

# **Adaptacyjna metoda wyznaczania ekonomicznych m-diagnozowalnych struktur opiniowania diagnostycznego typu PMC**

**Łukasz STRZELECKI, Kamil RENCZEWSKI**

Zakład Teleinformatyki, Instytut Teleinformatyki i Automatyki WAT,  
ul. Gen. S. Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa

**STRESZCZENIE:** W artykule rozpatrzono problemy występujące przy komputerowym wyznaczaniu ekonomicznych struktur opiniowania diagnostycznego (SOD) typu PMC. Przedstawiono adaptacyjną metodę umożliwiającą efektywne wyznaczanie optymalnych SOD spełniających wybrane kryteria, zapisane w postaci macierzy (uogólnionych) kosztów.

**SŁOWA KLUCZOWE:** diagnostyka systemowa, diagnozowalność, struktury opiniowania diagnostycznego, przeliczanie, algorytm genetyczny.

## **1. Wprowadzenie**

Rozwój układów VLSI<sup>1</sup>, NOC<sup>2</sup>, a także innych, w których występują dziesiątki, czy nawet setki mikroprocesorów wymusza stosowanie coraz efektywniejszych metod diagnostyki w celu identyfikacji wadliwych elementów. Ze względu na fakt, że samo istnienie elementu zastępczego nie gwarantuje włączenia go do systemu w momencie uszkodzenia pierwowzoru, w rozwiązaniach odpornych na uszkodzenia (systemy typu fault-tolerant) stosuje się konstrukcje oparte na strukturach opiniowania diagnostycznego (SOD). Systemy w ten sposób zorganizowane przeprowadzają w pewnych odstępach czasu wzajemne testowanie elementów i na bazie globalnego wzorca diagnostycznego są w stanie zidentyfikować uszkodzony zasób.

---

<sup>1</sup> Very Large Scale Integration

<sup>2</sup> Network On Chip

Do podstawowych SOD zalicza się struktury typu PMC<sup>3</sup> i BGM<sup>4</sup>.

Ważnym problemem podczas projektowania systemów (np. sieci komputerowych<sup>5</sup>) cechujących się odpornością na pewną liczbę uszkodzeń jest wyznaczenie SOD umożliwiającej zidentyfikowanie określonej liczby jednocześnie występujących niezdatności. Związana z tym trudność, zgodnie z informacjami zawartymi w publikacjach [1] i [5], tkwi w olbrzymiej liczbie koniecznych do wykonania obliczeń oraz z brakiem regularności występowania tego typu SOD w różnych konfiguracjach (np. w zależności od liczby identyfikowanych jednocześnie uszkodzonych elementów, czy też rozmiarów systemu). Ponadto bardzo często chodzi o wyznaczenie struktury najtańszej lub prawie najtańszej w sensie kosztów ponoszonych przy wykorzystaniu określonych połączeń (np. koszt wydzierżawienia łącza od operatora). W niniejszym artykule zostanie przedstawiony sposób generowania *ekonomicznych m-diagnozowalnych SOD typu PMC* przy wykorzystaniu algorytmu adaptacyjnego.

## 2. Własności SOD typu PMC

W dalszej części opracowania pod pojęciem struktura opiniowania diagnostycznego będziemy rozumieli digraf bez pętli  $G = \langle E, U \rangle$  i (graf  $G$  składa się ze zbioru węzłów  $E$  oraz ze zbioru łuków  $U$ ), gdzie łuk  $\langle e', e'' \rangle \in U$  oznacza, że węzeł  $e'$  testuje węzeł  $e''$ . Taka SOD, która będzie umożliwiała wykrycie wszystkich niezdatnych elementów, jeśli jest ich nie więcej niż  $m$  będzie nazywana *m-diagnozowalną*. Dodatkowo, jeżeli struktura będzie zawierała minimalną liczbę łuków (umożliwiającą identyfikację  $m$  niezdatnych elementów) to będzie określana optymalną strukturą *m-diagnozowalną*.

W publikacjach [8], [9] oraz [6] zostały podane własności struktur opiniowania diagnostycznego. Ze względu na to, że cechy te są wykorzystywane w dalszej części artykułu zostały przytoczone poniżej.

### Własność 1 [10]

Jeżeli SOD typu PMC jest *m-diagnozowalna* to:

$$\left( |E| \geq 2 \cdot m + 1 \right) \wedge \left( \forall e \in E : \mu^-(e) \geq m \right)$$

<sup>3</sup> Nazwa PMC pochodzi od nazwisk twórców, tj. Preparata P., Metze G. i Chien R. T.

<sup>4</sup> Nazwa BGM pochodzi od nazwisk twórców, tj. Barsi F., Grandoni F., Maestrini P.

<sup>5</sup> Denicja sieci komputerowej wg PN-92/T-01016/18.

gdzie  $|E|$  oznacza liczebność zbioru  $E$ , a  $\mu^-(e)$  stopień wejściowy wężła  $e$ , czyli liczbę elementów, które testują wężel  $e$ .

