

Компоновка блоков ЭВА на основе двухуровневого подхода

В. В., Курейчик¹, Вл. Вл. Курейчик², Д. В. Заруба³

Южный Федеральный Университет

Ростов-на-Дону, Россия

¹vkur@sfedu.ru, ²kureichik@yandex.ru, ³daria.zaruba@gmail.com

Аннотация. В статье рассмотрена одна из ключевых задач конструкторского проектирования – задача компоновки блоков ЭВА. Задача компоновки является NP-сложной и NP-трудной. Приведена постановка задачи компоновки как разбиение графа на части. Предложена новая стратегия «биоинспирированный поиск – эволюция». На основе предложенной стратегии описана архитектура поиска, основанная на двухуровневом подходе. На первом этапе поиска предлагается использовать метод бактериальной оптимизации. На втором этапе поиска предложен генетический алгоритм, позволяющий производить эффективную перестановку и получать наборы квазиоптимальных решений за полиномиальное время. На основе данного подхода разработан двухуровневый комбинированный алгоритм. Создана программная среда и проведен вычислительный эксперимент на тестовых примерах (бенчмарках). Проведенные серии тестов и экспериментов показали перспективность применения такого подхода. В лучшем случае временная сложность алгоритмов $\approx O(n \log n)$, в худшем случае – $O(n^2)$.

Ключевые слова: конструкторское проектирование; оптимизация; задача компоновки; электронно-вычислительная аппаратура

I. ВВЕДЕНИЕ

Основой научно-технического прогресса является широкое использование электронно-вычислительной аппаратуры (ЭВА) во всех областях науки и техники. Это сложный комплекс устройств вычислительной техники, предназначенный для электронной обработки информации и отображении ее в форму, удобную для восприятия пользователем. В настоящее время во всем мире наблюдается резкое увеличение производства такой аппаратуры, повышение ее «интеллектуальности», быстродействия, объемов хранимой информации. В этих условиях неизбежно возрастает сложность создаваемой ЭВА [1–3]. Это вызвано постоянным ростом числа элементов, их функциональной сложности и стремлением к микроминиатюризации изготавливаемых устройств. В связи с этим задачи автоматизированного конструкторского проектирования приобретают все более сложный характер. Задачи подобного типа тесно

взаимосвязаны и имеют большую размерность, что затрудняет использовать алгоритмы нахождения оптимального решения в связи с трудностью создания общей математической модели, которая бы учитывала все особенности конструкторско-технологической базы производства. В связи со своей сложностью, задачи такого рода относятся, в основном, к NP-трудным и NP-полным и несут комбинаторно-логический характер. Это, в свою очередь, влечет за собой непрерывные разработки различного рода эвристик для нахождения оптимальных и квазиоптимальных решений за максимально приемлемое время.

II. ФОРМАЛЬНАЯ ПОСТАНОВКА ЗАДАЧИ

На современном этапе развития технологий изготовления ЭВА, в связи с постоянно повышающимися требованиями к их быстродействию и миниатюризации, становится особенно очевидной возрастающая роль компоновки при проектировании. Она заключается в отыскании такого относительного расположения компоновочных элементов, при котором выполнялись бы поставленные к проектируемому изделию требования. К основным таким требованиям можно отнести следующие: максимально возможное быстродействие, помехоустойчивость и температурная стабильность, технологичность и др. В свою очередь данные требования оказываются сильно связанными с параметрами решаемой задачи, которые можно принять в качестве критериев. Так, например, при решении задачи компоновки — задачи распределения элементов данного уровня иерархии, основным критерием оптимальности компоновки модулей является число межмодульных связей, минимизация которого необходима для повышения надежности схем, уменьшения влияния наводок и времени задержки сигнала, упрощения конструкции и повышения технологичности разрабатываемого изделия [1].

Сформулируем теперь задачу компоновки схемы ЭВА, как задачу разбиения графа $G = (X, U)$ (где X – множество вершин графа, U – множество ребер) на части [1,2]. Пусть каждое разбиение B_i состоит из $B_i = \{b_1, b_2, \dots, b_n\}, n = |X|$. Тогда задача разбиения графа G на части заключается в получении разбиения $B_i \in B$, удовлетворяющего трем условиям и ограничениям:

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта Президента Российской Федерации для государственной поддержки молодых российских ученых – кандидатов наук № МК-1480.2018.9

$$(\forall B_i \in B)(B_i \neq 0)$$

$$(\forall B_i, B_j \in B) \left([B_i \neq B_j \rightarrow X_i \cap X_j \neq \emptyset] \wedge [(U_i \cap U_j = U_{ij}) \vee (U_i \cap U_j \neq 0)] \right)$$

$$\bigcup_{i=1}^S B_i = B, \bigcup_{i=1}^n U_i = U, \bigcup_{i=1}^n X_i = X, |U_{ij}| = K_{ij}.$$

Целевая функция для разбиения графа примет вид:

$$K = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n K_{ij}, (i \neq j)$$

В данном случае K_{ij} – число соединительных ребер между частями B_i и B_j , полученными при разбиении графа G . K – суммарное количество всех соединительных ребер между всеми частями графа G [4-7].

