SOFIA GATTUCCI E PRISCILLA RAUCCI

HIGHER ORDER MUTATION TESTING IN PIT-HOM

Verifica e Convalida del Software AA 2019/20

COS'È IL MUTATION TESTING?

MUTATION TESTING: INTRODUZIONE

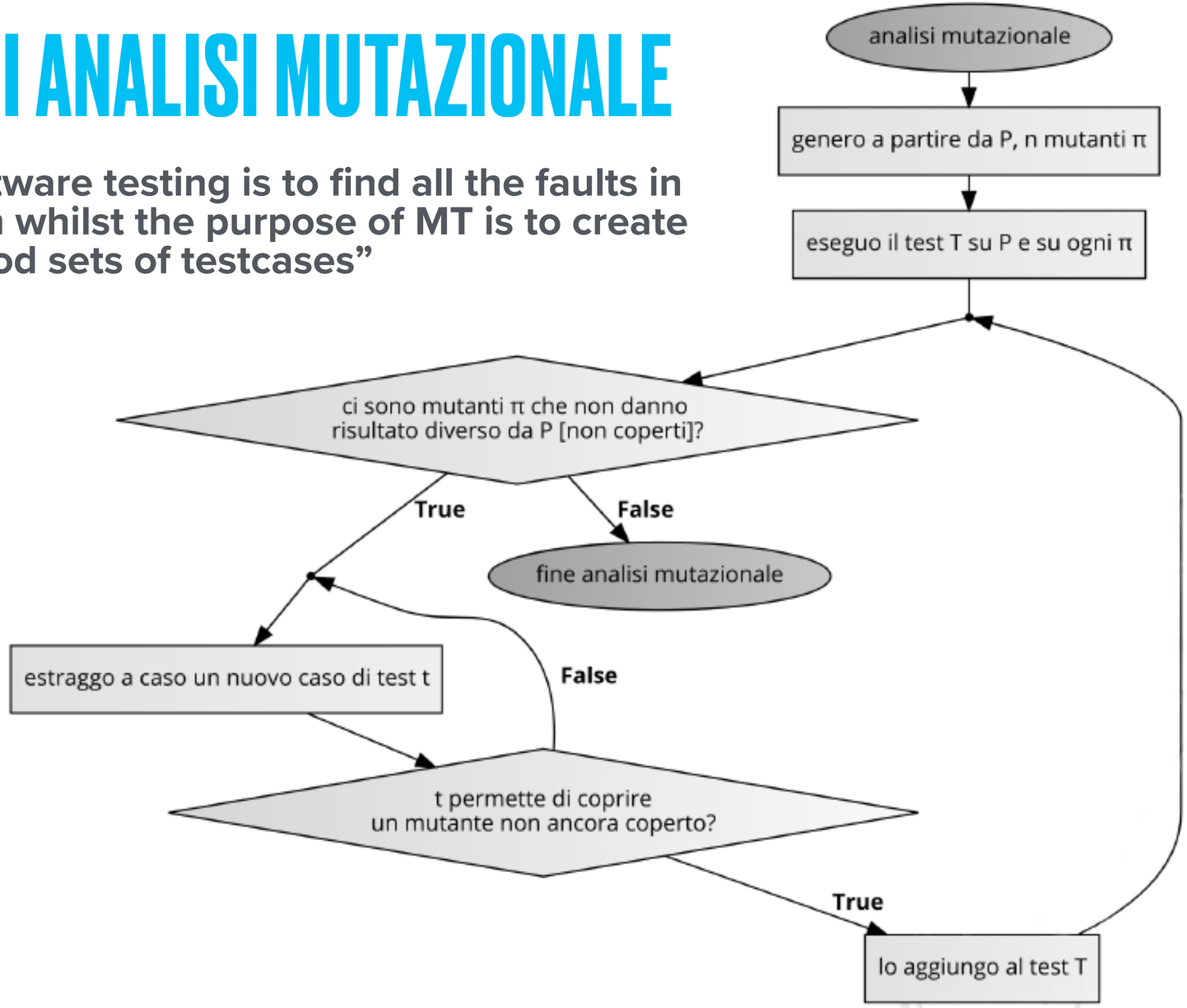
"Mutation testing is the process whereby a fault is deliberately inserted into a software system, in order to assess the quality of test data, in terms of its ability to find this fault." (ii)