### Własność 2 [11]

Każda SOD typu PMC posiadająca własność 1 jest  $m$ -diagnozowalna wtedy i tylko wtedy, gdy

$$((\forall 0 < p < m - 1) \wedge (\forall E' \subset E : |E'| = |E| - 2 \cdot m + p)) : |\Gamma(E')| > p$$

gdzie  $\Gamma(E')$  oznacza zbiór następników zbioru  $E'$  takich, że  $\Gamma(E') \cap E' = \emptyset$ .

### Własność 3 [6]

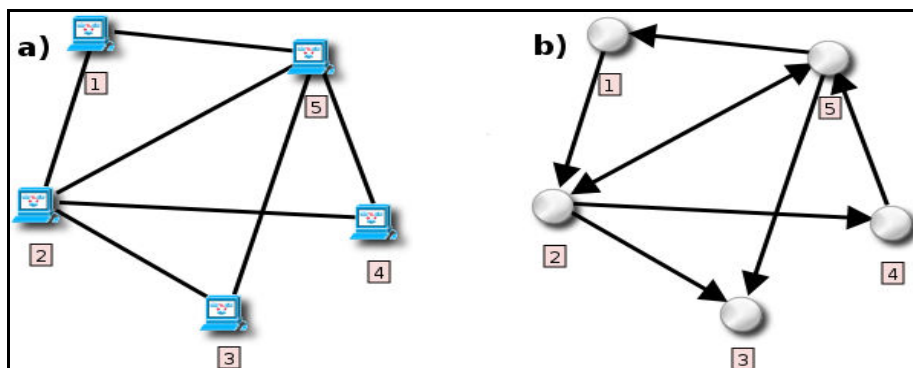
SOD posiadająca własność 1 jest  $m$ -diagnozowalna dla  $m > 1$  wtedy i tylko wtedy, gdy:

$$(\forall E' \subset E : 1 \leq |E'| \leq 2 \cdot (m - 1)) : |\Gamma^{-1}(E')| > m - \alpha[2^{-1}|E'|]$$

gdzie  $\Gamma^{-1}(E')$  oznacza zbiór poprzedników zbioru  $E'$  takich, że  $\Gamma^{-1}(E') \cap E' = \emptyset$ , a  $\alpha(x)$  oznacza najmniejszą wartość całkowitą  $x$  taką, że  $\alpha(x) \geq x$ .

## 3. Transformacja macierzy SOD do wektora bitowego

Struktura logiczna przykładowej sieci komputerowej może zostać przedstawiona jako digraf (rys. 1).



Rys. 1. Przykładowa struktura logiczna sieci komputerowej (część a) i digraf reprezentujący pewną SOD dla tej sieci (część b)

Graf skierowany  $G = \langle E, U \rangle$  widoczny na rysunku 1b może zostać zapisany w postaci poniższej macierzy przejść  $M_{y \times y}$  (gdzie  $y = |E|$ ) zawierającej informacje o połączeniach pomiędzy węzłami.

**Tab. 1. Macierz przejść  $M_{y \times y}$  reprezentująca digraf przedstawiony na rysunku 1b**

	1	2	3	4	5
1	0	1	0	0	0
2	0	0	1	1	1
3	0	0	0	0	0
4	0	0	0	0	1
5	1	1	1	0	0

Ze względu na fakt, iż SOD jest digrafem bez pętli przekątna macierzy  $M_{y \times y}$  zawiera jedynie zera. Z powodów praktycznych (głównie z uwagi na możliwość znacznego zmniejszenia złożoności obliczeniowej algorytmu opisanego w dalszej części artykułu) macierz tę należy zredukować do postaci macierzy  $M'_{y \times z = (y-1)}$  zgodnie z następującymi regułami:

$$m'_{ij} = \begin{cases} m_{ij} & \text{dla } i < j \\ m_{i(j+1)} & \text{dla } i \geq j \end{cases}$$

gdzie:  $m_{ij}$  - element macierzy  $M_{y \times y}$ ,

$m'_{ij}$  - element macierzy  $M'_{y \times z = (y-1)}$ ,

$i$  - numer kolumny macierzy,

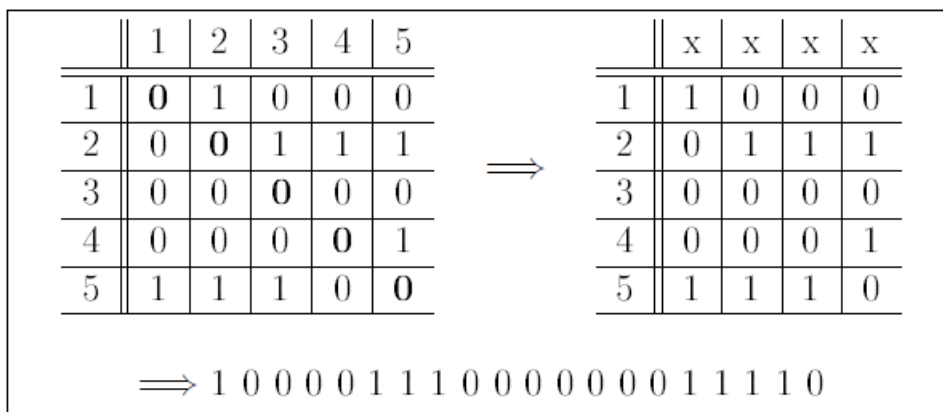
$j$  - numer wiersza macierzy.