Задачей разбиения графа $G=(X,U)$ является нахождение такой совокупности частей, при котором число соединительных ребер графа G удовлетворяло заданному критерию оптимальности. Другими словами задача разбиения заключается в минимизации параметра K . Минимизация данного параметра позволяет учесть многие критерии исследуемой модели при решении оптимизационной задачи [8].

III. ОПИСАНИЕ МЕТОДА БАКТЕРИАЛЬНОЙ ОПТИМИЗАЦИИ

Наиболее изученной бактерией в настоящее время является *E.Coli*, которая живет в кишечнике большинства млекопитающих, в том числе человека. Движение данной бактерии обеспечено жгутиками, частота вращения которых достигает 100–200 оборотов в секунду. Каждый из жгутиков управляется с помощью биологического мотора [9]. *E.Coli* может двигаться прямолинейно, а может изменить направление при помощи кувырка. Двигательная активность бактерии обусловлена таким механизмом, как хемотаксис.

Хемотаксис – это двигательная реакция бактерии на появление в среде аттрактанта (полезного вещества) или репеллента (вредного вещества). При нахождении бактерии в нейтральной среде, происходит чередование кувырков и прямолинейного движения. При перемещении бактерии в направлении аттрактанта, направление движения не меняется. Это обеспечивает нахождение более благоприятной среды. При движении бактерии в сторону репеллента, направление меняется посредством кувырка, что помогает бактерии избежать неблагоприятной среды. Бактерия также имеет сверхчувствительные белковые рецепторы, улавливающие даже незначительные изменения концентрации полезных веществ. От рецепторов все сигналы поступают на метилацетирующие белки, затем конечный сигнал выходит на мотор жгутика, регулирующего движение бактерии, в зависимости от окружающей среды [10]. Таким образом, происходит перемещение бактерии к питательным веществам и избегание ею опасности. Бактерии достаточно часто погибают или растворяются, а

также размножаются, что должно учитываться при моделировании их деятельности.

Метод бактериальной оптимизации (Bacterial foraging optimization, BFO) базируется на использовании трех основных механизмов: репродукции, хемотаксиса и ликвидации. Репродукция – это процесс, ускоряющий сходимость метода. Принцип репродукции состоит в том, что наиболее сильная половина агентов выживает и расщепляется на две одинаковые бактерии, а более слабая половина агентов умирает. Силу бактерии обозначают через сумму значений функций приспособления от начальной до текущей итерации. После некоторого числа процедур репродукции начинается процесс рассеивания или ликвидации, принцип которого заключается в выборе с определенной вероятностью некоторого числа бактерий и их уничтожении. На месте каждого уничтоженного агента появится новый с таким же номером. В результате число бактерий в колонии остается неизменным. Хемотаксис – процедура, которая реализует локальную оптимизацию и определяет положение бактерии на каждом шаге этого метода [9–11].

IV. ОПИСАНИЕ СТРАТЕГИИ И АРХИТЕКТУРЫ КОМБИНИРОВАННОГО ПОИСКА

Последние исследования в области конструкторского проектирования показывают, что в связи с обработкой больших объемов данных необходимо использовать эвристические комбинированные и гибридные подходы, основанные на предварительных знаниях о решаемых задачах. В связи с этим предлагается использовать для решения задачи компоновки двухуровневую комбинированную стратегию «биоинспирированный поиск» – «Эволюция», представленная на рис. 1. Для реализации этой стратегии в блоке «биоинспирированный поиск» будут использоваться метод бактериальной оптимизации (МБО), а в блоке «эволюция» генетический алгоритм [12, 13].



Рис. 1. Стратегия поиска «Биоинспирированный поиск» – «Эволюция»

Для реализации данной стратегии в работе предложена архитектура комбинированного поиска на основе сочетания метода бактериальной оптимизации и генетического алгоритма. Архитектура такого поиска представлена на рис. 2. Рассмотрим предложенную схему более подробно.

Входными данными является число блоков и соединений между конструктивными блоками. Далее создается начальная популяция альтернативных решений задачи компоновки. Необходимо из случайного расположения конструктивных блоков получить порядок

с минимальным значением целевой функции. В качестве целевой функции используется выражение 1. На следующем этапе выполняется реализация метода бактериальной оптимизации как описано выше. Затем выполняется блок проверки – найдено ли оптимальное решение. Если данное решение является оптимальным, с точки зрения значения целевой функции, то алгоритм заканчивает работу и передает результаты на следующий этап конструкторского проектирования – размещение. Если же оптимальное решение не найдено в результате работы МБО, то выбирается лучшее решение из множества, полученных и передается в блок генетического алгоритма для его улучшения [14]. В генетическом алгоритме новые решения в популяции формируются на основе выполнения различных модифицированных генетических операторов, таких как кроссинговер, мутация, редукция и др. [15].

