

Синтез дискретних діагностичних тестів із застосуванням генетичних алгоритмів

Бадіміна Л.А.

Науковий керівник – к.т.н., доц. Чешун В.М.

Хмельницький національний університет

Ускладнення задач діагностики дискретних систем зумовило створення різноманітних спеціалізованих засобів з елементами інтелектуального опрацювання діагностичної інформації, серед яких можна виділити нейромережні засоби діагностування, системи на основі нечіткої логіки, експертні діагностичні системи тощо [1-3]. Зазначені засоби мають різні функціональні можливості та призначення і використовуються для вирішення різних видів завдань, що виникають в задачах технічної діагностики, але метою їх застосування завжди є підвищення ефективності діагностичних випробувань і зменшення ролі людського фактору як передумови виникнення великої кількості помилок.

Як перспективний напрямок інтелектуалізації обробки діагностичної інформації визнано застосування генетичних алгоритмів. Практика застосування генетичних алгоритмів в задачах технічної діагностики не є новою, в роботах [5-8] описуються дослідження в цьому напрямку, що проводилися ще в 90-х роках минулого сторіччя. Одним із основних застосувань генетичних алгоритмів в задачах технічної діагностики є оптимізація тестових послідовностей і алгоритмів діагностування, де генетичні алгоритми розглядаються як альтернатива таким традиційним методам оптимізації, як метод гілок та меж, метод динамічного програмування тощо [4, 8-11]. Існують також застосування генетичних алгоритмів для відсіву надлишкових тестів з тестових послідовностей [12]. Відомі роботи, де генетичні алгоритми застосовуються для підбору контрольних точок об'єкта діагностування (ОД), що використовуються для реалізації тестових випробувань, а також для дослідження і модифікації структури ОД, зокрема, із застосуванням ROBDD-графів [13].

В умовах постійного збільшення інтегральної складності дискретних електронних компонентів актуальною залишається задача синтезу якісних тестів, для розв'язування якої також може бути ефективно застосована теорія генетичних алгоритмів [9].

Генетичні алгоритми відносяться до категорії процедур пошуку, які виникли як спроба копіювання природних процесів наслідування та селекції (природного відбору) як основних рушійних факторів еволюційного розвитку. Генетичні алгоритми застосовувались в різних сферах, де може бути використана теорія еволюційного розвитку і відбору, що визначалося проведенням попередніх досліджень [9, 14].

Для визначення принципів синтезу дискретних діагностичних тестів із застосуванням генетичних алгоритмів першочергово були досліджені

особливості сучасних цифрових пристроїв як об'єктів діагностування.

В результаті дослідження було визначено, що постійне збільшення функціональних можливостей і внутрішньої складності сучасних цифрових вузлів постійно загострює актуальність питання автоматизованого синтезу якісних тестів для їх діагностування, а також застосування новітніх методів вирішення цієї задачі.

Також було зроблено аналіз можливостей застосування генетичних алгоритмів для синтезу дискретних діагностичних тестів.

Було проаналізовано загальну схему дії генетичних алгоритмів, в якій можна виділити чотири основних операції, що дозволяють отримати результат, а саме : формування початкової популяції, відбір батьківських особин, схрещування і мутація. Основною операцією для отримання більш якісного рішення є схрещування, що виконується над двійковими кодами хромосом із застосуванням спеціального оператора – кросингвера.

При дослідженні можливостей генетичних алгоритмів було розглянуто особливості різних їх видів, а також застосовуваних варіантів кросингверів.

Для вирішення поставленої задачі було визначено набір параметрів математичної моделі, які відображують класичні дані задач технічної діагностики і теорії генетичних алгоритмів:

$$M = \langle L, P, T, R, C, H \rangle,$$

де

– $L: \{l_1, l_2, \dots, l_i, \dots, l_k\}$ - 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 імовірності знаходження ОД в кожному з можливих технічних станів $l_i \in L$;

– $T: \{t_1, t_2, \dots, t_i, \dots, t_m\}$ - 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 для реалізації генетичного алгоритму;

– $H: \{h_1, h_2, \dots, h_i, \dots, h_m\}$ - множина векторів рекомбінації хромосом $c_i \in C$. (це множини C, H).

