POLITECHNIKA BIBLIOTEKA GŁÓWNA w Gliwicach

Prof. dr hab. inż. Marek Kurzyński
Politechnika Wrocławska
Wydział Elektroniki
Katedra Systemów i Sieci Komputerowych

Wrocław, 20.07.2016

RECENZJA

rozprawy doktorskiej mgra inż. Jakuba NALEPY
pt. *Genetic and memetic algorithms for selection of training sets for support vector machines*

1. Zakres tematyczny rozprawy

Metody rozpoznawania obiektów, z uwagi na swoje duże praktyczne znaczenie, są wciąż przedmiotem intensywnych badań. Poszukiwane są tutaj zarówno nowe koncepcje budowy klasyfikatorów, które – odniesione do konkretnych zadań – okazałyby się bardziej efektywne niż metody istniejące, jak również pomysły prowadzące do poprawy skuteczności algorytmów istniejących i pozwalające na rozszerzenie ich możliwości aplikacyjnych.

Jedną z metod automatycznego rozpoznawania, chętnie stosowaną w różnych praktycznych zadaniach z uwagi na liczne zalety, jest klasyfikator zwany maszyną wektorów wspierających (SVM – *support vector machine*) należący do algorytmów z uczeniem nadzorowanym. Klasyfikator SVM znany jest już od ponad 50 lat i choć posiada dobre podstawy matematyczne i szerokie możliwości dyskryminacyjne (liniowe i nieliniowe), to wciąż dostarcza problemów i jest źródłem niebanalnych wyzwań. Trudności te wynikają między innymi z faktu, że w procesie uczenia zachodzi konieczność rozwiązania problemu optymalizacyjnego z ograniczeniami z zakresu programowania kwadratowego, co dla zadań klasyfikacji z dużą liczbą danych wielowymiarowych istotnie utrudnia jego wykorzystanie.

Problem uczenia klasyfikatora SVM w przypadku dużych zbiorów danych jest znany i doczekał się już wielu metod rozwiązania. Nie są one jednak idealne i dlatego każda próba wzbogacenia istniejącego arsenału o nowe koncepcje jest w pełni uzasadniona.

Przedstawiona do recenzji praca jest właśnie taką, oryginalną i udaną próbą rozwiązania problemu uczenia klasyfikatora SVM poprzez wykorzystanie algorytmów ewolucyjnych i memetycznych do wyznaczenia podzbioru uczącego w taki sposób, aby z jednej strony zachować w nim obiekty uczące, istotne z punktu widzenia budowy klasyfikatora SVM (wektory wspierające), z drugie zaś zmniejszyć znacząco jego rozmiar, przyspieszając w ten sposób proces uczenia.

RAU
Biuro Dziekana
Wpłynęło dnia 26.07.2016
Nr 568 / zał. .....

W kontekście powyższych uwag, podjętą tematykę rozprawy uważam za w pełni uzasadnioną, interesującą i aktualną dla współczesnych prac z zakresu metodologii komputerowego rozpoznawania obiektów, zarówno w teoretycznym jak i praktycznym aspekcie.

2. Zawartość i układ pracy

Opiniowana rozprawa składa się z 7 rozdziałów, spisów stosowanych oznaczeń, skrótów, rysunków i tabel oraz spisu literatury zawierającej 227 pozycji i obejmuje 209 stron maszynopisu. Rozdział pierwszy (*Introduction*) zawiera krótkie wprowadzenie w tematykę rozpoznawania wraz z syntetyczną systematyką metod rozpoznawania z uczeniem nadzorowanym. W szczególności autor skupia się tu na klasyfikatorze SVM, przedstawia problemy związane z treningiem klasyfikatora w przypadku bardzo licznych zbiorów danych i omawia literaturowe metody ich rozwiązania. Na tym tle, przedstawiona została motywacja podjęcia badań składających się na zakres tematyczny rozprawy oraz sformułowano w sposób jednoznaczny tezy i wynikające z nich cele pracy. W rozdziale ujęto również krótką prezentację struktury rozprawy i zawartości poszczególnych rozdziałów. Rozdział 2 (*Support vector machines*) poświęcony jest w całości prezentacji klasyfikatora SVM (model liniowy i nieliniowy, wybór/wyznaczanie funkcji jądra, wpływ typu funkcji jądra na jakość klasyfikacji, metody oceny jakości klasyfikatora).

