

# Nowe ujęcie wybranych zagadnień optymalizacji

Ireneusz Gościński

BIST-PAT•BIST-PATtern generator•BIST-PST•BIST-Parallel-Self-Test•BIST  
AFSM•Autonomous Finite State Machine•ATS•Autonomous Test System•BILBO•Built-In  
MR•Memory Register•PRS•Pure Random Search•PSO•Particle Swarm Optimization•RCGA•Real-Coding Genetic Algorithm•SEA•Sim  
Continuous Genetic Algorithm•CHA•Continuous Hybrid Algorithm•CSTP•Circular Self Test Path•CTSS•Continuous Taboo Simplex  
st•BIST-RTD•BIST-Random-Test-Data•BIST-STUMPS•Self-Test Using MISR and Parallel SRSG•CA•Cellular Automata•CBILBO•Con  
er•MA•Mode Analysis•MIShR•Multi Input Shift Register•MISR•Multi Input Signature Register•MISR MR•MISR based Memory R  
achine•ATS•Autonomous Test System•BILBO•Built-In Logic Block Observer•BIST•Built  
•ISCAS'85•Combinational Benchmark Circuits•CUT•Circuit Under Test•DC•Den  
Continuous Taboo Simplex Search•CUT•Circuit Under Test•DC•Den  
•CGA•Continuous Genetic Algorithm•CHA•Continuous Hybr  
lf-Test Using MISR and Parallel SRSG•CA•Cellular Auto  
T•PST•BIST-Parallel-Self-Test•BIST-RTD•BIST-R  
•Built in Self-Test•BIST-DFF•State Registers•B  
•Single-Input Signatu



WYDAWNICTWO  
UNIWERSYTETU ŚLĄSKIEGO  
KATOWICE 2014

# Nowe ujęcie wybranych zagadnień optymalizacji

*Gdy uruchamiamy sztuczny proces ewolucyjny, stawiamy się w roli stwórcy i to my określamy reguły symulacji, co przypomina ustawianie fizyki świata. Możemy chcieć zwrócić szczególną uwagę na konkretne mechanizmy naturalnej ewolucji albo rozważać elementy nie występujące w systemach biologicznych (np. kojarzenie więcej niż dwóch rodziców). Możemy nawet odejść zupełnie od praw natury ...*

Zbigniew Michalewicz, David B. Fogel:  
*Jak to rozwiązać czyli nowoczesna heurystyka*  
Warszawa: WNT, 2006, s. 188



NR 3204

Ireneusz Gościński

Nowe ujęcie  
wybranych zagadnień  
optymalizacji

Redaktor serii: Informatyka i Inżynieria Biomedyczna  
Piotr Porwik  
Recenzent: Sławomir Wierzchoń

Redaktor  
Justyna Szmyt

Projekt okładki  
Hanna Gościńskiak

Redaktor techniczny  
Małgorzata Pleśniar

Korekta  
Justyna Szmyt

Łamanie  
Ireneusz Gościńskiak

Copyright © 2014  
by Wydawnictwo Uniwersytetu Śląskiego  
Wszelkie prawa zastrzeżone

**ISSN 0208-6336**  
**ISBN 978-83-8012-046-4**  
(wersja drukowana)  
**ISBN 978-83-8012-047-1**  
(wersja elektroniczna)

Wydawca  
**Wydawnictwo Uniwersytetu Śląskiego**  
**ul. Bankowa 12B, 40-007 Katowice**  
[www.wydawnictwo.us.edu.pl](http://www.wydawnictwo.us.edu.pl)  
[e-mail: wydawus@us.edu.pl](mailto:wydawus@us.edu.pl)

---

Wydanie I. Ark. druk. 11,25 Ark. wyd. 13,5 Papier  
offset. kl. III, 90 g Cena 28 zł (+VAT)

---

Druk i oprawa: „TOTEM.COM.PL Sp.z o.o.” Sp.K.  
ul. Jacewska 89  
88-100 Inowrocław