- **MUTANT**: versione del programma originale a cui è stato inserito inserito un fault
- **MUTATION OPERATOR**: tipologie di cambiamento sintattico che simulano errori nella scrittura del programma
- **MUTATION SCORE**: percentuale di mutanti uccisi

$$MS = \frac{\text{Number of killed mutants}}{\text{Total mutants} - \text{Equivalent mutants}}$$

PROCESSO DI ANALISI MUTAZIONALE

“the purpose of software testing is to find all the faults in a particular program whilst the purpose of MT is to create good sets of testcases”



FOMT VS HOMT

- **First Order Mutation Testing**
- I mutanti sono caratterizzati dall'inserimento di un unico *mutation operator* in un unico punto del codice

- **Higher Order Mutation Testing**
- I mutanti sono caratterizzati da più cambiamenti sintattici

FALSI MITI DI HOMT

- **Competent programmer hypothesis:** un programmatore, se ritenuto competente, non farà grandi errori nel suo codice.

“states that programmers are generally within a few keystrokes of being correct “ (iv)

- **Coupling effect:**

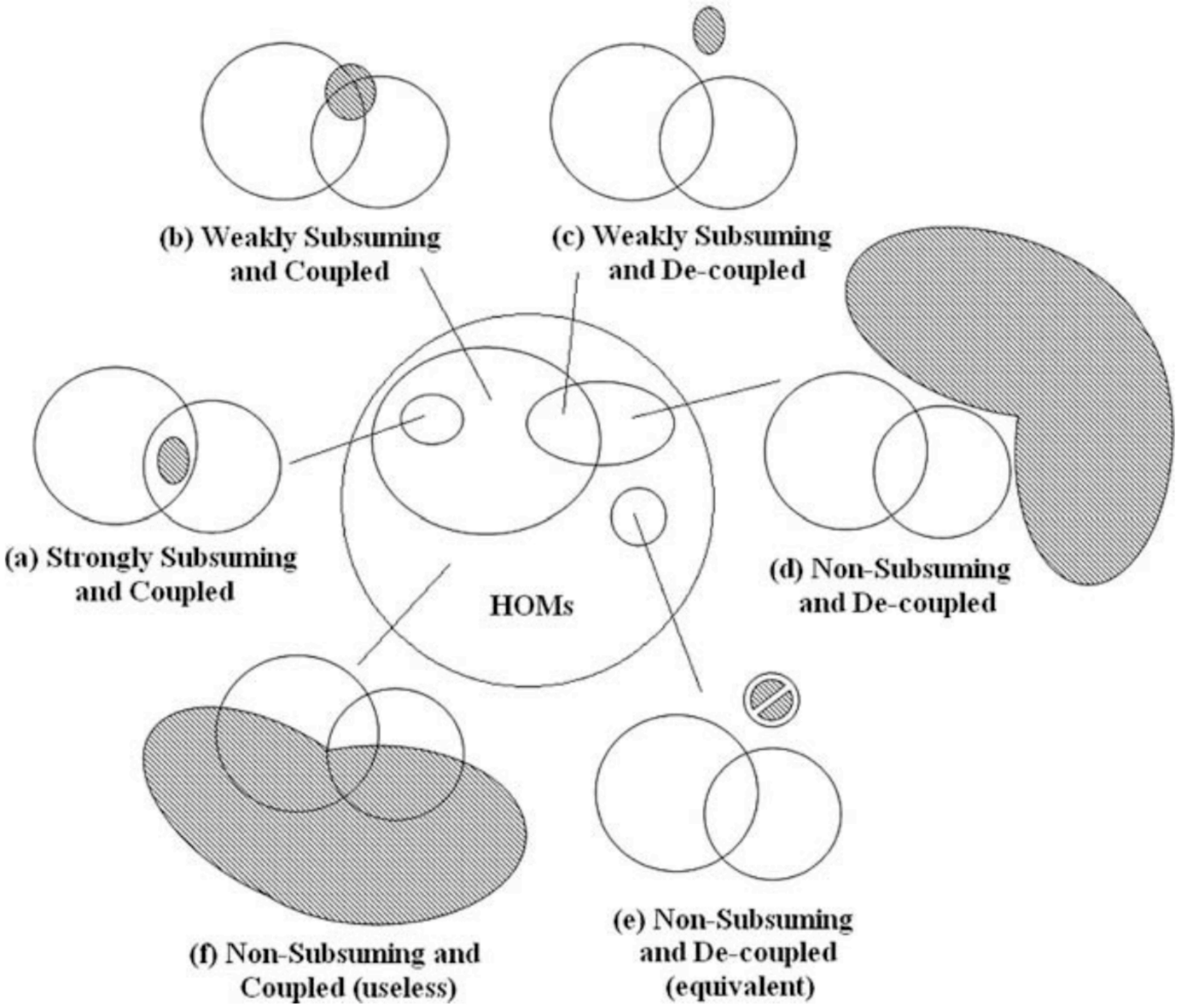
“Complex faults are coupled to simple ones in such a way that test data which find all simple ones will detect a high percentage of complex faults.” (iv)