W rozdziale 3 (*Training SVMs from large datasets: literature review*) dokonany został bardzo obszerny i szczegółowy przegląd literaturowy prezentujący *state-of-the-art* metod i technik uczenia klasyfikatora SVM w przypadku dużego zbioru danych. Przypadki dużych zbiorów danych są bardzo często spotykane w wielu rzeczywistych zadaniach klasyfikacji (np. w bioinformatyce, obrazowaniu medycznym, analizie tekstów, modelowaniu farmakokinetycznym), stąd potrzeba uproszczenia złożonego procesu uczenia klasyfikatora SVM oraz zmniejszenia liczby wektorów wspierających (zależnej proporcjonalnie od ilości danych uczących), aby uczynić klasyfikator SVM praktycznie stosowalnym. Przedstawione metody treningu obejmują dwie grupy: ulepszenie i przyspieszenie samego procesu uczenia (dekompozycja procesu uczenia, metody równoległe, metody przybliżone) oraz zmniejszenie rozmiaru zbioru uczącego poprzez wydzielenie z pełnego zbioru uczącego podzbioru, w którym znajdą się obiekty istotne z punktu widzenia wyznaczania powierzchni rozdzielającej klasyfikatora SVM (tworzące wektory podpierające). Wśród różnych stosowanych tutaj metod, istotne dla treści rozprawy są metody ewolucyjne, gdyż w tej grupie mieszczą się opracowane przez autora koncepcje i techniki uczenia klasyfikatora SVM w przypadku dużych zbiorów danych.

Rozdział 4 (*Evolutionary algorithms*) zawiera krótką charakterystykę metod (algorytm genetyczny, algorytm memetyczny, procesy adaptacyjne w obu algorytmach), które zostały przez autora wykorzystane w procesie uczenia klasyfikatora SVM.

Dwa kolejne rozdziały składają się na zasadniczą treść rozprawy i zawierają oryginalne wyniki autora. I tak, w rozdziale 5 (*Proposed algorithms*) przedstawiono szczegółowo 3 algorytmy genetyczne i 2 algorytmy memetyczne wraz z uzasadnieniem ich zastosowania w uczeniu klasyfikatora SVM. Z kolei rozdział 6 (*Experimental validation*) zawiera wyniki badań eksperymentalnych i analiz porównawczych algorytmów (autorskich i literaturowych)

do wyznaczania zredukowanego zbioru uczącego do trenowania klasyfikatora SVM z zastosowaniem danych generowanych komputerowo oraz danych benchmarkowych.

Pracę podsumowuje rozdział 7 (*Conclusions and outlook*) zawierający między innymi propozycje dalszych prac badawczych w zakresie metod uczenia klasyfikatorów SVM w przypadku dużych zbiorów danych.

Przedstawiona rozprawa prezentuje w sposób kompletny najważniejsze rezultaty objęte jej tematyką, w logicznym i przejrzystym układzie, typowym dla prac o charakterze koncepcyjno-eksperymentalnym, co umożliwiło zaprezentowanie uzyskanych wyników w szerokim kontekście aktualnego stanu wiedzy w zakresie metod i algorytmów wyznaczania zredukowanego zbioru uczącego do trenowania klasyfikatora SVM. Na szczególne podkreślenie zasługuje wysoki poziom edytorski pracy oraz bardzo bogata strona ilustracyjna, a w szczególności zwizualizowanie zredukowanych zbiorów treningowych wraz z wyznaczonymi wektorami podpierającymi otrzymanych za pomocą badanych algorytmów. Ogólnie zatem, objętość pracy, jej zakres, sposób ujęcia materiału oraz redakcję całości oceniam pozytywnie.

3. Uzyskane wyniki

Celem pracy było wykazanie następujących tez (cyt. – tłumaczenie autora):

1. *Zastosowanie technik adaptacji w algorytmach genetycznych dla doboru zbiorów treningowych dla maszyny wektorów podpierających pozwala na:*
   - *uzyskanie lepszych zredukowanych zbiorów treningowych,*
   - *polepszenie procesu doboru zbiorów treningowych,*

   w porównaniu z innymi algorytmami genetycznymi, w których nie wykorzystano adaptacji.
2. *Zastosowanie algorytmów memetycznych, których celem jest wykorzystanie dostępnej wiedzy (wyekstrahowanej przed optymalizacją ewolucyjną lub/i uzyskaną podczas ewolucji) dotyczącej wektorów ze zbioru treningowego, do doboru zbiorów treningowych dla maszyny wektorów podpierających, pozwala na uzyskanie lepszych zredukowanych zbiorów treningowych w porównaniu z tymi, które zostały otrzymane przy użyciu algorytmów genetycznych znanych z literatury.*