# Spis treści

Ważniejsze symbole . . . . .	7
Ważniejsze oznaczenia w języku angielskim . . . . .	10
Wstęp . . . . .	12
<b>Rozdział 1. Algorytmy optymalizacji – wybrane zagadnienia . . . .</b>	<b>16</b>
1.1. Algorytmy stochastyczne . . . . .	20
1.2. Algorytmy genetyczne . . . . .	23
1.3. Algorytm immunologiczny . . . . .	25
1.4. Algorytm PSO . . . . .	26
1.5. Programowanie genetyczne . . . . .	29
1.6. Uwagi dotyczące działania algorytmów . . . . .	30
<b>Rozdział 2. Algorytm „eyetracking” . . . . .</b>	<b>32</b>
2.1. Opis działania algorytmu „eyetracking” . . . . .	32
2.2. Baza teoretyczna działania algorytmu . . . . .	34
2.3. Środowisko testowe . . . . .	36
2.4. Grupowy system immunologiczny implementujący autoimmunizację .	38
2.4.1. Zachowanie algorytmu immunologicznego . . . . .	43
2.4.2. Analiza fraktalna i multifraktalna pracy algorytmu immunologicznego . . . . .	50
2.5. Algorytm S-PSO osaczania – „beset game” . . . . .	55
2.6. Analiza działania algorytmów w stacjonarnych środowiskach testowych	59
2.7. Analiza działania algorytmów w niestacjonarnym środowisku testowym Moving Peaks Benchmark . . . . .	69
2.8. Analiza działania algorytmów w niestacjonarnym środowisku testowym Generalized Dynamic Benchmark Generator . . . . .	73
2.9. Uogólnione wnioski . . . . .	81
<b>Rozdział 3. Rejestry ze sprzężeniem zwrotnym jako element     architektury BIST . . . . .</b>	<b>82</b>
3.1. Architektura wbudowanego testowania . . . . .	84
3.2. Rejestr ze sprzężeniem zwrotnym . . . . .	89
3.3. Przestrzeń rozwiązań . . . . .	92
3.4. Ocena skuteczności testowania . . . . .	93
3.5. Optymalizacja struktury rejestru do celów diagnostycznych . . . . .	95
<b>Rozdział 4. Zwiększanie skuteczności diagnostycznej . . . . .</b>	<b>99</b>
4.1. Koncepcja struktury diagnostycznej . . . . .	102
4.1.1. Moduł z elementami struktury diagnostycznej . . . . .	102

4.1.2.	Sprzętowa realizacja struktury modyfikacji liniowej . . . . .	103
4.1.3.	Układy z modułami połączonymi ścieżką brzegową . . . . .	105
4.1.4.	Wpływ sprzężeń liniowych w poszczególnych grupach na skuteczność diagnostyczną . . . . .	105
4.1.5.	Układy z modułem centralnym . . . . .	115
4.2.	Uwagi dotyczące stosowania algorytmu genetycznego w optymalizacji struktury BIST . . . . .	124
4.3.	Narzędzie do modelowania i optymalizacji struktur BIST . . . . .	125
4.3.1.	Etapy procesu optymalizacji struktury diagnostycznej . . . . .	125
4.3.2.	Plik konfiguracyjny . . . . .	127
4.3.3.	Moduły . . . . .	130
<b>Rozdział 5. Podsumowanie . . . . .</b>		<b>133</b>
<b>Dodatek A. Wielowartościowe łańcuchy funkcyjne . . . . .</b>		<b>136</b>
A.1.	Składnia wielowartościowego łańcucha funkcyjnego . . . . .	136
A.2.	Operatory genetyczne na łańcuchach funkcyjnych . . . . .	138
A.3.	Opis funkcji układu . . . . .	140
A.4.	Przykładowe funkcje . . . . .	141
<b>Dodatek B. Analizy fraktalna i mutifraktalna . . . . .</b>		<b>144</b>
B.1.	Analiza fraktalna . . . . .	145
B.2.	Analiza multifraktalna . . . . .	147
<b>Dodatek C. Środowisko testowe – Moving Peaks Benchmark . . . . .</b>		<b>152</b>
<b>Dodatek D. Środowisko testowe – Generalized Dynamic Benchmark Generator . . . . .</b>		<b>155</b>
<b>Dodatek E. Stacjonarne środowiska testowe . . . . .</b>		<b>158</b>
<b>Bibliografia . . . . .</b>		<b>165</b>
Summary . . . . .		178
Zusammenfassung . . . . .		179