Otrzymaną macierz należy przekształcić w wektor bitowy poprzez połączenie wierszy. Ze względu na poczynione przekształcenia elementy utworzonego wektora bitowego będą odpowiadały elementom pierwotnej macierzy  $M_{y \times y}$  zgodnie z regułami:

$$m'_{ij} = \begin{cases} w_{(j-1)(y-1)+i} & \text{dla } i < j \\ 0 & \text{dla } i = j \\ w_{(j-1)(y-1)+i-1} & \text{dla } i > j \end{cases}$$

gdzie:  $m_{ij}$  - element macierzy  $M_{y \times y}$ ,  
 $w_x$  - element wektora bitowego o rozmiarach  $y \cdot (y - 1)$ ,  
 $i$  - numer kolumny macierzy,  
 $j$  - numer wiersza macierzy.

Poniżej został przedstawiony przykład transformacji macierzy reprezentującej graf zamieszczony na rysunku 1b kolejno do zredukowanej macierzy oraz do wektora bitowego.



Rys. 2. Transformacja macierzy  $M_{y \times y}$  do wektora bitowego

Ostateczna forma zapisu macierzy przejść  $M_{y \times y}$ , tj. wektor bitowy, będzie wykorzystywana w dalszej części artykułu jako podstawowy sposób opisu grafów wykorzystywany w proponowanym algorytmie.

#### 4. Zasada działania algorytmu genetycznego

Algorytmy genetyczne (AG) zaliczane są powszechnie do zbioru heurystycznych metod poszukiwania rozwiązania. Ze względu na swe właściwości zastosowanie znajdują głównie w badaniach związanych z funkcjami nieliniowymi lub poszukiwaniem rozwiązania w przypadku posiadania ograniczonych informacji o zadaniu, a nawet ich zupełnym braku. Największą zaletą AG jest równoległe przeszukiwanie całej przestrzeni rozwiązań i odnajdowanie kierunku poprawy na podstawie cząstkowych informacji pozyskanych z tymczasowych rozwiązań. Idea ewolucyjnego poszukiwania optymalnych lub quasi-optymalnych rozwiązań wywodzi się

z nauk biologicznych<sup>6</sup>, z czym wiąże się specyficzna terminologia. W celu uniknięcia nieporozumień poniżej zostały zdefiniowane pojęcia, które wykorzystywane są w dalszej części artykułu.

**Określenie 1.**

Chromosom - jest to ciąg kodowy lub wektor bitowy.

**Określenie 2.**

Fenotyp - konkretne rozwiązanie, czyli konkretny wektor bitowy reprezentujący strukturę opiniowania diagnostycznego.

**Określenie 3.**

Gen - znak, wartość (0 lub 1) konkretnego pola wektora bitowego reprezentującego strukturę opiniowania diagnostycznego.

**Określenie 4.**

Populacja - zbiór wszystkich wektorów bitowych, którymi operuje algorytm genetyczny.