Wykazanie tak nakreślonych tez doprowadziło do realizacji szeregu celów szczegółowych i do konkretnych osiągnięć. Można je ująć w następujące punkty:

1. Zaprojektowanie algorytmów genetycznych do redukcji zbioru treningowego w procesie uczenia klasyfikatora SVM:
   - Klasyczny algorytm genetyczny (GASVM). W algorytmie GASVM każdy osobnik (chromosom) w populacji o rozmiarze N reprezentuje pewien podzbiór zbioru uczącego T o ustalonym i stałym rozmiarze t'. Zastosowano 3 różne metody selekcji:
     a) Metoda *high-low fit*, w której osobniki w populacji są wpierw porządkowane według malejącej wartości funkcji przystosowania, a następnie dzielone na dwie grupy osobników lepiej i gorzej przystosowanych. Jeden rodzic jest wybierany z grupy osobników lepiej przystosowanych, a drugi z grupy gorzej przystosowanych. Proporcja podziału na obie grupy jest parametrem metody. Na koniec, spośród $2N$ osobników potomnych jest wybierana grupa N osobników najlepszych, która tworzy populację potomną.
     b) Metoda *AB selection* – w metodzie każdy osobnik jest wybierany dwukrotne: raz,

jako rodzic pierwszy i raz, jako drugi. Jeśli rozwiązanie potomne posiada wyższą wartość przystosowania niż rodzic pierwszy, wtedy zastępuje go w następnej populacji.

c) Metoda *truncation*. Podobnie jak w metodzie (a), wpierw następuje szeregowanie osobników w populacji według malejącej wartości funkcji przystosowania, a następnie para rodziców jest wybierana z grupy o określonym rozmiarze (rozmiar grupy jest parametrem metody) chromosomów najlepiej przystosowanych. Nowa populacja jest utworzona z osobników potomnych wyznaczonych z N par rodzicielskich.

d) Metoda *enhanced truncation*. Metoda podobna do poprzedniej z tą różnicą, że w wyniku krzyżowania uzyskuje się mniej chromosomów potomnych niż założony rozmiar populacji N – brakującą liczbę osobników uzupełnia się w sposób losowy.

- Adaptacyjny algorytm genetyczny (AGA). Wadą algorytmu GASVM jest konieczność określenia rozmiaru zredukowanego zbioru uczącego (t'). Aby trafnie określić ten rozmiar, wykonuje się algorytm wielokrotnie dla różnych wartości parametru t' i wybiera wartość najlepszą. Taki sposób postępowania wiąże się z dużymi nakładami obliczeniowymi, co może być kłopotliwe, zwłaszcza w sytuacji dużych zbiorów danych uczących. Stąd wynika uzasadnienie zastosowania procedury adaptacyjnej algorytmu genetycznego, w której wartość t' jest dynamicznie uaktualniana w przebiegu ewolucji. W procesie adaptacyjnym zastosowanym w algorytmie AGA wyznacza się tzw. zróżnicowanie populacji korzystając z metody składowych głównych (PCA). Dla każdej klasy wyznacza się przedziały wartości każdej z cech, a następnie charakteryzuje się osobnika poprzez histogram pokazujący przynależność poszczególnych wektorów do wyznaczonych przedziałów. Podobieństwo histogramów definiuje podobieństwo osobników. Gdy zróżnicowanie jest małe, generuje się powtórnie populację, w której najlepsze osobniki są kopiowane, a pozostałe tworzy się losowo. Dodatkowo, w algorytmie AGA adaptacji podlega metoda krzyżowania osobników oraz wielkość populacji podczas procesu ewolucji.
- Dynamiczny adaptacyjny algorytm genetyczny (DAGA). W algorytmie dokonuje się dynamicznej zmiany współczynnika decydującego o wzroście rozmiaru osobnika (czyli wartości t'). Wartość tego współczynnika zmienia się zależnie od stosunku liczby wektorów podpierających do liczby wszystkich wektorów w zredukowanym zbiorze uczącym. Jeśli stosunek ten jest wysoki, to współczynnik wzrostu rośnie szybciej, jeśli mały – wolniej.

