

ГУРМАН І. В.

Хмельницький національний університет

<https://orcid.org/0000-0002-2282-3484>e-mail: [devastator192@gmail.com](mailto:devastator192@gmail.com)

МОТОРНИЙ П. В.

Хмельницький національний університет

e-mail: [pmotorniy.panda@gmail.com](mailto:pmotorniy.panda@gmail.com)

ЧЕШУН В. М.

Хмельницький національний університет

<https://orcid.org/0000-0002-3935-2068>e-mail: [cheshunvn@khmnu.edu.ua](mailto:cheshunvn@khmnu.edu.ua)

ДЖУЛІЙ А. В.

Університет економіки і підприємництва, м.Хмельницький

<https://orcid.org/0000-0001-5011-3052>e-mail: [kksmkhnu@gmail.com](mailto:kksmkhnu@gmail.com)

ЧОРНЕНЬКИЙ В. І.

Університет економіки і підприємництва, м.Хмельницький

<https://orcid.org/0000-0002-0576-7097>e-mail: [vitnel@ukr.net](mailto:vitnel@ukr.net)

## АЛГОРИТМ СИНТЕЗУ ДИСКРЕТНИХ ТЕСТІВ НА ОСНОВІ ЕВОЛЮЦІЙНИХ ТЕОРІЙ

*В роботі представлено варіант реалізації алгоритму синтезу дискретних із застосуванням теорії генетичних алгоритмів. Алгоритм орієнтовано на зменшення кількості необхідних перевірок об'єкта діагностування за рахунок генерації нових популяцій тестів, що зберігають перевірку здатність початкової послідовності в меншій кількості тестів-нащадків цієї послідовності, що утворюються за алгоритмом.*

*Ключові слова: технічна діагностика, генетичні алгоритми, синтез тестів, цифрові пристрої.*

Ivan GURMAN, Pavlo MOTORNYI, Viktor CHESHUN

Khmelnyskyi National University

Andrii DZHULIY, Vitalii CHORNENKIY

University of Economics and Entrepreneurship, Khmelnytskyi

## ALGORITHM OF SYNTHESIS OF DISCRETE TESTS BASED ON EVOLUTIONARY THEORIES

*The complexity of modern digital components and devices as objects of diagnosis, in most cases, makes it impossible for experts to synthesize tests manually in the time allowed to solve the problem of organizing diagnostic tests. This determines the relevance of the development and implementation of intelligent methods and tools for automated synthesis of test sequences. One of the promising options for the synthesis and optimization of discrete tests is the solution of this problem based on the theory of evolution or genetic algorithms.*

*The paper describes an algorithm for the synthesis of discrete tests using genetic algorithms. The algorithm of realization of diagnostic experiment contains stages of formation of initial population, crossing, processing of the received results and check of a condition of a stop of work of genetic algorithm. The main characteristics of the algorithm: the type of evolutionary algorithms used - hybrid; method of generating binary words of chromosome codes by crossing operator from values of diagnostic vectors of elementary tests; the method of selection of applicants for crossing - proportional, based on the probability function of fitness and the control operator of the compatibility assessment; type of crossover operator - uniform; the method of forming a new generation - the descendants of crosses of individuals based on the results of proportional selection and elitistly selected individuals that do not allow crossings under the control operator of compatibility assessment; the main way to stop the evolutionary algorithm - the loss of the ability to implement crossings of individuals in the resulting generation; additional (possible) ways to stop the algorithm - limiting the execution time or the number of iterations (generated generations).*

*Key words: technical diagnostics, genetic algorithms, synthesis of tests, digital devices.*

### Постановка проблеми у загальному вигляді

#### та її зв'язок із важливими науковими чи практичними завданнями

Задача синтезу тестів для діагностування дискретних пристроїв і систем з елементами високого ступеня інтеграції ніколи не втрачала актуальності і навпаки, актуальність вказаної задачі завжди загострювалась з появою нових інтегральних компонентів та технологій їх виготовлення.