## Ważniejsze symbole

$A(\varepsilon)$	– pokrycie
$Ab = [ab_1, \dots, ab_n]$	– wektor opisujący przeciwiało
$Ag = [ag_1, \dots, ag_n]$	– wektor opisujący antygen
$D_f$	– wymiar fraktalny (indeks Hausdorffa)
$D_I$	– informacyjny wymiar fraktalny
$D_{M-B}$	– wymiar fraktalny Minkowskiego-Bouliganda
$D_q$	– uogólniony wymiar fraktalny
$E_i = [e_{i1}, e_{i2}, \dots, e_{id}]$	– wektor opisujący drapieznika
$F, f$	– funkcja celu, kryterium
$f(\alpha)$	– widmo osobliwości (spektrum multifrak- talne)
$f_i(X(t))$	– stan $i$ -tego wyjścia układu sprzężenia zwrot- nego dla wektora $X$ w chwili $t$
$F(X(t)) = [f_0(X(t)),$ $f_1(X(t)), \dots, f_{n-1}(X(t))]$	– wektor funkcji
$g$	– osobnik, genom, element przestrzeni prze- szukiwania $\mathbb{G}$
$H(\mathfrak{U})$	– entropia zmiennej losowej $\mathfrak{U}$
$I$	– macierz mapowania wejść
$Map$	– mapowanie genotyp – fenotyp
$N(l)$	– liczba segmentów o skali $l$
$N_I$	– wektor negacji wejść
$N_O$	– wektor negacji wyjść
$O$	– macierz mapowania wyjść
$Op$	– operacja przeszukiwania
$p(\mathbf{u})$	– funkcja prawdopodobieństwa zmiennej loso- wej $\mathfrak{U}$



$S$	– zbiór przestrzeni euklidesowej
$T$	– macierz połączeń
$U = [u_0, u_1, \dots, u_n]$	– wektor wejściowy
$v$	– funkcja przystosowania $v : \mathbb{X} \rightarrow \mathbb{V}$
$v(t)$	– prędkość
$v'(t)$	– przyspieszenie (zmiana prędkości w jednostce czasu)
$V_i^E = [v_{i1}^E, v_{i2}^E, \dots, v_{id}^E]$	– wektor prędkości drapieźników
$V_i^Z$	– wektor prędkości zdobyczy
$X = [x_0, x_1, \dots, x_n]$	– wektor stanu rejestru
$\hat{x}$	– ekstremum lokalne
$x^*$	– rozwiązanie, element zbioru rozwiązań $X^*$
$X^*$	– zbiór rozwiązań
$Y$	– przeciwdziedzina
$Z_i = [z_{i1}, z_{i2}, \dots, z_{id}]$	– wektor opisujący zdobycz
$Z_q$	– funkcja podziału ( $q$ -ty moment)
$\alpha$	– wskaźnik osobliwości (wykładnik Höldera)
$\alpha_{max}$	– miejsce zerowe funkcji widma multifraktałnego
$\alpha_{min}$	– miejsce zerowe funkcji widma multifraktałnego
$\alpha_s$	– przedziałowy wykładnik Höldera
$\varepsilon$	– współczynnik skali
$\mu(B)$	– probabilistyczna miara określona jako prawdopodobieństwo wystąpienia obiektu w pudełku $B_i(l)$ , miara multifraktałna (przeskalowana miara multifraktałna)
$\Theta = [\vartheta_1, \vartheta_2, \dots, \vartheta_n]$	– wektor losowy
$\Xi$	– obszar tolerancji
$\delta_{\mathfrak{B}}(f)$	– dylatacja obiektu $f$
$\varepsilon_{\mathfrak{B}}(f)$	– erozja obiektu $f$
$\tau(q)$	– funkcja skalująca
$\Psi$	– strumień błędów
$\Omega$	– przestrzeń rozwiązań
$\mathfrak{B}$	– elementy strukturalne (sonda)