2. Zaprojektowanie algorytmów memetycznych do redukcji zbioru treningowego w procesie uczenia klasyfikatora SVM:
   - Klasyczny algorytm memetyczny (MASVM). Algorytmy memetyczne są algorytmami hybrydowymi, łączącymi algorytm ewolucyjny z metodą lokalnej optymalizacji (lokalnego ulepszenia). Algorytm ewolucyjny (w szczególności genetyczny) zapewnia iteracyjną ewolucję osobników z pokolenia na pokolenie, w której dodatkowo pojawia się etap ulepszania osobników (lokalnej optymalizacji). W etapie tym, który w pewnym sensie uzupełnia mechanizm mutacji, można wykorzystać wiedzę o problemie uzyskaną bądź przed optymalizacją, bądź w trakcie procesu ewolucji. W

algorytmie MASVM w procedurze selekcji zaproponowano dwa mechanizmy: selekcji lokalnej (para rodzicielska jest tworzona z dwóch osobników dobrze przystosowanych) i selekcji globalnej (w parze rodzicielskiej jeden osobnik pochodzi z grupy dobrze przystosowanej, a drugi z gorzej przystosowanej grupy). W dodatkowym etapie zwanym *education*, wykorzystując informację o wektorach tworzących wektory podpierające w algorytmie SVM (wiedza uzyskana z poprzedniej iteracji przy wyznaczaniu wartości funkcji przystosowania osobników) dokonuje się zamiany wektorów nieaktywnych w wyznaczaniu powierzchni rozdzielającej algorytmu SVM wektorami podpierającymi, tworząc w ten sposób superosobników zawierających wyłącznie wektory podpierające. Połączenie etapu ulepszania osobników z dwuwariantowym etapem selekcji doprowadziło do zmniejszenia rozmiaru otrzymanych zredukowanych zbiorów uczących i skróciło czas optymalizacji.

- Adaptacyjny algorytm memetyczny (PCAAMA). Istotą algorytmu PCAAMA jest dodatkowy preprocessing wykorzystywany w procesie ewolucji osobników. Podczas przetwarzania wstępnego, wykorzystując procedurę PCA, tworzona jest zredukowana przestrzeń cech, w której wyznacza się przedziały zawierające równoliczne podzbiory uczące dla każdej klasy. Dla każdego z utworzonych przedziałów wylicza się wartość średnią, a następnie wyznacza odległość Mahalanobisa dla każdego wektora cech. Wektory o największej odległości w każdym z przedziałów tworzą zbiór tzw. wektorów-kandydatów. Wektory te są podstawą formowania populacji początkowej w algorytmie ewolucyjnym, w odróżnieniu od poprzednich metod, w których początkowa populacja osobników była losowana z pełnego zbioru uczącego. Osobniki z populacji podlegają następnie operatorom genetycznym: w selekcji stosuje się mechanizmy selekcji lokalnej i globalnej, jak w algorytmie MASVM i dodatkowo – znów podobnie jak w MASVM – etap *education*. Zbiór wektorów-kandydatów jest także wykorzystywany w procedurze kompensacji, czyli uzupełniania osobników, aby zachować stały rozmiar populacji. Nie jest natomiast stosowany w procedurze mutacji, gdzie zmutowane osobniki podmienia się osobnikami pochodzącymi z całego zbioru uczącego, co sprzyja poprawie różnorodności populacji.

3. Przeprowadzenie badań eksperymentalnych z wykorzystaniem zbiorów benchmarkowych i danych generowanych komputerowo. Dla potrzeb eksperymentalnego badania algorytmów wyznaczania zredukowanych zbiorów uczących dla metody SVM, autor opracował środowisko badawcze, zaimplementowane w języku C++). Wymagało to między innymi zaimplementowania konwertera danych dostępnych w repozytorium uczenia maszynowego UCI, opracowania programu do automatycznego doboru wartości parametrów funkcji jądrowych klasyfikatora SVM, opracowania programu do wizualizacji zredukowanych zbiorów treningowych i wektorów podpierających oraz zaimplementowania odpowiednich testów stosowanych w statystycznej analizie wyników.