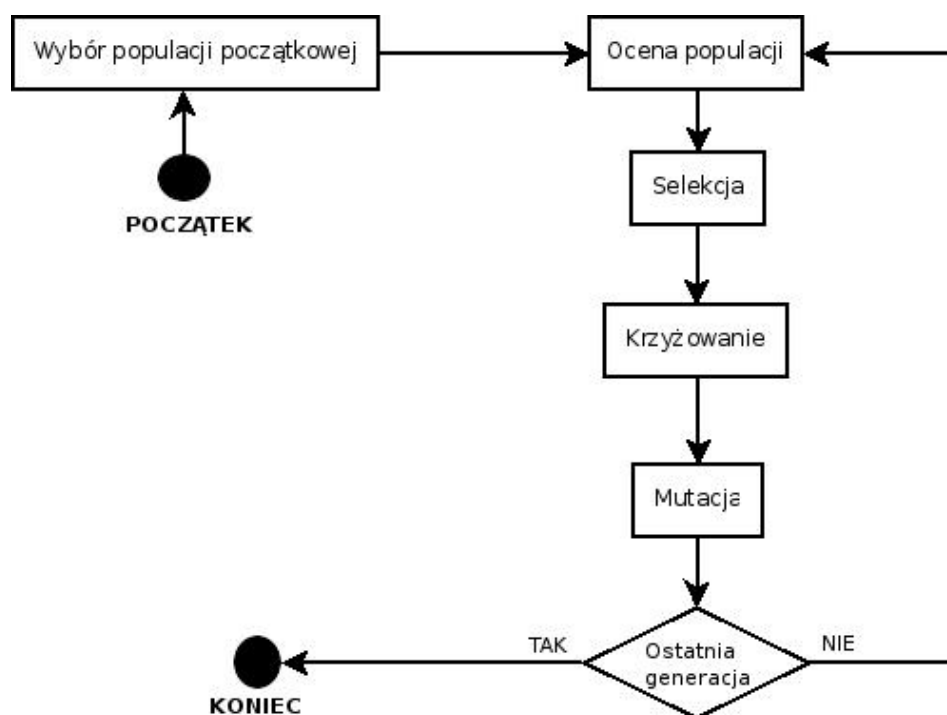
Ideą przyświecającą działaniu algorytmu genetycznego jest równoległe poszukiwanie rozwiązania. Bezpośrednim tego efektem jest analizowanie przez algorytm wielu punktów zlokalizowanych w całej przestrzeni rozwiązań i na systematycznym poprawianiu ich wartości (w sensie oceny wystawianej przez funkcję celu/przystosowania). Zbiór  $L$  wszystkich odnalezionych przez AG rozwiązań nazywany jest populacją. Każdy punkt (rozwiązanie) utożsamiany jest z fenotypem. W kolejnych iteracjach algorytmu każdemu punktowi przyporządkowywana jest ocena (wartość funkcji celu/przystosowania) informująca o tym, jak dobre rozwiązanie reprezentuje. Następnym etapem jest selekcja, czyli wybór określonej liczby punktów o najwyższych ocenach. W ten sposób utworzony zbiór stanowi tzw. pulę rodzicielską dla następnego pokolenia. Kolejną operacją jest krzyżowanie, polegające na dobraniu w pary wektorów odpowiadających punktom z puli rodzicielskiej i wymianie między nimi genów, tj. bitów zlokalizowanych na odpowiednich pozycjach. Jak łatwo zauważyć ze względu na ograniczoną wielkość populacji początkowej (pierwsze losowo wybrane rozwiązania) oraz na sposób przeprowadzania selekcji

---

<sup>6</sup> Algorytmy genetyczne zostały opracowane podczas badań nad matematycznym opisem zachowań obserwowanych w przyrodzie.

i krzyżowania istnieje możliwość pominięcia poszczególnych rozwiązań cząstkowych, które mogą być kluczowe w dążeniu do odnalezienia globalnego rozwiązania. Z tego powodu stosuje się środki zaradcze, m.in. w postaci mutacji. Polega ona na tym, iż z określonym prawdopodobieństwem wartość genów zostaje losowo zmodyfikowana. Dzięki temu posunięciu po wstępnym odrzuceniu pewnych cech możliwe jest ich odzyskanie nawet w dojrzałej populacji.

Ogólny schemat blokowy działania algorytmu genetycznego został przedstawiony na rysunku 2.



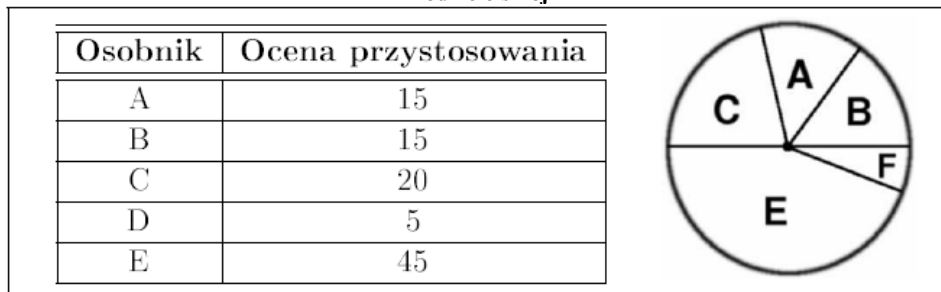
Rys. 3. Schemat blokowy działania algorytmu genetycznego

## 5. Parametry zastosowanych operatorów genetycznych

Podstawowymi operatorami genetycznymi stanowiącymi o efektywności AG są selekcja i krzyżowanie. W proponowanym sposobie generowania struktur opiniowania diagnostycznego zastosowano strategię ewolucyjną bazującą na wyborze osobników metodą ruletki oraz na krzyżowaniu prostym dwupunktowym. Selekcja metodą ruletki polega na przyporządkowaniu

każdemu chromosomowi znajdującemu się w populacji prawdopodobieństwa wylosowania do puli rodzicielskiej wprost proporcjonalnego do jego przystosowania (tj. do wartości określonej przez funkcję celu/przystosowania). Obrazuje to tabela 2.