INTERESTING HOMs

- **DECOUPLED HOM:**
  HOM che viene ucciso da casi di test differenti da quelli che uccidono i FOM che lo compongono.

- **STRONG SUBSUMING HOM:**
  HOM che viene ucciso da un sottoinsieme del test set che uccide tutti i FOMs che lo compongono.

- **SUBTLE HOM:**
  HOM che non viene ucciso da nessun test presente nella suite di test (che uccide tutti i FOMs che lo compongono).



PRO DI HOMT

- **Equivalent mutant problem:**
  gli *equivalent mutant* sono quelli che sono semanticamente identici al programma originale e per cui non possono essere uccisi da nessun test.

Codice originale	mutante equivalente 2nd order
`customerAccount -= payment;` `customerPayments += payment;`	`customerAccount -= payment++;` `customerPayments += --payment;`

il problema dei mutanti equivalenti viene alleviato dagli HOM rispetto ai FOM

- **Realism problem:**
  un mutante simula un fault realmente verificabile?
  Se riusciamo ad uccidere tutti i mutanti, vuol dire che possiamo individuare una grande percentuale di faults “reali”?

  gli HOM rispetto ai FOM permettono di simulare problemi più realistici e complessi

- **Difficulty of killing**

  problemi più complessi saranno più difficili da individuare e uccidere,
  questo permette una analisi dei test più stringenti

CONS OF HOMT

- **Costo:**
  La generazione e l'esecuzione di tutti i mutanti comporta un grande utilizzo delle risorse di spazio e tempo.

Il problema del numero enorme di mutazioni generate è un problema che esiste già nei FOM.
Questo problema è esasperato nella generazione degli HOM.

ma è proprio vero che <u>tutti i mutanti possibili</u> debbano essere generati ed eseguiti?

SEARCH TECHNIQUES

L’uso di algoritmi di ricerca guidata permette di focalizzare l’indagine su HOM più interessanti e ridurre l’insieme degli HOM trovati.

le tipologie di algoritmi più utilizzati sono:

- Greedy
- Genetic Algorithm
- Hill-climbing
- Linear search
- ...

funzione di Fitness per subsuming HOMs:

$$fragility(\{M_1, ..., M_n\}) = \frac{|\bigcup_{i=1}^{n} kill(M_i)|}{|T|}$$

$$fitness(M_{1...n}) = \frac{fragility(\{M_{1...n}\})}{fragility(\{F_1, ..., F_n\})}$$