Складність діагностованих дискретних схем, в більшості випадків, унеможливує безпосередній синтез тестів для перевірки об'єкта діагностування (ОД) в цілому з нуля за допустимий для вирішення завдання організації діагностичних випробувань час. Через потребу враховувати велику кількість факторів та параметрів, на сьогоднішній день розробка якісних тестів для перевірки сучасних електронних компонентів надвисокого ступеня інтеграції та електронної продукції на їх основі за фінансовими і часовими витратами значно перевищує вартість самих виробів, що зумовлює зацікавленість фахівців з технічної діагностики у застосуванні інтелектуальних засобів автоматизації синтезу тестів [2–4]. Одним із напрямків підвищення ефективності синтезу дискретних тестів є застосування еволюційних теорій, зокрема, генетичних алгоритмів [4–10].

### Аналіз останніх досліджень і публікацій

Генетичні алгоритми (ГА) як ефективний інструмент набули широкого застосування в задачах технічної діагностики. Один із основних напрямків їх застосувань в задачах технічної діагностики – оптимізація тестових послідовностей і алгоритмів діагностування [4, 6, 7]. В [8] описуються застосування ГА для відсіву надлишкових тестів з тестових послідовностей. В [9] ГА застосовуються для оптимізації вибору контрольних точок ОД для реалізації тестових випробувань, а також для дослідження і модифікації структури ОД.

В роботі [10] описуються базові принципи застосування ГА для синтезу дискретних тестів. Зокрема, визначено спосіб представлення даних для синтезу тестів на основі еволюційних теорій, обґрунтовано вибір рівномірного кросингвера із застосуванням пари векторів рекомбінації, запропоновано функції відбору хромосом для схрещування та формули генерації хромосом та векторів рекомбінації нового покоління. Отримані результати позиціонуються як основа для алгоритмічної реалізації методу.

### Формулювання цілей статті

Метою роботи є визначення принципів алгоритмічної реалізації методу синтезу дискретних тестів на основі еволюційних теорій.

### Виклад основного матеріалу

При розгляді алгоритмічної реалізації задач синтезу тестів використаємо елементи математичної моделі, наведеної в [10]:  $L: \{l_1, l_2, \dots, l_i, \dots, l_k\}$  – множина можливих несправних технічних станів ОД;  $P: \{P(l_1), P(l_2), \dots, P(l_i), \dots, P(l_k)\}$  – множина значень статистичних даних ймовірності знаходження ОД в кожному з можливих технічних станів ОД  $l_i \in L$ ;  $T: \{t_1, t_2, \dots, t_i, \dots, t_m\}$  – множина тест-векторів, розроблених для ідентифікації станів ОД  $l_i \in L$ ;  $R: \{r_1, r_2, \dots, r_i, \dots, r_m\}$  – множина отримуваних векторів відповідних реакцій при поданні на ОД блоку тест-векторів  $t_i \in T$ ;  $C: \{c_1, c_2, \dots, c_i, \dots, c_m\}$  – множина хромосом початкової популяції  $C$  для реалізації ГА. Цільовою сферою застосування еволюційних теорій в розроблюваному алгоритмі є синтез тестів на основі наявної множини тест-векторів елементарних перевірок  $T$ , орієнтованих на суміщення декількох елементарних перевірок тестами  $t_i \in T$  і  $t_j \in T$  (при  $i \neq j$ ) в часі для реалізації узгодженої одночасної перевірки складових ОД та зменшення тривалості процесу тестових випробувань.

Алгоритм:

1. Ввести дані про можливі несправні стани ОД  $l_i \in L$ .
2. Визначити  $K$  як кількість можливих несправних станів ОД:  $K = |L|$ .
3. Ввести дані статистичних ймовірностей  $P(l_i)$  знаходження ОД в кожному з можливих несправних станів  $l_i \in L$  (сформувати множину значень статистичних даних ймовірностей  $P: \{P(l_1), P(l_2), \dots, P(l_i), \dots, P(l_k)\}$ ).
4. Ввести дані тест-векторів  $t_i \in T$  і векторів відповідних реакцій  $r_i \in R$  (сформувати множини значень тест-векторів  $T: \{t_1, t_2, \dots, t_i, \dots, t_m\}$  і векторів відповідних реакцій  $R: \{r_1, r_2, \dots, r_i, \dots, r_m\}$ ).
5. Визначити параметр  $M$  як кількість тестових випробувань, що можуть бути реалізовані на основі наданих діагностичних даних:  $M = |T| = |R|$ .
6. Прийняти значення внутрішнього лічильника  $i$  рівним одиниці:  $i = 1$ .
7. Синтезувати значення двійкового коду хромосоми  $c_i \in C$ :