---

$\mathcal{D}$	–	dziedzina
$f, g$	–	obiekt przekształceń morfologicznych
$\mathfrak{M}$	–	macierz próby
$\mathfrak{N}(l)$	–	liczba segmentów o skali $l$
$\mathcal{G}$	–	przestrzeń przeszukiwania
$\mathbb{R}$	–	zbiór liczb rzeczywistych
$\mathcal{S}$	–	przestrzeń rozwiązań
$\mathbb{X}$	–	dziedzina, przestrzeń problemu
$\oplus$	–	suma modulo 2

## Ważniejsze oznaczenia w języku angielskim

AFSM	– Autonomous Finite State Machine
ATS	– Autonomous Test System
BILBO	– Built-In Logic Block Observer
BIST	– Built In Self-Test
BIST-DFD	– State Registers
BIST-PAT	– BIST-PATtern generator
BIST-PST	– BIST-Parallel-Self-Test
BIST-RTD	– BIST-Random-Test-Data
BIST-STUMPS	– Self-Test Using MISR and Parallel SRSG
CA	– Cellular Automata
CBILBO	– Concurrent BILBO
CGA	– Continuous Genetic Algorithm
CHA	– Continuous Hybrid Algorithm
CSTP	– Circular Self Test Path
CTSS	– Continuous Taboo Simplex Search
CUT	– Circuit Under Test
DC	– Density Clustering
DFT	– Design For Testability
ECTS	– Enhanced Continuous Taboo Search
GMO	– Genetically Modified Organisms
ICARIS	– International Conference on Artificial Im- mune Systems
IEEE	– Institute of Electrical and Electronics Engi- neers
IRM	– Immune Requirement Mechanism

---

ISCAS	– International Symposium on Circuits and Systems
ISCAS'85	– Combinational Benchmark Circuits
ISCAS'89	– Sequential Benchmark Circuits
LFSR	– Linear Feedback Shift Register
MA	– Mode Analysis
MIShR	– Multi Input Shift Register
MISR	– Multi Input Signature Register
MISR MR	– MISR based Memory Register
MLSL	– Multi Level Single Linkage
MR	– Memory Register
PRS	– Pure Random Search
PSO	– Particle Swarm Optimization
RCGA	– Real-Coding Genetic Algorithm
SEA	– Simplex and Evolution Algorithm
SEREG	– SErial REGister
SISR	– Single-Input Signature Register
S-IMM	– Semi Immune Algorithm
SP	– Scan Path
S-PSO	– Semi Particle Swarm Optimization
STP	– Self Test Path
TGO	– Topographical Global Optimization
TMSL	– Topographical Multilevel Single Linkage
TPS	– Test-Per-Scan

# Wstęp

Obserwacje systemów organizmów żywych stają się inspiracją do tworzenia nowoczesnych technik obliczeniowych. Motto rozprawy zaczerpnięte z książki Z. Michalewicza i D.B. Fogela „Jak to rozwiązać czyli nowoczesna heurystyka” kryje w sobie bardzo ważną konkluzję – tworzenie systemu jako metafory czy też zbioru metafor funkcjonowania organizmów żywych znosi związane z tym ograniczenia. Jednocześnie na taki system zostają narzucone znacznie większe ograniczenia związane z ich implementacją. Z twierdzenia NFL [223] (*No Free Lunch Theorem*) wynika, że nie istnieje uniwersalny algorytm optymalizacyjny dla wszystkich klas zadań. Jest to konsekwencja zależności pomiędzy zachowaniem algorytmu a rozwiązywanym problemem. Stanowi to natomiast inspirację do kreowania nowych rozwiązań, prowadzenia badań nad zachowaniem algorytmu i jego przydatnością do rozwiązywania zadań określonej klasy. W większości przypadków prowadzi to do próby zwiększenia efektywności procesu obliczeniowego poprzez modyfikację istniejących algorytmów.