**Tab. 2. Przykład rozkładu prawdopodobieństwa wylosowania rozwiązania do puli rodzicielskiej**



Krzyżowanie proste dwupunktowe sprowadza się do losowego wybrania dwóch punktów krzyżowania  $k_0$  i  $k_1$  odpowiednio z  $l-1$  (gdzie  $l$ - długość wektora) oraz  $l-2$  pozycji. Wymiana genów w tym przypadku następuje od początku wektora do pozycji  $k_0$  oraz od końca wektora do pozycji  $k_1$ . Zostało to przedstawione graficznie w tabeli 2.

Ze względu na drugorzędne znaczenie mutacji w procesie odnajdywania globalnego rozwiązania została ona arbitralnie ustalona na poziomie  $\sim 3\%$ , dzięki czemu zapewnia różnorodność populacji i nie powoduje degradacji wartościowych rozwiązań.

## 6. Konstrukcja funkcji przystosowania

Funkcja przystosowania (celu) definiuje, jaką wartość przystosowania osiągnął określony chromosom, czyli wektor bitowy. Stanowi podstawowe narzędzie pozyskiwania informacji o prognozowanym kształcie rozwiązania. W rozpatrywanym przypadku pod postacią ciągów bitowych przekazywanych do funkcji celu zapisane są zredukowane macierze sąsiedztwa odpowiadające strukturom opiniowania diagnostycznego. Funkcja powinna zatem oceniać, w jakim stopniu rozważana SOD zbliżyła się do rozwiązania *m-diagnozowalnego* i ewentualnie do rozwiązania optymalnego. Zgodnie z własnościami struktur *m-diagnozowalnych* opisanymi w punkcie 2 została skonstruowana następująca funkcja przystosowania:



$$f(x) = \sum_{i=1}^{|E|} g_1(e_i) + \sum_{p=0}^{m-1} \sum_{E' \subset Z_p} k(E')$$

gdzie:  $E'$  - podzbiór zbioru  $E$  taki, że  $E' \subset E$ ,

$Z_p$  - zbiór węzłów taki, że  $\forall E' \subset Z_p : |E'| = |E| - 2 \cdot m + p$

$m$  - parametr  $m$  określający krotność diagnozowalności SOD,

$g_1(x_i)$  - funkcja zdefiniowana następująco:

$$g_1(e_i) = \begin{cases} 1 & \text{dla } \mu^-(e_i) = m \\ -|m - \mu^-(e_i)| & \text{dla } \mu^-(e_i) \neq m \end{cases}$$

gdzie  $\mu^-(e_i)$  stopień wejściowy węzła  $e_i$ ,

$k(E')$  – funkcja zdefiniowana następująco:

$$k(E') = \begin{cases} 1 & \text{dla } \Gamma(E') = p \\ -|p - \Gamma(E')| & \text{dla } \Gamma(E') \neq p \end{cases}$$

gdzie  $\Gamma(E')$  oznacza zbiór następników zbioru  $E'$  takich, że

$$\Gamma(E') \cap E' = \emptyset.$$

Oczywiste jest, że ze względu na swą konstrukcję funkcja  $f(x)$  może zostać podzielona na dwie funkcje składowe  $f_1(x) = \sum_{i=1}^{|E|} g_1(e_i)$  oraz

$$f_2(x) = \sum_{p=0}^{m-1} \sum_{E' \subset Z_p} k(E').$$

Pierwsza z nich (funkcja  $f_1(x)$ ) zdefiniowana jest w taki sposób, by przyznawać ujemne wartości chromosomom, które reprezentują SOD zawierające węzły o stopniu wejściowym różnym od parametru  $m$ . Restrykcja ta jest związana definicją struktury optymalnej i  $m$ -diagnozowalnej i z własnością 1 opisaną w punkcie 2, z których należy wnioskować, iż w przypadku struktury optymalnej:

$$(m > 1) (\forall e \in E : \mu^-(e) = m)$$

Składowa  $f_2(x)$  odpowiada bezpośrednio za weryfikację zgodności badanej SOD z własnością 2 przedstawioną w punkcie 2 i negatywnie ocenia chromosomy, które jej nie spełniają. Wspomniana własność wymusza, by dla

dowolnego  $E' \subset E$  o liczebności  $|E'| = |E| - 2 \cdot m + p$  (gdzie  $0 \leq p \leq m - 1$ ) liczebność zbioru następników podzbioru  $E'$  nie należących do  $E'$  była równa lub większa od  $p$ . Dla struktur opiniowania diagnostycznego, które spełniają własność 1 jest to warunek konieczny i wystarczający *m-diagnozowalności*. Ze względu na powyższe uwzględnienie składowej  $f_2(x)$  w funkcji przystosowania znacznie zwiększa prawdopodobieństwo odnalezienia przez algorytm genetyczny struktury *m-diagnozowalnej*.