Також розроблено основні оператори, необхідні для переведення діагностичних даних в дані генетичних алгоритмів і для виконання типових операцій над даними, передбачених схемою дії генетичних алгоритмів.

Оператор формування коду хромосоми $c_i \in C$ з діагностичних векторів $t_i \in T$ і $r_i \in R$:

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

Оператор оцінювання можливості схрещування особин, представлених

хромосомами $c_i \in C$ і $c_j \in C$:

$$y_{ij} = (c_i \oplus c_j) \wedge h_i \wedge h_j, \quad (2)$$

$$y_{ij} \begin{cases} = 0 & \text{схрещування хромосом } c_i \in C \text{ і } c_j \in C \text{ можливе;} \\ \neq 0 & \text{схрещування хромосом } c_i \in C \text{ і } c_j \in C \text{ неможливе.} \end{cases}$$

Оператор кросингвера (оператор схрещування хромосом $c_i \in C$ і $c_j \in C$):

$$c_{ij}^1 = c_i \vee c_j \quad (3)$$

Оператор кросингвера векторів рекомбінації $h_i \in H$ і $h_j \in H$:

$$h_{ij}^1 = h_i \vee h_j \quad (4)$$

Функція пристосованості особи з кодом хромосоми $c_j \in C$:

$$f_j = \sum_{i=1}^{|L|} q_i P(l_i) \quad (5)$$

де $|L|$ – розмірність L ; $P(l_i)$ – імовірність знаходження ОД в стані $l_i \in L$; q_i – ознака здатності тест-вектора $t_j \in T$ виявляти ознаки технічного стану $l_i \in L$ ($q_i=1$ за наявності у тест-вектора $t_j \in T$ відповідної здатності, $q_i=0$ за відсутності у тест-вектора $t_j \in T$ відповідної здатності).

Синтез дискретних діагностичних тестів із застосуванням генетичних алгоритмів базується на наступних основних принципах:

- застосований вид генетичних алгоритмів – гібридний;
- математичний апарат – математична модель M і запропоновані в ній математичні оператори перетворення діагностичних даних і їх обробки за правилами теорії генетичних алгоритмів;
- генерація двійкових слів кодів хромосом (множини C) виконується зі значень діагностичних векторів елементарних тестів і відповідних реакцій оператором математичної моделі, що реалізує відповідне перетворення діагностичних даних;
- спосіб відбору претендентів для схрещування – пропорційний, на основі ймовірнісної функції пристосованості і контрольного оператора оцінки сумісності;
- тип оператора кросингвера – рівномірний;
- спосіб формування нового покоління – нащадки схрещувань особин за результатами пропорційного відбору і елітарно відібрані особини, що не допускають схрещувань за контрольним оператором оцінки сумісності;
- основний спосіб зупинки роботи генетичного алгоритму – втрата можливості реалізації схрещувань особин в отриманому поколінні;
- додаткові (можливі) способи зупинки роботи алгоритму – обмеження на час виконання або на кількість ітерацій (генерованих поколінь).

Згідно із переліченими основними положеннями методу було розроблено алгоритм його реалізації, в якому можна виділити етап формування початкової популяції, операції схрещування, обробки отримуваних результатів і перевірки умови зупинки роботи генетичного алгоритму (третій з перевірки).

Для підтвердження ефективності розробленого методу і алгоритму його реалізації було проведено його апробацію на реальних діагностичних даних. В результаті застосування запропонованого методу було отримано скорочений набір тестів, деякі з яких набули здатність виявляти декілька несправностей, що дозволило скоротити тестову послідовність майже на 36 відсотків.

У результаті виконаного дослідження можна зробити висновки, що свідчать про досягнення поставленої мети і загальну ефективність розробленого методу.