Szczególnie interesującą grupę stanowią algorytmy implementujące koewolucję w środowiskach przyrodniczych, gdyż do nich nie stosuje się twierdzenie NFL. Algorytmy ewolucyjne od algorytmów stochastycznych odróżnia bardzo efektywny, adaptacyjny mechanizm przeszukiwania przestrzeni rozwiązań. Przez to w procesie optymalizacji algorytmy stochastyczne wymagają przeprowadzenia większej liczby iteracji, natomiast są one mniej wrażliwe na zatrzymanie procesu optymalizacyjnego w lokalnym optimum. O przydatności algorytmu decydować więc będą reguły dobrze opracowane dla algorytmów stochastycznych, a określenie ich metafor – czyli *de facto* tworzenie zupełnie nowych algorytmów – wcale nie jest rzeczą trywialną. Nowego algorytmu należy więc poszukiwać w grupie algorytmów implementujących koewolucję w środowiskach przyrodniczych i bazującego na regułach opracowanych dla algorytmów stochastycznych. Na uwagę zasługuje również zmysł wzroku. Wzrok, przebiegając po obrazie, koncentruje się na jego szczegółach i buduje całe wyobrażenie o nim. Przypomina to fazy eksploracyjną i eksploatacyjną algorytmu optymalizacyjnego. Można przy tym odnieść wrażenie, że jego działanie jest optymalne.

Nietypowe spojrzenie na algorytm optymalizacyjny pozwoliło na stworzenie nowego algorytmu, a prace nad jego rozwojem – na umieszczenie jego

metafor w grupie sztucznego życia. Powstałe w ten sposób algorytmy są dalej efektywnymi algorytmami optymalizacji, a proponowane podejście wprowadza w ich działanie nowe właściwości.

Zatem oryginalnym dorobkiem pracy jest: przedstawienie nowego algorytmu obserwacji – „eyetracking” oraz jego metafor w grupie algorytmów immunologicznych i algorytmów optymalizacji rojem cząstek; wykazanie nowych właściwości tych algorytmów: zachowania przypominającego mechanizm obserwacji, mechanizmu koewolucji – determinującego zachowanie algorytmu i niezależnego od wpływu środowiska. Algorytm cechuje niski koszt pracy. Realizacja postawionych założeń narzuciła konieczność opracowania efektywnego mechanizmu mutacji dla algorytmu immunologicznego. W odniesieniu do algorytmu optymalizacji rojem cząstek zdefiniowano funkcje scenariuszy zachowań. Zaproponowano grupę systemów immunologicznych będącą odpowiednikiem systemu wielopopulacyjnego oraz zdefiniowano metody wymiany informacji pomiędzy systemami w grupie. Przedstawiono umocowanie teoretyczne działania algorytmów, a także poparto to badaniami symulacyjnymi. W badaniach zastosowano analizy fraktalną i multifraktalną, wykazując ich przydatność w badaniach nad zachowaniem algorytmów.

W rozwiązywaniu złożonych zadań optymalizacyjnych algorytmy ewolucyjne zajmują wiodącą pozycję. Optymalizacja struktury diagnostycznej układu cyfrowego jest zagadnieniem wielokryterialnym i stanowi swego rodzaju wyzwanie.

W powszechnym użytku znajduje się coraz więcej urządzeń elektronicznych, zwłaszcza takich, które w swojej budowie zawierają elementy systemów cyfrowych. Diagnostyka jest tak ważnym elementem w procesie produkcji i eksploatacji, że opłacalne staje się wprowadzenie znacznego nadmiaru układowego do wnętrza obwodu scalonego, celem ułatwienia procesu testowania. Wprowadzenie struktur diagnostycznych do wnętrza układu jest niewątpliwie efektem ich ewolucji. Przyjęty w 1990 roku standard IEEE 1149.1 pozwala na uproszczenie procesu testowania układów i urządzeń w nie wyposażonych. Ciągłe rozwijaniem zagadnieniem jest tak zwana diagnostyka wbudowana BIST (*Built in Self-Test*). W ostatnich latach zaproponowano dziesiątki różnych rozwiązań struktur BIST, a w szczególności ATS (*Autonomous Test System*). Struktura ATS stanowi rodzaj rejestru, w którym sprzężenie zwrotne realizowane jest przez testowany (kombinacyjny lub sekwencyjny) układ cyfrowy CUT (*Circuit Under Test*), a także elementy struktury diagnostycznej.