$$c_i = \text{text}(t_i) + \text{text}(r_i), \quad (1)$$

де  $c_i$  – хромосома опису тестової перевірки із застосуванням тест-вектора  $t_i \in T$ , формована додаванням значень векторів  $t_i \in T$  і  $r_i \in R$  як символічних рядків (функція  $\text{text}$ ).

8. Виконати інкремент значення внутрішнього лічильника  $i$ :  $i = i + 1$ .
9. Якщо  $i \leq M$  (якщо сформовано ще не всі хромосоми), перейти до п. 7.
10. Прийняти ознаку можливості дострокового зупину роботи алгоритму дійсною:  $Q = 1$ .
11. Реалізувати процедуру визначення умови дострокового зупину алгоритму.
12. Якщо умову дострокового зупину алгоритму задано (обмеження на кількість ітерацій, час роботи алгоритму тощо), перейти до п. 14.
13. Прийняти ознаку можливості дострокового зупину роботи алгоритму не дійсною:  $Q = 0$ .
14. Сформувати одномірний масив  $F$  розмірності  $|C|$  для зберігання розрахункових значень функцій пристосованості  $f_i \in F$  хромосом  $c_i \in C$ .
15. Для кожного двійкового коду хромосоми  $c_i \in C$  обчислити функцію пристосованості  $f_i \in F$ :

$$f_j = \sum_{i=1}^{|L|} q_i P(l_i), \quad (2)$$

де  $f_j$  – розрахункове значення функції пристосованості особини з кодом хромосоми  $c_j \in C$ ;  $|L|$  – розмірність множини можливих несправних технічних станів ОД  $L$ ;  $P(l_i)$  – ймовірність знаходження ОД в несправному технічному стані  $l_i \in L$ ;  $q_i$  – ознака здатності тест-вектора  $t_j \in T$  виявляти ознаки знаходження ОД в стані  $l_i \in L$  ( $q_i = 1$  за наявності у тест-вектора  $t_j \in T$  відповідної здатності,  $q_i = 0$  – за відсутності).

16. Упорядкувати значення двійкових кодів хромосом  $c_i \in C$  за відповідними їм значеннями функції пристосованості  $f_i \in F$  в порядку від більшого до меншого.

17. Сформувати одномірний масив  $G$  розмірності  $|C|$  для зберігання ознак  $g_i$  участі у схрещуваннях

хромосом  $c_i \in C$  з нульовими значеннями елементів  $g_i \in G$ .

18. Прийняти ознаку реалізації схрещувань рівною нулю:  $W=0$ .

19. Прийняти значення внутрішнього лічильника  $i=1$  (вказівник на першу хромосому  $c_i \in C$ ):

20. Прийняти значення внутрішнього лічильника  $j$  більшим на одиницю за значення лічильника  $i$  (вказівник на наступну після  $c_i \in C$  хромосому  $c_j \in C$ ):  $j = i + 1$ .

21. Розрахувати ознаку  $y_{ij}$  можливості схрещування особин з хромосомами  $c_i \in C$  і  $c_j \in C$ :

$$y_{ij} = (c_i \oplus c_j) \wedge h_i \wedge h_j = 0. \quad (3)$$

22. Якщо  $y_{ij}=0$  (схрещування визнане неможливим), перейти до п. 27.