Dove T è l’insieme di test cases, {M1,...,Mn} l’insieme di mutanti, la funzione kill({M1, ..., Mn}) restituisce l’insieme di test cases che uccidono i mutanti M1 , ..., Mn e l’insieme di FOMs che costituiscono l’HOM analizzato sono indicati con F_1... F_n

TOOLS FOR MUTATION TESTING

FOMT

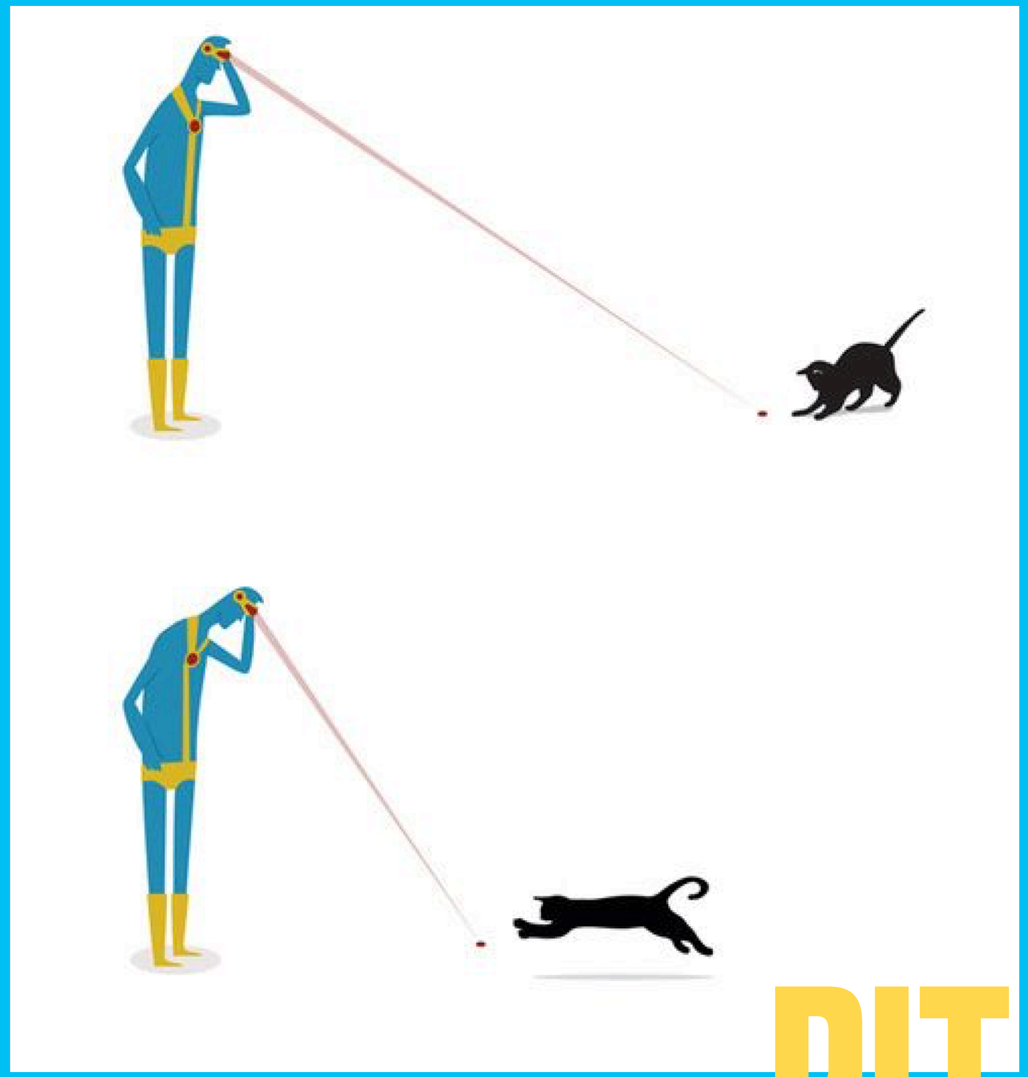
- Mujava (Java)
- Major (Java)
- Stryker (JS, C#, Scala)
- Judy (Java)
- Pit (Java)

