżynierskich. Prace te prowadzone są na bardzo wysokim poziomie, czego efektem są co najmniej 4 prace opublikowane na dobrych konferencjach GECCO, PPSN, ECTA.

Opiniowany prowadzi zajęcia koła naukowego informatyki w macierzystej jednostce. Organizuje tam również konkursy informatyczne.

Dr inż. Michał Przewoźniczek prowadzi na studiach informatycznych wykłady i laboratoria z przedmiotów „Zaawansowane Metody Programowania Obiektowego" i „Techniki Efektywnego Programowania". Ponadto prowadzi przedmiot monograficzny „Metacheurystyki".

Na prośbę studentów prowadzi również wykład wprowadzający do metod sztucznej inteligencji zatytułowany „Obliczenia Ewolucyjne, czyli jak zaprojektować kombajn nie mając pojęcia o koszeniu zboża". Bierze również czynny udział w pracach nad programem kierunku studiów „Sztuczna inteligencja" w swojej macierzystej uczelni.

5. Ocena działalności organizacyjnej

Do działalności organizacyjnej opiniowanego w zakresie nauki zaliczyć można prace w komitetach naukowych znaczących konferencji międzynarodowych z zakresu sztucznej inteligencji: ENIC 2015, 2016, IJCCI 2016, 14th FCCSIS oraz przewodniczenie sesjom na konferencjach: CEC 2017, IJCCI 2016, IDEAL 2015, ENIC 2016.

W macierzystej jednostce Politechnice Wrocławskiej opiniowany pracuje w Komisji Programowej dla kierunku Informatyka Stosowana. Jest również kierownikiem zespołu dla opracowania nowego programu studiów na kierunku „Sztuczna inteligencja".

Kieruje on także wykonaniem zleceń statutowych w Katedrze Inteligencji Obliczeniowej.

6. Wniosek końcowy

Szczegółowa analiza dorobku dr inż. Michała Przewoźniczka pozwala uznać go za bardzo dobrego naukowca, aktywnego w każdym wymaganym aspekcie działalności naukowej, dydaktycznej i organizacyjnej, oraz rozpoznawalnego w międzynarodowym środowisku AI. Najmocniejszymi stronami jego dorobku są:

1. Dobrze zdefiniowany, ambitny program badawczy oraz wysoko punktowane publikacje wchodzące w zakres rozprawy habilitacyjnej.
2. Istotne wyniki naukowe i publikacyjne poza osiągnięciem habilitacyjnym.
3. Wybitna aktywność jako recenzenta w czasopismach naukowych i komitetach programowych konferencji.

Podsumowując, dorobek dr inż. Michała Przewoźniczka po uzyskaniu stopnia doktora dokumentuje znaczący wkład habilitanta w rozwój nauk technicznych, w szczególności jej dyscyplinę składową – informatykę techniczną i telekomunikację. Dorobek ten spełnia warunki określone w obowiązującej ustawie o tytule naukowym i stopniach naukowych oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki.

Wnioskuję o dopuszczenie dr inż. Michała Przewoźniczka do dalszych faz przewodu habilitacyjnego.