23. Розрахувати значення коду хромосоми  $c_{ij}^1$  особи наступного покоління  $C^1$  і зафіксувати значення  $c_{ij}^1$  в множині  $C^1$ . Для розрахунку застосувати формулу оператора кросингвера:

$$c_k^1 = c_i \vee c_j. \quad (4)$$

24. Розрахувати значення вектора рекомбінації  $h_{ij}^1$  для коду хромосоми  $c_{ij}^1$  особи покоління  $C^1$  і зафіксувати значення  $h_{ij}^1$  в множині  $H^1$ . Для розрахунку застосувати формулу оператора схрещування векторів:

$$h_k^1 = h_i \vee h_j. \quad (5)$$

25. Прийняти ознаку реалізації схрещувань рівною одиниці:  $W=1$ .

26. Прийняти рівними одиниці ознаки участі у схрещуваннях хромосом  $c_i \in C$  і  $c_j \in C$ :  $g_i=1, g_j=1$ .

27. Виконати інкремент значення внутрішнього лічильника  $j$ :  $j = j + 1$ .

28. Якщо  $j \leq M$  (перебрано ще не всі можливі хромосоми-партнери для  $c_i \in C$ ), перейти до п. 21.

29. Виконати інкремент значення внутрішнього лічильника  $i$ :  $i = i + 1$ .

30. Якщо  $i < M$  (якщо лічильник  $i$  ще не вказує на останню хромосому  $c_i \in C$ , тобто, не всі можливі схрещування в поточному поколінні реалізовані), перейти до п. 20.

31. Якщо  $W=0$  (ознака реалізації схрещувань свідчить про відсутність схрещувань в останній ітерації), перейти до п. 43.

32. Прийняти значення внутрішнього лічильника  $i$  рівним одиниці:  $i=1$ .

33. Перевірити ознаку  $g_i$  участі у схрещуваннях хромосоми  $c_i \in C$ .

34. Якщо  $g_i=1$  (хромосома  $c_i \in C$  прийняла участь у схрещуваннях і має щонайменше одного нащадка, що унаслідував її гени), перейти до п. 35.

35. Скопіювати слово двійкового коду хромосоми  $c_i \in C$  в множини  $C^1$  і слово відповідного їй двійкового коду вектора рекомбінації  $h \in H$  в множини  $H^1$ .

36. Виконати інкремент значення внутрішнього лічильника  $i$ :  $i = i + 1$ .

37. Якщо  $i \leq M$  (якщо перебрано ще не всі хромосоми), перейти до п. 33.

38. Виконати заміну батьківської множини  $C$  на множини  $C^1$  і, відповідно, множини  $H$  на множини  $H^1$ .

39. Перевірити ознаку можливості дострокового зупину роботи алгоритму  $Q$ .

40. Якщо  $Q=0$  (дострокової зупинки не передбачено), перейти до п. 14.

41. Реалізувати процедуру корекції параметрів та перевірки виконання умови дострокової зупинки роботи алгоритму.

42. Якщо умова дострокової зупинки роботи алгоритму не виконується, перейти до п. 14.

43. Вивести поточну множини  $C$  як результат роботи алгоритму.

44. Кінець алгоритму.

Проведемо загальний аналіз запропонованого алгоритму.

Першочергово в алгоритмі передбачене введення діагностичних даних, необхідних для реалізації синтезу дискретних тестів із застосуванням ГА, та визначення на їх основі використовуваних в алгоритмі параметрів  $K$  і  $M$  (пункти 1–5 алгоритму). Формування необхідної для реалізації ГА множини слів хромосомних кодів осіб першого покоління  $C$  виконується за формулою (1) на основі даних множини тест-векторів елементарних перевірок  $T$  та множини векторів відповідних реакцій  $R$  (пункти 6–9 алгоритму). Після підготовки необхідних вихідних даних для реалізації ГА в алгоритмі настроюються його робочі параметри, а саме, задається умова дострокової зупинки роботи алгоритму (пункти 10–13). Це може бути обмеження на кількість ітерацій, обмеження на час роботи алгоритму тощо. Умова дострокової зупинки може не задаватися, для чого слід прийняти  $Q=0$  (пункт 13).