HOMT

- Milu (C)
- HomaJ (Java)
- LittleDarwin (Java)
- Pit-HOM (Java)

per una lista aggiornata a più completa di tools per i First Order Mutation Testing Tool:

https://github.com/theofidry/awesome-mutation-testing



PIT-HOM DEMO __

IMPORTING PIT-HOM

```xml
<plugin>
    <groupId>org.pitest</groupId>
    <artifactId>pitest-maven</artifactId>
    <version>1.5.1-HOM</version>
    <configuration>
        <targetClasses>
            <param>prova.pit.hom.*</param>
        </targetClasses>
        <targetTests>
            <param>prova.pit.hom.*</param>
        </targetTests>
        <hom>3</hom>
        <mutantProcessingMethod>stream-batch</mutantProcessingMethod>
    </configuration>
</plugin>
```

- il tag <**hom**> indica il grado degli HOM
- il tag <**mutantProcessingMethod**> indica l'algoritmo con cui vengono eseguiti gli HOM (stream o stream-batch)

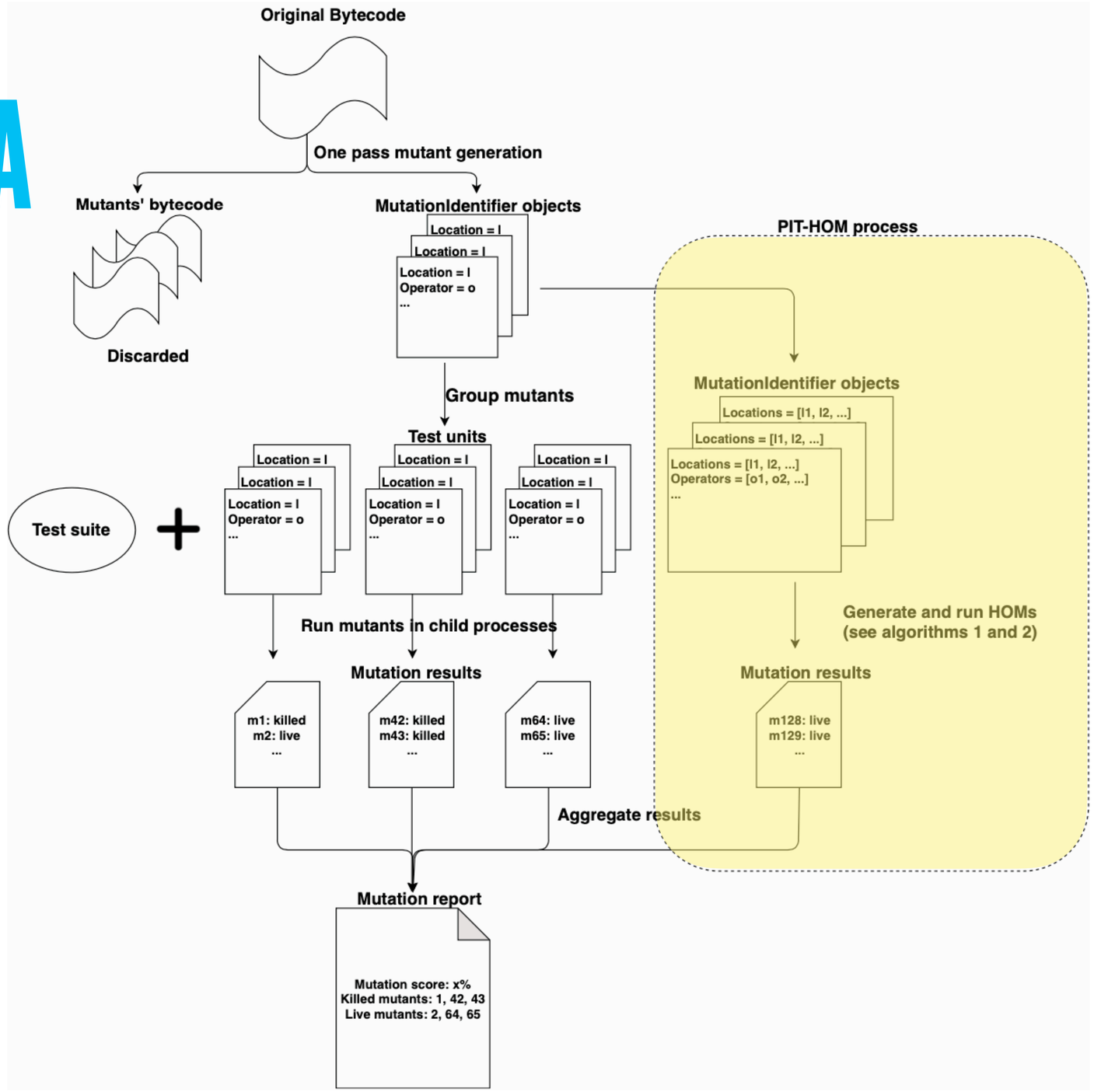
PIT-HOM: STRUTTURA

Struttura comune

- Mutant generation
- Mutant evaluation
- Reporting

Differenze

- Mutation identifier
- Algoritmi di valutazione



PIT-HOM: ALGORITMI

Algorithm 1 Mutation analysis process with streaming method

Input:
classesToAnalyse: List of classes that should be mutated
ordersToRun: List of mutation orders that should be run

```
1:  for class ∈ classesToAnalyse do
2:      foms ← MutationSoure.findMutants(class)
3:      if 1 ∈ ordersToRun then
4:          for mutant ∈ foms do
5:              run(new TestUnit(mutant))
6:          end for
7:      end if
8:      for order ∈ ordersToRun do
9:          hom ← findNextCombination(foms, order)
10:         while hom ≠ null do
11:             run(new TestUnit(mutant))
12:             hom ← findNextCombination(foms)