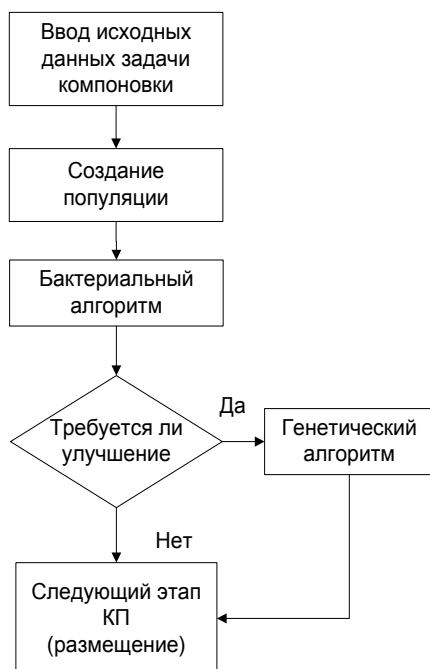


Рис. 2. Архитектура комбинированного поиска

В предложенном подходе основную роль играет оценка приспособленности альтернативных решений задачи компоновки, отбор и адаптация наилучших из них. Использование подобных методов приводит к тому, что вероятность передачи признаков от более приспособленных решений (с лучшим значением ЦФ) к потомкам возрастает. Оценка приспособленности альтернативных решений играет немаловажную роль, поскольку от выбора оценочной функции зависит качество отобранных индивидов и степень их соответствия заданной ЦФ. То же самое касается и оценки приспособленности потомков.

Применение такой стратегии поиска имеет следующие преимущества: позволяет получать оптимальные и квазиоптимальные решения задачи за полиномиальное время; рассматривать более перспективные и удалять заранее неперспективные решения и не требует знания о

предоставлении дополнительной информации, что говорит об эффективности предложенного подхода.

V. ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫЙ ЭКСПЕРИМЕНТ

Для подтверждения предложенного подхода был разработан комбинированный алгоритм, сочетающий в себе метод бактериальной оптимизации и генетический поиск, а также создана программная среда на языке «C++ Builder 7.0» под операционную систему Windows. [16–18]

Проведена серия сравнительных экспериментов для разного набора тестовых примеров разработанного комбинированного алгоритма, классического последовательного (ПА) и итерационного алгоритмов (ИА), а также простого генетического алгоритма. Усредненные результаты экспериментов отражены на рис. 3 и 4.

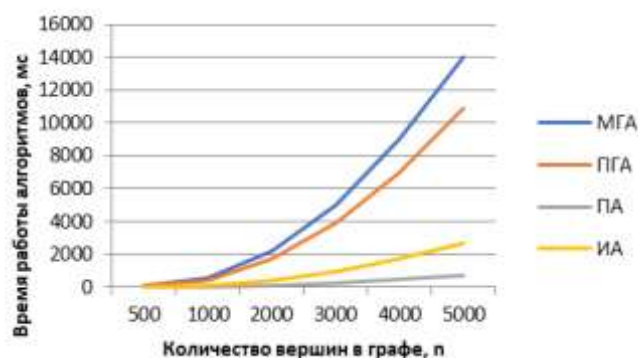


Рис. 3. Графики зависимости времени решения от числа вершин

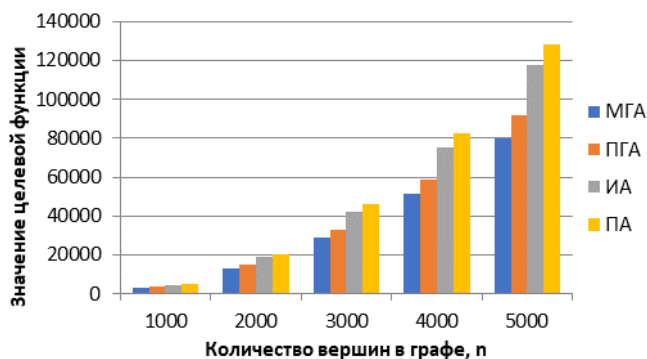


Рис. 4. Результаты работы алгоритмов

Временная сложность разработанного алгоритма ориентировочно составляет $O(n^3)$. На основе анализа проведённых исследований качество компоновки, полученных на основе комбинированного подхода, в среднем на 3.5% превосходит результаты полученные с использованием известных алгоритмов, что говорит об эффективности разработанного подхода.