Przedstawiona powyżej funkcja przystosowania umożliwia wyznaczanie *m-diagnozowalnych* struktur opiniowania diagnostycznego, należących do różnych klas spójności. Jednakże w wielu przypadkach pożądanym jest nałożenie na wyznaczaną SOD dodatkowych restrykcji determinujących jej klasę. W celu wyznaczenia struktury silnie spójnej człon  $f_2(x)$  omawianej funkcji należy uzupełnić o funkcję  $g_2(e_i)$  i zdefiniowaną następująco:

$$g_2(e_i) = \begin{cases} 1 & \text{dla } \mu^+(e_i) = m \\ -|m - \mu^+(e_i)| & \text{dla } \mu^+(e_i) \neq m \end{cases}$$

gdzie:  $e_i$  – element zbioru węzłów grafu reprezentującego SOD,

$\mu^+(e_i)$  – stopień wejściowy węzła  $e_i$  ;

tak, by ostatecznie funkcja przyjęła postać:

$$f(x) = \sum_{i=1}^{|E|} (g_1(e_i) + g_2(e_i)) + \sum_{p=0}^{m-1} \sum_{E' \subset Z_p} k(E')$$

Dodana funkcja  $g_2(e_i)$  jest skonstruowana tak, by przyznawać ujemne wartości SOD zawierającym wierzchołki o stopniu wyjściowym różnym od parametru  $m$ . Działanie to wynika z zależności opisanych w [4], zgodnie z którymi optymalna *m-diagnozowalna* struktura diagnostyczna może być zapisana w postaci kwadratu łacińskiego.

W większości przypadków przy projektowaniu systemów o zwiększonej odporności na uszkodzenia oprócz możliwości identyfikacji niezdatnych elementów ważnym aspektem są koszty. Wynikają one bezpośrednio z wykorzystywanych technologii, możliwości przesyłu danych, czy też z warunków ekonomicznych (np. ograniczenie budżetu). W związku z powyższym podczas wyznaczania bazowej dla projektowanego systemu SOD należy uwzględnić dodatkowe koszty połączeń. W sytuacji, gdy połączenia pomiędzy poszczególnymi elementami obciążone są więcej niż jedną restrykcją/kosztom możliwe są dwa scenariusze postępowania.

1. Utworzenie wektora kosztów przyporządkowanego do każdego połączenia. Należy pamiętać, iż w tym przypadku prawdopodobne jest istnienie zbioru rozwiązań optymalnych w sensie Pareto, a omawiana metoda wskaże tylko jedno z nich.
2. Opracowanie funkcji wyznaczającej uogólniony koszt połączenia. W tym przypadku mamy do czynienia z tzw. ekonomiczną strukturą opiniowania diagnostycznego.

Ze względu na fakt, iż pierwszy sposób postępowania stanowi uogólnienie drugiego sposobu, w dalszej części artykułu zostanie przedstawione jedynie rozwiązanie wykorzystujące wektor kosztów. W celu wyznaczenia SOD spełniającej dodatkowe kryteria konieczne jest uzupełnienie uprzednio skonstruowanej funkcji przystosowania o składową  $f_3(x)$  odpowiadającą za uwzględnienie (wektora) kosztów w końcowej ocenie badanego chromosomu. Funkcja przystosowania  $f(x)$  przyjmuje zatem postać:

$$f(x) = f_1(x) + f_2(x) + s \cdot f_3(x)$$

gdzie:  $f_1(x), f_2(x)$  - zostały wcześniej zdefiniowane,

$s$  - jest stałą skalującą wpływ wartości funkcji  $f_3(x)$  na końcową ocenę chromosomu (dokładniej jest to omówione poniżej),

$f_3(x)$  - jest zdefiniowana następująco:

$$f_3(x) = - \sum_{i=1}^{|E|} \sum_{u \in U_i} \sum_{j=1}^R r_j(u)$$

gdzie:  $|E|$  - liczebność zbioru  $E$ ,

$U_i$  - jest zbiorem połączeń  $i$ -tego węzła, przy czym  $U_i \subset U$ ,

$R$  - jest liczbą restrykcji nałożonych na każde połączenie,

$r_j(u)$  - jest  $j$ -tą funkcją kosztu połączenia (łuku)  $u$ .

W przypadku, gdy każdemu połączeniu zostanie przyporządkowany wektor kosztów, wartość reprezentowana przez funkcję  $r_j(u)$  będzie tożsama z  $j$ -tym elementem wektora kosztów tego połączenia.

Funkcja  $f_3(x)$  dla każdego wierzchołka badanej SOD sumuje częściowe koszty (funkcja  $r_j(u)$ ) wszystkich połączeń wyjściowych tego wierzchołka (zbiór  $U_i$ ). Otrzymana wartość jest następnie skalowana i odejmowana od końcowej oceny przystosowania analizowanego chromosomu. Skalowanie wartości funkcji  $f_3(x)$  jest niezbędne, gdyż pełni rolę zabezpieczenia przed sytuacją, w której zbyt wysokie koszty połączeń uniemożliwiają wyznaczenie SOD o odpowiednich własnościach. Ze względu na to, iż koszty połączeń mimo skalowania mogą okazać się większe niż wartość przystosowania osobników, należy spodziewać się, że średnie przystosowanie populacji będzie mniejsze od zera. Sytuacja ta nie ma wpływu na poprawność działania stosowanego algorytmu adaptacyjnego.