W większości przypadków struktury diagnostyczne bazują na rejestrach z liniowym sprzężeniem zwrotnym. Szczególnie przydatne są rejestry, których sprzężenie zwrotne realizuje wielomian pierwotny. Ta grupa rejestrów i ich właściwości oraz przydatność w diagnostyce są bardzo dobrze zbadane. Duże zainteresowanie budzi stosowanie rejestrów z nieliniowym sprzężeniem zwrotnym, pozwalające na zmniejszenie nadmiaru układowego testera. W większości przypadków struktury diagnostyczne budowane są z typowych bloków

o sztywnej architekturze i dobrze przebadanych właściwościach. Rejestry stosowane w diagnostyce jako generatory testów muszą wytwarzać sekwencję stanów o ściśle określonych cechach. Jest to związane z długością sekwencji testującej i wytworzonymi w niej stanami. Natomiast w przypadku kompaktacji odpowiedzi testowej istotne jest uzyskanie najdłuższego cyklu.

Większość wytwarzanych obecnie układów to układy wielomodułowe, których moduły mogą być testowane niezależnie. Zatem niewiele prac odnosi się do budowy i optymalizacji struktur diagnostycznych w układach wielomodułowych. Kompleksowe podejście do diagnostyki układu wielomodułowego może prowadzić do nowych rozwiązań, również w zakresie diagnostyki pojedynczego modułu. Tak więc nowych rozwiązań struktur diagnostycznych należy poszukiwać dla układów wielomodułowych, zakładając niewielki nadmiar układowy i elastyczność architektury.

Rozprawa prezentuje nowe ujęcie problemu architektury struktury diagnostycznej oraz jej optymalizacji, która bazuje na nietypowym podejściu do tego zagadnienia oraz wskazuje jej podstawę teoretyczną. Oryginalnym dorobkiem pracy w tym zakresie jest: propozycja architektury wbudowanego testowania, bazującej na tak zwanej modyfikacji liniowej, wprowadzenie opisu struktury diagnostycznej, określenie podstaw teoretycznych tej koncepcji, potwierdzenie sformułowanych podstaw teoretycznych, a jednocześnie weryfikacja skuteczności diagnostycznej proponowanych rozwiązań metodami symulacyjnymi, opartymi na modelowaniu z wykorzystaniem układów testowych ISCAS'89 [42], wykazanie stałych cech modułów podczas testowania, przedstawienie formalnego zapisu dowolnej struktury diagnostycznej wraz z opisem ram optymalizacji oraz koncepcji narzędzia symulacyjnego wykorzystywanego w prowadzonych badaniach – przedstawiono również oryginalne wykorzystanie algorytmu genetycznego, uzyskując wysoką efektywność optymalizacji. Ta część publikacji przedstawia kompletny system opisu dowolnej struktury diagnostycznej wraz z metodą jej optymalizacji. Rozwiązania te otwierają drogę do dalszych badań, jednak ich prowadzenie jest poważnie ograniczone możliwościami obliczeniowymi sprzętu komputerowego.

Stosowanym narzędziem optymalizacyjnym, a zarazem badawczym dla proponowanej struktury diagnostycznej stał się algorytm genetyczny. Jego działanie i stosowanie są nie tylko łatwe, ale i efektywne. Mimo to, właśnie te badania zrodziły potrzebę poszukiwania nowych algorytmów optymalizacji, mając na uwadze rodzące się koncepcje badań. Jednakże przeprowadzone eksperymenty wykazały duże podobieństwo uzyskanych wyników. Pod względem merytorycznym tę część opracowania można uznać za zamkniętą, natomiast samo narzędzie może być rozwijane w kierunku aplikacji komercyjnej lub może stanowić inspirację do sformalizowania opisu innych zagadnień optymalizacji w narzędziach badawczych lub komercyjnych. Rezygnacja z próby bezwarunkowego dostosowania opracowywanych algorytmów do optymalizacji struktur

---

diagnostycznych pozwoliła na uzyskanie znacznie ciekawszych rezultatów badań właściwości tych algorytmów.