VI. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В данной работе авторами была предложена стратегия комбинированного поиска. На ее основе построена двух уровневая комбинированная архитектура поиска на основе сочетания метода бактериальной оптимизации и генетического поиска. Для реализации данной стратегии и архитектуры разработан двух уровневый комбинированный алгоритм решения задачи компоновки, позволяющий получать наборы квазиоптимальных решений за полиномиальное время. Создан программный продукт. Проведен вычислительный эксперимент на тестовых примерах (бенчмарках), который позволил подтвердить теоретические оценки быстродействия и эффективности разработанного комбинированного алгоритма. Качество компоновки, полученное, на основе комбинированного поиска, в среднем на 3,5% превосходит результаты компоновки, полученные с использованием известных алгоритмов, что говорит об эффективности предложенного подхода.

Временная сложность алгоритма (BCA), полученная экспериментальным путем, практически совпадает с теоретическими исследованиями и для рассмотренных тестовых задач составляет ($BCA \approx O(n^2)$).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- [1] Alpert C.J., Dinesh P.M., Sachin S.S. Handbook of Algorithms for Physical design Automation, Auer Bach Publications Taylor & Francis Group, USA, 2009.
- [2] Sherwani, N.A. Algorithms for VLSI Physical Design Automation. Third Edition, Kluwer Academic Publisher, USA, 2013.
- [3] Lim, S.K., Practical Problems in VLSI Physical Design Automation. Springer Science + Business Media B.V, Germany, 2008.
- [4] Курейчик В.В., Заруба Д.В., Запорожец Д.Ю. Биоинспирированный алгоритм компоновки блоков ЭВА на основе модифицированной раскраски графа. Известия ЮФУ. Технические науки. – 2015 – №4 (165). С. 6-14.
- [5] Запорожец Д.Ю., Кудавев А.Ю., Лежебоков А.А. Многоуровневый алгоритм решения задачи параметрической оптимизации на основе биоинспирированных эвристик. Известия Кабардино-Балкарского научного центра РАН. 2013. № 4 (54). С. 21-28.
- [6] Курейчик В.В., Бова В.В., Курейчик В.В. Комбинированный поиск при проектировании. Образовательные ресурсы и технологии. 2014. № 2 (5). С. 90-94.
- [7] Kureichik, V.M., Kureichik, V.V. A genetic algorithm for graph partitioning (1999) Journal of Computer and Systems Sciences International, 38 (4), pp. 580-588.
- [8] Kureichik, V.V., Zaporozhets, D.Y., Zaruba, D.V. Partitioning of VLSI fragments based on the model of glowworm's behavior (2016) Proceedings of the 19th International Conference on Soft Computing and Measurements, SCM 2016, art. no. 7519750, pp. 268-272.
- [9] Passino K.M. Biomimicry for Optimization, Control, and Automation. Springer – Verlag London Limited 2005
- [10] Liu Y, Passino K.M. Biomimicry of social foraging bacteria for distributed optimization: models, principles, and emergent behaviors // Journal of optimization theory and applications 2002, 115 (3), pp. 603-628.
- [11] Karpenko A.P. Modern algorithms of search optimization. Algorithms inspired by nature. Moscow, Russia. 2014. P. 446.
- [12] Kureichik, V., Zaporozhets, D., Zaruba, D. Generation of bioinspired search procedures for optimization problems (2017) Application of Information and Communication Technologies, AICT 2016 - Conference Proceedings, art. no. 7991822.
- [13] Kureichik, V.V., Kureichik, V.V., Zaruba, D.V. Partitioning of ECE schemes components based on modified graph coloring algorithm (2014) Proceedings of IEEE East-West Design and Test Symposium, EWDTS 2014, art. no. 7027062.
- [14] Gladkov, L.A., Kureichik, V.V., Kravchenko, Y.A. Evolutionary algorithm for extremal subsets comprehension in graphs (2013) World Applied Sciences Journal, 27 (9), pp. 1212-1217.
- [15] Родзин С.И., Курейчик В.В. Теоретические вопросы и современные проблемы развития когнитивных биоинспирированных алгоритмов оптимизации. Кибернетика и программирование. 2017. № 3. С. 51-79.
- [16] Gladkov, L.A., Kureichik, V.V., Kravchenko, Y.A. Evolutionary algorithm for extremal subsets comprehension in graphs (2013) World Applied Sciences Journal, 27 (9), pp. 1212-1217.
- [17] Kacprzyk, J., Kureichik, V.M., Malioukov, S.P., Kureichik, V.V., Malioukov, A.S. Experimental investigation of algorithms developed (2009) Studies in Computational Intelligence, 212, pp. 211-223+227-236.
- [18] Kureichik, V.V., Kureichik, V.M. On genetic-based control (2001) Avtomatika i Telemekhanika, (10), pp. 174-187.