Dla sposobu drugiego wyznaczającego ekonomiczną SOD składowa  $f_3(x)$  będzie miała postać:

$$f_3(x) = - \sum_{i=1}^{|E|} \sum_{u \in U_i} r(u)$$

gdzie  $r(u)$  jest uogólnioną funkcją połączenia  $u$ .

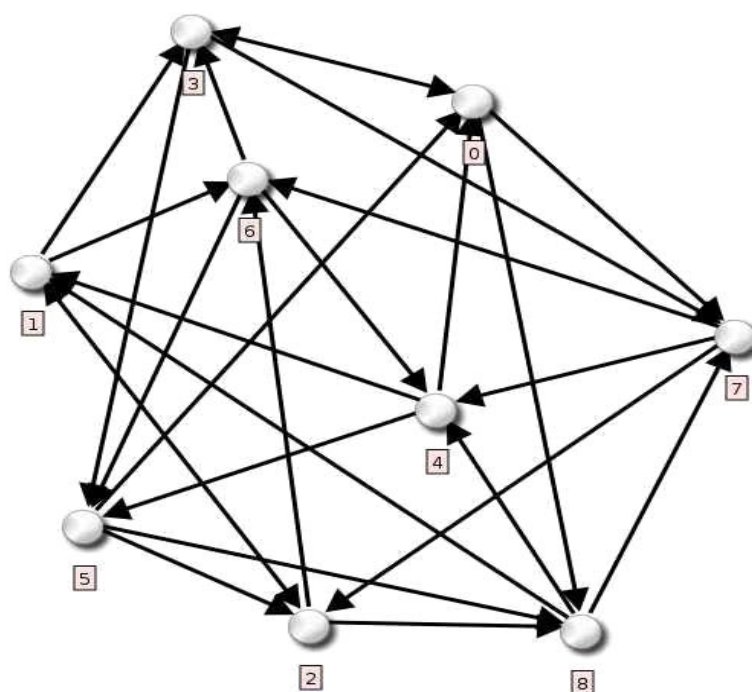
## 7. Generowanie struktur opiniowania diagnostycznego

Algorytm genetyczny wykorzystujący opisaną w artykule (punkt 6) funkcję przystosowania do generowania optymalnych *m-diagnozowalnych* struktur opiniowania diagnostycznego został zaimplementowany w językach programowania Perl i C. Dzięki możliwie ogólnemu, tj. wywodzącemu się z definicji, opisaniu zasad wartościowania poszczególnych SOD wydaje się być elastycznym narzędziem stanowiącym wsparcie dla tradycyjnych metod poszukiwań. Poniżej został przedstawiony efekt działania zaimplementowanej aplikacji dla 3-diagnozowalnej struktury 9 rzędu (tabela 3, rys. 4).

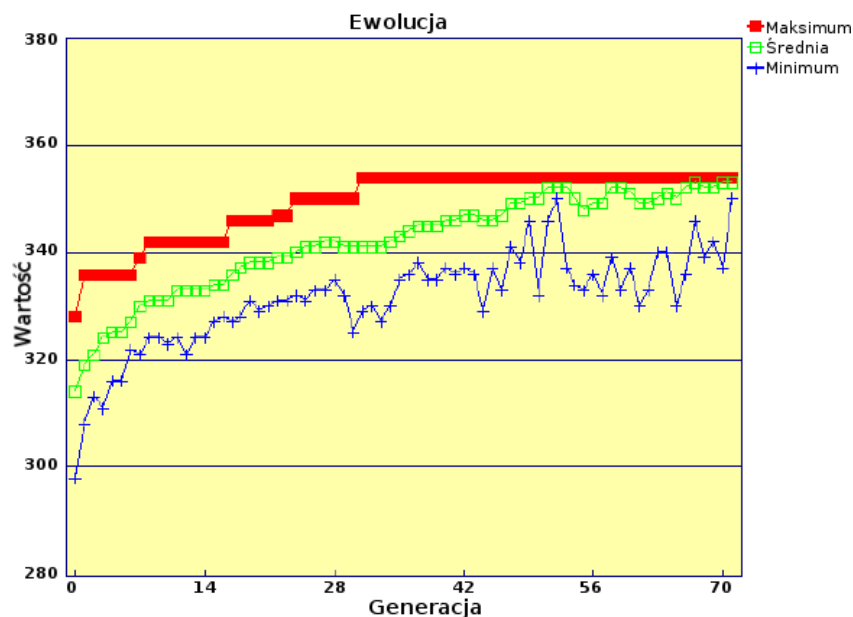
Wykres 5 przedstawia postęp przystosowania populacji reprezentującej SOD do postawionych kryteriów dla 75 generacji. Zobrazowane zostały wyniki uzyskiwane przez najsłabiej przystosowane osobniki, wyniki średnie populacji oraz wyniki osiągnięte przez najlepiej przystosowane chromosomy. Warto zaznaczyć, iż prawidłowe rozwiązanie zostało odnalezione przez najwyżej oceniane osobniki już w 30-35 generacji.