Для реалізації відбору і схрещувань в ГА виконується за формулою (2) оцінка пристосованості хромосом в популяції до реалізації ефективних перевірок ОД. Найбільш пристосованими особинами вважаються ті, що мають здатність перевіряти гіпотезу про знаходження ОД в найбільш ймовірному несправному стані. Отримані значення функцій пристосованості  $f_i$  хромосом  $c_i \in C$  фіксуються в одномірному масиві  $F$  розмірності  $|C|$  (пункти 14–15 алгоритму).

Після цього алгоритм 3.1 переходить до виконання ітерацій схрещування хромосомних кодів за правилами виконання ГА. Найкращі потомки очікувані від батьків з максимальними значеннями функцій пристосованості, тому їх доцільно схрещувати першочергово. Для зручності відбору значення двійкових кодів хромосом  $c_i \in C$  упорядковуються за відповідними їм значеннями функції пристосованості  $f_i \in F$  (пункт 16).

Для виявлення особин, які в поточній ітерації не приймали участь в схрещуваннях, і їх збереження в алгоритмі використано одномірний масив  $G$ , в якому передбачене зберігання ознак  $g_i$  участі у схрещуваннях

хромосом  $c_i \in C$  (пункт 17 алгоритму). Під час роботи алгоритму кожній особині, що прийняла участь у схрещуваннях при виконанні поточної ітерації ГА значення ознаки  $g_i \in G$  змінюється з нуля на одиницю (пункт 26), що дозволяє, в подальшому, легко відсортувати осіб, що дали потомство, від тих, що виявилися непридатними до створення батьківської пари і народження нащадка.

Кінцевим результатом роботи ГА є отримання популяції, що не передбачає подальших схрещувань. Для виявлення ітерації, на якій схрещування завершуються, в алгоритмі застосовується ознака реалізації схрещувань  $W$ , яка на початку ітерації приймається рівною нулю (пункт 18), а при вдалому виконанні схрещування змінює значення на одиницю (пункт 25). Після завершення кожної ітерації ГА аналізується значення цієї ознаки (пункт 32). Якщо схрещувань на ітерації не відбулося ( $W=0$ ), то робота алгоритму завершується. Алгоритм може бути зупинений після закінчення заданого часу виконання або після заданої кількості ітерацій. Перевірка умови дострокової зупинки роботи алгоритму реалізується в пунктах 41-42.

### Висновки з даного дослідження і перспективи подальших розвідок у даному напрямі

В роботі запропоновано варіант реалізації алгоритму синтезу дискретних тестів із застосуванням теорії генетичних алгоритмів. Алгоритм орієнтовано на зменшення кількості необхідних перевірок об'єкта діагностування за рахунок генерації нових популяцій тестів, що зберігають перевірну здатність початкової послідовності в меншій кількості тестів-нащадків цієї послідовності, що утворюються за алгоритмом.

### Література

1. Сакович Л.М., Глухов С.І., Бабій О.С., Гальоса А.О. Методика фізичного діагностування цифрових пристроїв об'єктів радіоелектронної техніки. *Системи озброєння і військова техніка*. 2020. № 2(62). С. 93–101.
2. Глухов С.І., Толубко В.Б., Вишнівський В.В. Прогнозування залишкового ресурсу інформаційних систем з використанням інтелектуальної системи діагностування. *Наукові записки Українського науково-дослідного інституту зв'язку*. 2019. № 3(55). С. 5–11.
3. Толубко В.Б., Вишнівський В.В., Глухов С.І., Березовська Ю.В. Математичні моделі та алгоритм обробки діагностичної інформації для побудови інтелектуальної системи діагностування радіоелектронної техніки. *Наукові записки Університету новітніх технологій*. 2019. 4(56). С. 5–13.
4. Danilova E. Y., Kovylyayev D. A., Gorodilov A. Y. Advanced Genetic Algorithm for the Embedded FPGA Logic Diagnostic. *2021 International Conference on Information and Digital Technologies (IDT)*. Volume 1. P. 95–99.
5. Raja Ben Abdessalem, Shiva Nejati, Lionel C. Briand, Thomas Stifter Testing vision-based control systems using learnable evolutionary algorithms. *ICSE '18: Proceedings of the 40th International Conference on Software Engineering*, May 2018. P. 1016–1026.
6. Городилов А.Ю. Генетический алгоритм диагностирования цифровых устройств. *Вестник Пермского НИПУ. Электротехника, информационные технологии, системы управления*. 2013. № 7. С. 54–62.
7. Иванов Д.Е. Генетические алгоритмы построения входных идентифицирующих последовательностей цифровых устройств. Донецк: ТОВ «Цифровая типография», 2012. 240 с.
8. Миронов С.В., Сперанский Д.В. Генетические алгоритмы для сокращения диагностической информации. *Автоматика и телемеханика*. 2008. № 7. С. 146–156.
9. Дмитриев Д.В., Соколова Э.С., Капранов С.Н. Адаптация генетических алгоритмов к решению задач назначения точек контроля в объектах с большим числом состояний. *Нейрокомпьютеры*, 2007. № 11. С. 59–64.
10. Бадіміна Л.А., Чешун В. М., Чорненко В. І. Генетичні алгоритми в синтезі діагностичних тестів для цифрових пристроїв. *Вимірвальна та обчислювальна техніка в технологічних процесах*. 2018. № 2. С. 92–99.