Zatem w pracy wyodrębniają się dwie części, które mimo wspólnej bazy w postaci algorytmów ewolucyjnych, prezentują odrębne i zamknięte tematycznie problemy.



Ireneusz Gościński

## **A new approach to selected optimization problems**

### Summary

In solving complex optimization tasks evolutionary algorithms have a leading position. Unusual look at the optimization algorithms presented in the thesis, led to the creation of the new algorithm and work on its development to put its metaphors in a group of artificial life. The resulting algorithms are still the effective optimization algorithms and the proposed approach introduces new properties in their operation. The study presents a new algorithm of observation - as the base algorithm and its metaphors placed in a group of immune algorithm and particle swarm optimization algorithms. Research on the mechanics of these algorithms demonstrated new properties, i.e.: behavior resembling observation, and co-evolution mechanism determines the behavior of independence on influences of the environment. Implementation of the assumptions imposed the need to develop effective mechanism of mutation for immune algorithm. The functions of behavior scenarios were defined for the particle swarm optimization algorithm. A group of immune systems is proposed which is an equivalent to the multi-population system and methods of information exchange between systems in the group are defined. The thesis presents a theoretical background of algorithms' operation and a simulation study. To check the efficiency of the algorithms the typical test environment for stationary and non-stationary problems were applied. In the study, fractal and multifractal analysis was used and its usefulness was demonstrated in research on behavior of algorithms. Optimization of diagnostic structure of digital circuit is an issue of multimodal optimization and is a particular kind of challenge. A comprehensive approach to test multi-module circuit may lead to new solutions, also in terms of a single module testing. Such concepts are included in this study, basing on an untypical approach to testing multi-module circuit, the conclusion has a strong theoretical base. The original achievements in this dissertation are as follows: a proposal of BIST architecture based on the so-called linear modification, the introduction of the diagnostic structure description, and determination of the theoretical basis of this concept, confirmation of the formulated theoretical basement and simultaneously the verification of the diagnostic efficiency of the proposed solutions by means of simulation methods basing on modeling with using ISCAS'89 benchmark, the demonstration of permanent features of modules during testing, the presentation of a formal description of any diagnostic structure with a description of the optimization framework and the concept of simulation tools used in the current research. Simultaneously, the study shows the original use of a genetic algorithm to give a high efficiency optimization. This part of the study presents a complete system of description of any diagnostic structure with the optimization method. The solutions presented in the dissertation open the way for the further research. This dissertation is composed of two parts, despite of the common basis in a form of evolutionary algorithms, they are present different and closed thematically issues.

Keywords: optimization, multi-criteria optimization, multimodal optimization, evolutionary algorithms, genetic algorithms, immune algorithms, particle swarm optimization algorithms, a group of immune system, the algorithm of observation, exchange of genetic material, fractal analysis, multifractal analysis, beset game algorithm, immune algorithm with auto-aggression, stationary problems, non-stationary problems, BIST structure, BIST structure optimization, BIST structure description, multi-modular circuit BIST.