- Zbadanie jakości zaproponowanych algorytmów. Opracowane algorytmy wyznaczania zredukowanego zbioru uczącego dla klasyfikatora SVM zostały przetestowane eksperymentalnie z wykorzystaniem 4 zbiorów wygenerowanych komputerowo, 2

zbiorów pochodzących z repozytorium UCI oraz 1 zbioru zawierającego dane rzeczywiste wyekstrahowane z bazy obrazów barwnych ludzkiej skóry (w różnych badaniach wykorzystano różne zbiory). Ponieważ wyznaczanie zredukowanego zbioru uczącego może być traktowane jako dwukryterialny problem optymalizacyjny, dlatego w badaniach eksperymentalnych przyjęto kryterium (empiryczne) będące sumą ważoną unormowanej jakości klasyfikacji (częstość poprawnie sklasyfikowanych obiektów testujących lub pole pod krzywą ROC) oraz unormowanej odwrotności uzyskanej liczby wektorów podpierających (liczba ta przekłada się bezpośrednio na czas działania algorytmu SVM). W pierwszej kolejności badano wpływ określonych i charakterystycznych parametrów algorytmu na jakość uzyskanego wyniku (tzw. analiza czułościowa). Przykładowo, dla algorytmu GASVM zbadano wpływ zastosowanego schematu selekcji oraz przyjętego rozmiaru osobników (rozmiaru zredukowanego zbioru danych), z kolei dla algorytmu AGA badano wpływ schematu adaptacji rozmiaru osobników oraz zastosowanych metod krzyżowania chromosomów. Uzyskane tu wyniki pozwoliły określić czułość badanych metod na zastosowane różne wariantowe schematy zaproponowanych rozwiązań, a także pokazały nie zawsze oczywiste uwarunkowania (np. zwiększenie rozmiaru zredukowanego zbioru uczącego nie musi korzystnie wpływać na jakość wytrenowanego algorytmu SVM).

W następnej kolejności dokonano eksperymentalnego porównania zaproponowanych algorytmów ewolucyjnych i memetycznych dla 3 zbiorów danych. Wyniki pokazały wpływ wagi w kryterium na wzajemne relacje wyników dla różnych metod. Zastosowany test Wilcoxona (znakowych rang) pokazał statystycznie istotną różnicę dla 55 porównań parami spośród 60 takich porównań. Potwierdzona została także prawdziwość tezy głoszącej, iż zastosowanie algorytmów memetycznych prowadzi do lepszych zredukowanych zbiorów uczących w porównaniu z wynikami algorytmów genetycznych.

- Analiza porównawcza zaproponowanych algorytmów i wybranych algorytmów literaturowych. W drugiej części badań eksperymentalnych dokonano porównania zaproponowanego algorytmu PCAAMA z innymi (literaturowymi) metodami wyznaczania zredukowanego zbioru uczącego do treningu klasyfikatora SVM. Do badań wybrano: 1) próbkowanie losowe (RS), 2) algorytm treningu zredukowanego (RSVM), 3) algorytm bazujący na analizie geometrii zbioru treningowego (SR-DSA), 4) trening klasyfikatora SVM z pełnym zbiorem uczącym *T*. Do badań wykorzystano 6 zbiorów danych (4 generowane komputerowo, 2 benchmarkowe). Uzyskane wyniki potwierdzają tezę o lepszym zbiorze zredukowanym (w sensie przyjętego kryterium) uzyskanym metodą ewolucyjną dodatkowo wykorzystującą dostępną wiedzę w porównaniu z metodami literaturowymi.

4. Uwagi krytyczne

1. Wyniki uzyskane w tabeli 6.20 nie pozwalają odpowiedzieć na pytanie, który z badanych i porównywanych algorytmów jest najlepszy, który zajmuje drugie miejsce, który trzecie, itd. Wynika to z faktu, że algorytmy były porównywane wielokrotnie.

nie tylko dla różnych zbiorów danych, ale także dla różnych kryteriów (różna waga składników w kryterium – na marginesie: dlaczego q zaczyna się od 0.5, a nie od 0?). Zdaniem recenzenta, należało tutaj wyznaczyć średni ranking porównywanych metod, a następnie dokonać statystycznej weryfikacji istotności różnic i zastosować test rankingowy (przykłady takich testów można znaleźć w J. Demsar, Statistical comparison of classifiers over multiple data sets, *Journal of Machine Learning Research* 7 (2006) 1–30). Tak wyznaczone wyniki wraz z odpowiednim testem statystycznym pozwoliłyby jednoznacznie uszeregować metody od najlepszej do najgorszej (oczywiście wyłącznie w zakresie przeprowadzonych badań) wraz z informacją, pomiędzy rangami których metod jest statystycznie istotna różnica (brak takiej różnicy).