13:         end while
14:     end for
15: end for
```

Algorithm 2 Mutation analysis process with batch-streaming method

Input:
classesToAnalyse: List of classes that should be mutated
ordersToRun: List of mutation orders that should be run

```
1:  for class ∈ classesToAnalyse do
2:      foms ← MutationSoure.findMutants(class)
3:      if 1 ∈ orderToRun then
4:          run(makeTestUnits(mutants, maxTestUnitSize))
5:      end if
6:      for order ∈ ordersToRun do
7:          hom ← findNextCombination(foms, order)
8:          homsToRun ← {}
9:          while hom ≠ null do
10:             homsToRun.add(hom)
11:             if homsToRun.size() == 10000 then
12:                 run(makeTestUnit(homsToRun, maxTestU-
nitSize))
13:                 homsToRun ← {}
14:             end if
15:             hom ← findNextCombination(foms)
16:         end while
17:         if homsToRun.size() > 0 then
18:             run(makeTestUnits(homsToRun, maxTestUnit-
Size))
19:         end if
20:     end for
21: end for
```

BIBLIOGRAFIA

(i) Thomas Laurent and Anthony Ventresque, PIT-HOM: an Extension of Pitest for Higher Order Mutation Analysis, 2019

(ii) Ahmed S. Ghiduk, Moheb R. Girgis, Marwa H. Shehata, Higher order mutation testing: A Systematic Literature Review, 2016

(iii) Elmahdi Omar, Sudipto Ghoshâ, Darrell Whitley, Subtle higher order mutants, 2016

(iv) Mark Harman, Yue Jia and William B. Langdon, A Manifesto for Higher Order Mutation Testing, 2010

*(v) Yue Jia *, Mark Harman, Higher Order Mutation Testing, 2009*

(vi) R.A. DeMillo, R.J. Lipton, F.G. Sayward, Hints on test data selection: Help for the practicing programmer, 1978

GRAZIE PER L'ATTENZIONE