Ireneusz Gościński

## Ein neuer Ansatz zur ausgewählten Optimierungsprobleme

### Zusammenfassung

Bei der Lösung komplexer Optimierungsaufgaben nehmen die evolutionären Algorithmen eine führende Position ein. Der ungewöhnliche Blickwinkel auf die Optimierungsalgorithmen in der vorgestellten Arbeit führte zur Gründung eines neuen Algorithmus und die Arbeit auf seine Entwicklung - seine Metaphern in einer Gruppe von künstlichen Lebens zu stellen. Die daraus resultierenden Algorithmen sind immer noch die effektive Optimierungsalgorithmen und der vorgeschlagene Ansatz stellt neue Eigenschaften in ihren Betrieb vor. Die Studie stellt einen neuen Algorithmus der Beobachtung vor - als Basis-Algorithmus und seine Metaphern gelegt in einer Gruppe von Immunalgorithmus und Algorithmen der Partikelschwarmoptimierung. Forschung auf die Mechanik dieser Algorithmen demonstriert neue Eigenschaften, dh: Verhalten ähnelt Beobachtung und Co-Evolution Mechanismus bestimmt das Verhalten der Unabhängigkeit auf Einflüsse der Umwelt. Die Umsetzung der Annahmen verhängte die Notwendigkeit zur Entwicklung des effizienten Mechanismus der Mutation für den Immunalgorithmus. Für den Algorithmus der Partikelschwarmoptimierung wurden die Funktionen der Verhaltensszenarien definiert. Es ist eine Gruppe von Immunsystemen vorgeschlagen, welche ein äquivalent zu dem Multi-Population System ist und es wurde eine Methode von Informationsaustausch zwischen Systemen in der Gruppe definiert. Die Arbeit stellt einen theoretischen Hintergrund der Betrieb-Algorithmen und eine Simulationsstudie vor. Um die Effizienz der Algorithmen zu überprüfen, wurde die typische Testumgebung für stationäre und nicht-stationäre Probleme angewandt. In der Studie wurde die fraktal und multifraktalen Analyse verwendet und ihre Nützlichkeit in der Forschung auf das Verhalten von Algorithmen dargestellt. Optimierung der Diagnosestruktur der digitalen Schaltung ist eine Frage der multimodalen Optimization und ist eine besondere Art von Herausforderung. Ein umfassender Ansatz zur Testung der Multi-Modul-Schaltung kann zu neuen Lösungen führen, auch in Bezug auf ein einzelnes Modul-Tests. Diese Studie umfasst solche Konzepte, basierend auf einer untypischen Ansatz zur Prüfung Multi-Modul-Schaltung. Der Abschluss hat einen starken theoretische Grundsatz. Die ursprünglichen Leistungen in dieser Dissertation sind wie folgt: einen Vorschlag von BIST-Architektur auf der Basis der so genannten linearen Modifikation, die Einführung der Diagnosestrukturbeschreibung und Bestimmung der theoretischen Grundlagen dieses Konzepts, die Bestätigung der formulierten theoretischen Grundlage und gleichzeitig die Überprüfung der diagnostischen Effizienz der vorgeschlagenen Lösungen durch Simulationsmethoden basierend auf Modellierung mit dem ISCAS'89 Benchmark, die Demonstration der dauerhaften Merkmale der Module während der Prüfung, die Präsentation der formalen Erläuterung jeglicher Diagnosestruktur mit der Beschreibung des Optimierungsrahmens als auch das Konzept der Simulationswerkzeuge, die in der jetzigen Forschung eingesetzt werden. Gleichzeitig zeigt die Studie die ursprüngliche Verwendung eines genetischen Algorithmus, um eine hohe Wirkungsgrad-Optimierung zu geben. Dieser Teil der Studie präsentiert ein komplettes System zur Beschreibung der Diagnosestruktur mit dem Optimierungsverfahren. Diese Dissertation besteht aus zwei Teilen, die trotz der gemeinsamen Basis in Form von evolutionären Algorithmen, präsentiert unterschiedlich und thematisch geschlossene Probleme.

Schlüsselwörter: Optimierung, evolutionäre Algorithmen, genetische Algorithmen, Immun-Algorithmen, Partikel-Schwarm-Algorithmen, eine Gruppe von Immunsystems, den Algorithmus der Beobachtung, Austausch von genetischem Material, fraktale/multifraktalen Analyse, bedrängt Spiel Algorithmus, Immunalgorithmus mit Auto-Aggression, BIST Strukturoptimierung, BIST Strukturbeschreibung, multi-modulare Schaltung BIST.



MLSL•Multi Level Single  
S-PSO•Semi Par  
SP•Sca  
AFSM•Autonomous Finite State Machine  
BILBO•Built-In Logic Block Observer•BIST  
BIST-PAT•BIST-PATtern Generator•BIST  
Random-Test-Data•BIST-STUMPS•  
Automata•CBILBO•Concurrent BILBO  
CSTP•Circular Self Test Path•CTSS  
AFSM•Autonomous Finite State Machine  
LFSR•Linear Feedback Shift Register  
BIST-Parallel-Sequence

Więcej o książce



CENA 28 ZŁ  
(+ VAT)

ISSN 0208-6336  
ISBN 978-83-8012-047-1