

VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ
FAKULTA INFORMAČNÍCH TECHNOLOGIÍ

Diplomová práce
Manuál k nástroji pro analýzu záznamů
o průběhu evoluce číslicového obvodu

23. května 2015

Vlastimil Kapusta

1 Požadavky

- Pro běh aplikace je třeba mít nainstalovanou platformu Java 8 (starší verze nejsou podporovány).
- Všechny potřebné knihovny jsou umístěny ve složce „lib“. Tato složka musí být umístěna na stejné úrovni jako spustitelný soubor aplikace.

Aplikace je spuštěna poklikáním na spustitelný soubor s koncovkou „.jar“, nebo příkazem „java -jar soubor.jar“.

2 Formát záznamu průběhu evoluce

Ve složených závorkách je uvedena postupně hodnota fitness a počet použitých bloků. Následují další složené závorky s těmito údaji: počet vstupů obvodu, počet výstupů obvodu, počet sloupců, počet řádků, počet vstupů hradla, L-back parametr, počet použitých bloků. Následuje popis jednotlivých hradel, kde popis každého hradla je uzavřen v závorkách – na prvním místě je v hranatých závorkách číslo výstupu bloku, za ním jsou čísla výstupů bloků, které jsou přivedeny na vstup tohoto bloku. Poslední číslo udává funkci bloku. Poslední část jednoho záznamu je definice výstupů, která je uzavřena v závorkách. Pro každý výstup je uvedeno číslo hradla nebo vstupu, ke kterému je výstup připojen. Jako oddělovač je použita čárka.

Jedinou změnou, která standardně není v tomto formátu přítomna, je uvedení maximální hodnoty fitness, nejlépe na začátku evoluce ve formátu „Maxfitness: hodnota“. Tento řádek není povinný, ale je nezbytný pro správné nalezení nejlepšího hradla po dosažení maximální hodnoty fitness.

Příklad 2.1. {22, 7}{5,1, 5,5, 2,1,7}([5]3,1,1)([6]4,1,0)([7]0,3,2)([8]0,2,2)([9]3,4,2)([10]7,4,2)([11]2,1,0)([12]2,8,1)([13]6,7,1)([14]3,0,1)([15]1,2,3)([16]13,14,2)([17]11,11,0)([18]10,12,1)([19]4,12,2)([20]18,1,1)([21]16,3,2)([22]2,19,1)([23]15,16,1)([24]15,3,2)([25]1,20,2)([26]1,24,3)([27]4,4,0)([28]21,0,1)([29]23,1,2)(25)

3 Formát function file

Formát souboru „function file“ je velmi jednoduchý. Jeden záznam se skládá z čísla funkce, které odpovídá číslování v použitém záznamu o průběhu evoluce (typicky 0-15, protože program podporuje hradla se dvěma vstupy, která tedy mohou mít jednu z 16 logických funkcí). Následuje kódové označení funkce, podle kterého aplikace rozpozná, o jakou logickou funkci se jedná – výčet těchto kódů (jmen) je uveden v tabulce 1. Poté je třeba uvést symbol nebo řetězec označující danou funkci – toto označení bude použito při vykreslování hradel na místě pro uvedení funkce hradla (uvnitř každého hradla) místo implicitního číselného označení. Poslední položkou je barva pro hradla s danou funkcí. Barvu je nutné zadat v hexadecimálním formátu. Části záznamu jsou odděleny mezerou a jednotlivé záznamy jsou odděleny novým řádkem. Kvůli možným nejasnostem jsou v tabulkách 2 (funkce $F_0 - F_7$) a 3 (funkce $F_8 - F_{15}$) uvedeny i pravdivostní tabulky logických funkcí z tabulky 1.

Kódy logických funkcí nezávisí na velikosti písmen, tedy nejsou tzv. „case-sensitive“. Z toho vyplývá, že logickou funkci „nand“ (F_{14}) můžeme definovat například řetězcem „nand“ nebo „NAND“, ale i řetězcem „Nand“ atd.