### References

1. Sakovych L.M., Hlukhov S.I., Babii O.S., Halosa A.O. Metodyka fizychnoho diahnostuvannia tsyfrovyykh prystroiv obiektiv radioelektronnoy tekhniki. *Systemy ozbroiennia i viiskova tekhnika*. 2020. № 2(62). S. 93-101.
2. Hlukhov S.I., Tolubko V.B., Vyshnivskiy V.V. Prohnozuvannia zalyshkovoho resursu informatsiynykh system z vykorystanniam intelektualnoi systemy diahnostuvannia. *Naukovi zapysky Ukrainskoho naukovo-doslidnoho instytutu zviazku*. 2019. № 3(55). S. 5-11.
3. Tolubko V.B., Vyshnivskiy V.V., Hlukhov S.I., Berезovska Yu.V. Matematychni modeli ta alhorytm obrobky diahnostychnoi informatsii dlia pobudovy intelektualnoi systemy diahnostuvannia radioelektronnoy tekhniki. *Naukovi zapysky Universytetu novitnikh tekhnologii*. 2019. 4(56). S. 5-13.
4. Danilova E. Y., Kovylyayev D. A., Gorodilov A. Y. Advanced Genetic Algorithm for the Embedded FPGA Logic Diagnostic. *2021 International Conference on Information and Digital Technologies (IDT)*. Volume 1. P. 95-99.
5. Raja Ben Abdessalem, Shiva Nejati, Lionel C. Briand, Thomas Stifter Testing vision-based control systems using learnable evolutionary algorithms. *ICSE '18: Proceedings of the 40th International Conference on Software Engineering*, May 2018. P. 1016-1026.
6. Gorodilov A.Yu. Geneticheskij algoritm diahnostirovaniya cifrovyyh ustrojstv. *Vestnik Permskogo NIPU. Elektrotehnika, informacionnye tehnologii, sistemy upravleniya*. 2013. № 7. S. 54-62.
7. Ivanov D.E. Geneticheskie algoritmy postroeniya vhodnykh identifikiruyushih posledovatelnoyey cifrovyyh ustrojstv. Doneck: TOV «Cifrovaya tipografiya», 2012. 240 s.
8. Mironov S.V., Speranskij D.V. Geneticheskie algoritmy dlya sokrasheniya diahnosticheskoy informatsii. *Avtomatika i telemehaniка*. 2008. № 7. S. 146-156.
9. Dmitriev D.V., Sokolova E.S., Kapranov S.N. Adaptaciya geneticheskikh algoritmov k resheniyu zadach naznacheniya tocheк kontrolya v obekтах s bolshim chisлом sostoyanij. *Nejrokompyutery*, 2007. № 11. S. 59-64.
10. Badimina L.A., Cheshun V. M., Chornenky V. I. Henetychni alhorytmy v syntezi diahnostychnykh testiv dlia tsyfrovyykh prystroiv. *Vymiriuvalna ta obchysluvalna tekhnika v tekhnolohichnykh protsesakh*. 2018. № 2. S. 92-99.