2. Mało precyzyjna prezentacja algorytmów w rozdziale 5. Dotyczy to np. podrozdziału 5.1, który – według zamysłu autora – winien przedstawiać ogólne schematy i koncepcje wspólne dla wszystkich proponowanych algorytmów ewolucyjnych. Rys. 5.1. nie ma (wbrew podpisowi) żadnego przełożenia na problem wyznaczania zredukowanego zbioru uczącego, z punktu 5.1.1. i rys. 5.2 nie wynika sposób kodowania osobników (jest mowa o tym, że osobnik zawiera wektory uczące, a co z numerem klasy?), nie wiadomo, jak są dziedziczone wektory uczące od obu rodziców i jak jest uzyskany zestaw wektorów uczących wchodzący w skład osobnika potomnego, zgodnie z wzorem (5.1), nie wiadomo, jak wykonywana jest procedura mutacji (jak losowane są wektory usuwane i wektory zastępujące). W opisie algorytmu GASVM brak informacji o metodzie krzyżowania, nie wiadomo, jak wybierani są osobniki rodzicielskie z określonych grup właściwych dla zastosowanych metod selekcji, brak informacji o metodzie (metodach) krzyżowania, brak informacji o sposobie uzupełniania brakujących osobników w metodzie *enhanced truncation*.
3. Uśrednianie wyniku (tabele 6.20 i 6.25) dla różnych q (od 0.5 do 1) nie ma większego sensu. Rezultat bowiem jest taki, jaki uzyskano by dla q=0.75.
4. Jak się wydaje – niespójne są wyniki z rys. 6.22 i tabeli 6.20. Rysunek pokazuje sytuację, dla q=0.5 (zasada: im wynik bliższy punktowi (0,1) tym lepszy). Na rysunku najlepszy wynik uzyskał algorytm PCAAMA, a w tabeli – GASVM(4).
5. Podobnie niespójne wydają się wyniki z tabel 6.20 i 6.22. Przykładowo, dla zbioru Adult brak statystycznie istotnej różnicy dla metod MASVM i PCAAMA, a jest taka różnica pomiędzy wynikami metod DAGA i MASVM. Natomiast w tabeli 6.20 wyniki układają się odwrotnie.
6. Niefortunnie przyjęto w wyznaczaniu wartości uśrednionych (po stosowanych zbiorach danych) dla metody SVM (trening klasyfikatora na pełnym zbiorze uczącym) dla zbioru *Skin* wartość 0. Należało wyłączyć zbiór *Skin* z procedury uśredniania. Choć wyniki ułożyłyby się wtedy inaczej, to w dalszym ciągu metoda PCAAMA byłaby najlepsza wśród metod dokonujących redukcji zbioru uczącego. Metodę SVM należałoby z takiego współzawodnictwa wykluczyć i traktować ją wyłącznie jako metodę referencyjną (dla q=1).

5. Podsumowanie recenzji – ocena rozprawy

Reasumując stwierdzam, iż mgr inż. Jakub Nalepa wykazał się dużą wiedzą z zakresu problemów klasyfikacji, oraz zaawansowanych metod ewolucyjnych, a także opanowaniem i właściwym posługiwaniem się warsztatem naukowym, a w szczególności metodami eksperymentalnych badań symulacyjnych i analiz statystycznych. Przedstawiona praca zawiera poprawnie sformułowany i rozwiązany problem badawczy i stanowi istotny wkład w dyscyplinę informatyki w obszarze automatycznej klasyfikacji i uczenia maszynowego. Zawarte w niej rezultaty obejmujące zaprojektowanie algorytmów genetycznych i memetycznych do redukcji zbioru treningowego w procesie uczenia klasyfikatora SVM, komputerową implementację zaproponowanych algorytmów, zaprojektowanie i przeprowadzenie eksperymentalnych analiz porównawczych zaproponowanych algorytmów i algorytmów literaturowych na danych benchmarkowych i danych generowanych komputerowo wraz ze statystyczną weryfikacją istotności wyników, są oryginalne i zostały przedstawione w sposób wyczerpujący na odpowiednim poziomie matematycznych formalizmów. Uważam, że praca doktorska Pana mgra inż. Jakuba Nalepy stanowi oryginalne rozwiązanie problemu naukowego, a tym samym spełnia wymogi Art.13 pkt. 1 Ustawy o stopniach naukowych i tytule naukowym z dnia 14.03.2003 r. Wnioskuję o dopuszczenie mgra inż. Jakuba Nalepę do publicznej obrony.

POLITECHNIKA ŚLĄSKA
BIBLIOTEKA GŁÓWNA
w Gliwicach