Tab. 3. Macierz sąsiedztwa digrafu odpowiadającego wyznaczonej SOD

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0	0	0	1	0	0	0	1	1
2	0	0	1	1	0	0	1	0	0
3	0	1	0	0	0	0	1	0	1
4	1	0	0	0	0	1	0	1	0
5	1	1	0	0	0	1	0	0	0
6	1	0	1	0	0	0	0	0	1
7	0	0	0	1	1	1	0	0	0
8	0	0	1	0	1	0	1	0	0
9	0	1	0	0	1	0	0	1	0



Rys. 4. Przykład 3-diagnostowalnej struktury 9 rzędu wyznaczonej zaproponowanym w artykule algorytmem



Rys. 5. Postęp przystosowania populacji reprezentującej SOD

## 8. Podsumowanie

Przedstawiony w artykule heurystyczny algorytm generowania ekonomicznych *m-diagnozowalnych* SOD stanowi ciekawą alternatywę (i uzupełnienie) dla metod tradycyjnych cechujących się stosunkowo dużą złożonością obliczeniową. Zastosowanie wektorowego zapisu zmodyfikowanej macierzy sąsiedztwa jako podstawowego sposobu opisu struktur diagnostycznych umożliwia pełne wykorzystanie możliwości jednostek obliczeniowych (podstawowe operacje wykonywane są na ciągach bitowych). Dodatkowo stosunkowo elastyczny opis funkcji celu oceniającej przystosowanie odnalezionych rozwiązań do postawionych wymagań sprawia, iż zaproponowana metoda znajduje zastosowanie przy wyznaczaniu struktur o dodatkowych restrykcjach, np. ekonomicznych. Należy jednak pamiętać, że ze względu na sposób działania algorytmu (wyznaczanie jednego rozwiązania/struktury zamiast całego zbioru dopuszczalnych rozwiązań) w wielu przypadkach nie znajdzie on zastosowania pomimo relatywnie dobrych parametrów działania. Problemem może być fakt, że opisana metoda wyznacza jedno rozwiązanie zamiast całego zbioru SOD spełniających zadane kryteria oraz nie dostarcza informacji o liczebności zbioru dopuszczalnych rozwiązań.

## **Literatura**

- [1] KULESZA R., *Problemy przeliczania optymalnych struktur opiniowania diagnostycznego*, Biuletyn IAIr, nr 20/2004.
- [2] KULESZA R., *Niektóre własności 1-diagnozowalnych struktur typu PMC*, Biuletyn IAIr, nr 18/2003.
- [3] ZIELIŃSKI Z., *Komputerowo wspomagane wyznaczanie najtańszych 2-diagnozowalnych struktur typu PMC*, Biuletyn IAIr, nr 23/2006.
- [4] ARCIUCH A., *Wyznaczanie 3-optymalnych struktur opiniowania diagnostycznego typu PMC*, Biuletyn IAIr, nr 22/2005.
- [5] ARCIUCH A., *Algorytm wyznaczania krotności diagnostycznej struktury opiniowania diagnostycznego PMC*, Biuletyn IAIr, nr 18/2003.
- [6] KULESZA R., *Podstawy diagnostyki sieci logicznych i komputerowych*, Instytut Automatyki i Robotyki WAT, Warszawa 2000.
- [7] GOLDBERG DAVID E., *Algorytmy genetyczne i ich zastosowania*, wydanie I, Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa 2003.
- [8] PREPARATA F. P., METZE G., CHIEN R. T., *On the Connection Assignment Problem of Diagnosable Systems*, IEEE Trans. Comput. 6, 1967.
- [9] HAKIMI S. L., AMIN A. T., *Characterisation of Connection Assignment Problem of Diagnosable Systems*, IEEE Trans. Comput. 1, 1974.

## **An adaptive method of determining m-diagnosable diagnosis structures under the PMC model**

ABSTRACT: In the paper the problem of determining m-diagnosable diagnosis structures under the PMC model was investigated. On the base of same selected properties of m-diagnosable diagnosis structures a new (genetic) algorithm for computer generating such structures with a good time complexity was proposed.

KEYWORDS: m-diagnosable diagnosis structures, determining structures, adaptive method, genetic algorithm, PMC

*Praca naukowa finansowana ze środków na naukę w latach 2008-2011 jako projekt badawczy Nr O N514051135.*

*Praca wpłynęła do redakcji: 03.12.2008 r.*