Література

1. Сівак В.А. Методи функціональної належності компонентів діагностичних засобів, які використовують технологію нечіткої логіки / В.А. Сівак // Вісник Хмельницького національного університету. Технічні науки. – Хмельницький : 51, 2015. – № 6 (231). – С. 203-208.
2. Чорнький В.І. Алгоритми діагностування цифрових пристроїв апаратними засобами на базі штучних нейронних мереж / В.І. Чорнький, В.М. Чешун // Зб. наук. праць Військового інституту Київського НУ ім. Тараса Шевченка. – К. : ВІКНУ, 2010. – Вип. 27. – С. 154–161.
3. Рутковская Д. Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечеткие системы / Д. Рутковская, М. Пилиньский, Л. Рутковский. - М.: Горячая линия-Телеком, 2006. - 452 с.
4. Абдуллаев П. Ш. Применение генетических алгоритмов при диагностировании авиационных ГТД / П. Ш. Абдуллаев, А. Дж. Мирзоев // Авіаційно-космічна техніка і технологія. – Харків : ХАІ, 2016. – № 7(134)– С. 139-146.
5. Prinetto P. An automatic test pattern generator for larges equential circuits based on genetic algorithms / P. Prinetto, M. Rebaudengo, M. Sonza Reorda // Proc. Int. Test Conf. – 1994. – P.240–249.
6. Rudnick E.M. Sequential Circuit Test Generation in a Genetic Algorithm Framework / E.M. Rudnick, J.H. Patel, G.S. Greenstein, T.M. Niermann // Proc. Design Automation Conf. – 1994. – P.698–704.
7. Городилов А.Ю. Генетический алгоритм диагностирования цифровых устройств / А.Ю. Городилов // Вестник Пермского национального исследовательского политехнического университета. Электротехника, информационные технологии, системы управления. – Пермь: ПНИПУ, 2013. – № 7. – С. 54-62.
8. Дубровин В.И. Диагностика на основе генетических алгоритмов /

В.И. Дубровин, Е. Н. Федорченко // Радиоэлектроника, Информатика, Управление. – Запори́жжя: ЗНТУ, 2006. – № 2. – С. 115-120.

9. Попов В.А. Оптимизационные задачи на основе генетического поиска / В.А. Попов, А.В. Бердочник // Системи обробки інформації – Харків: ХУПС, 2010. – Вип. 9 (90). – С.217-220.

10. Соколова Э.С. Оптимизация коэффициента глубина поиска дефектов методом генетических алгоритмов / Э.С. Соколова, С.Н. Капранов // Контроль. Диагностика. – М. : ООО "Издательский дом "Спектр", 2004. – №4. – С. 32-39.

11. Иванов Д.Е. Генетические алгоритмы построения входных идентифицирующих последовательностей цифровых устройств. / Д.Е. Иванов – Донецк: ТОВ «Цифровая типография», 2012. – 240 с.

12. Миронов С.В. Генетические алгоритмы для сокращения диагностической информации / С.В. Миронов, Д.В. Сперанский // Автоматика и телемеханика. – М. : Академиздатцентр «Наука» РАН, 2008. – №7. – С.146-156.

13. Дмитриев Д.В. Адаптация генетических алгоритмов к решению задач назначения точек контроля в объектах с большим числом состояний / Д.В. Дмитриев, Э.С. Соколова, С.Н. Капранов // Нейрокомпьютеры, М: Издательство «Радиотехника» № 11, 2007. – С.59-64.

14. Juang C.F. A TSK-Type Recurrent Fuzzy Net-work for Dynamic Systems ceasing by Neural Network and Genetic Algorithms / C.F. Juang //IEEE Trans. on Fuzzy Systems. 2002. – Vol. 10, Issue 2. – P. 155-170.

Інтелектуальна експертна система оцінки та аналізу анкетування медичних працівників про прихильність до гігієни рук при виконанні професійних обов'язків

Баліцький В.В.

Науковий керівник – к.т.н. Чумаченко Д.І.

Національний аерокосмічний університет ім. М. Є. Жуковського
«Харківський авіаційний інститут»

Інфекції, пов'язані з наданням медичної допомоги (ІПМД), спричиняють негативні медичні та соціальні наслідки та суттєві економічні збитки для пацієнтів та систем охорони здоров'я світу. В той же час якісна гігієна рук в належний час та належним чином може зберегти життя багатьох людей. Чітке виконання правил гігієни рук рекомендується для профілактики всіх ІПМД.

Керівництво установ охорони здоров'я несе відповідальність за забезпечення профілактики і контролю випадків ІПМД і попередження передачі епідеміологічно важливих патогенів. Медичні працівники, які беруть безпосередню участь у наданні медичної допомоги пацієнтам