Formát souboru „function file“ umožňuje velmi jednoduché použití komentářů: řádek začínající znakem „-“ je považován za komentář a aplikací je ignorován. Každý řádek s jiným počátečním znakem včetně prázdných řádků je však považován za záznam o funkci hradla a bude dále zpracováván, proto je

logická operace	kód	alternativní kód
F_0	F	0
F_1	AND	.
F_2	A. \sim B	. \sim
F_3	A	A
F_4	\sim A.B	\sim A.
F_5	B	B
F_6	XOR	\wedge
F_7	OR	+
F_8	NOR	\sim +
F_9	XNOR	$\sim\wedge$
F_{10}	\sim B	\sim B
F_{11}	A+ \sim B	+ \sim
F_{12}	\sim A	\sim A
F_{13}	\sim A+B	\sim A+
F_{14}	NAND	\sim .
F_{15}	T	1

Tabulka 1: Tabulka kódů pro logické funkce hradel.

A	B	F_0	F_1	F_2	F_3	F_4	F_5	F_6	F_7
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	0	1	1	1	1
1	0	0	0	1	1	0	0	1	1
1	1	0	1	0	1	0	1	0	1

Tabulka 2: Pravdivostní tabulka logických funkcí 0-7.

A	B	F_8	F_9	F_{10}	F_{11}	F_{12}	F_{13}	F_{14}	F_{15}
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	0	1	1	1	1
1	0	0	0	1	1	0	0	1	1
1	1	0	1	0	1	0	1	0	1

Tabulka 3: Pravdivostní tabulka logických funkcí 8-15.

nutné, aby každý řádek, který není záznam o funkci hradla, byl uvozen znakem „-“. Narozdíl od souboru se záznamem o průběhu evoluce, pro který je doporučeno používat nestandardní koncovku „evo“, je pro „function file“ doporučena standardní koncovka „.txt“, která se používá pro soubory textového charakteru. Aplikace podporuje koncovku „.txt“ podobně jako koncovku „.evo“ u záznamu o průběhu evoluce – konkrétně nastavením filtru dialogu pro otevírání souborů. V případě poškození souboru s funkcí hradel umožňuje aplikace vygenerovat ukázkový „function file“. Tuto možnost nalezneme v menu aplikace. Položka menu „Create Default FF“ (klávesová zkratka `ctrl+p`) způsobí vytvoření nového souboru jménem „defaultTT.txt“ v pracovním adresáři programu. Tento soubor také obsahuje instrukce k vytváření a modifikaci souboru „function file“.

Příklad 1.

Zde je pro ilustraci uveden příklad jednoduchého souboru s funkcemi hradel. Jak můžeme vidět, jsou zde definovány funkce pro čtyři typy hradel („0-3“). Hradlu „0“ je přiřazena logická funkce „and“, symbol „&“ a barva „E68A2E“, což odpovídá oranžové barvě. V definici logické funkce „3“ – „nand“ je ilustrována možnost přiřazení více znaků, pro symbol funkce – „~&“.

Number	Name	Symbol	Color
0	and	&	E68A2E
1	or	+	7ACC29
2	xor	^	00A3CC
3	nand	~&	7A1F99

4 Hlavní okno

Po spuštění aplikace je zobrazeno prázdné hlavní okno. Pomocí menu nebo klávesové zkratky `ctrl+o` je třeba otevřít záznam o průběhu evoluce obvodu. Hlavní okno, viz obr. 2, se skládá z menu, grafu vývoje fitness, posuvného oddělovače a detailu vybraných jedinců.

Graf zobrazuje celý průběh evoluce, ne však každou generaci, ale pouze generace, které jsou potenciálně „zajímavé“ (aplikace pracuje pouze s nejlepším jedincem z každé generace, tedy tím, který bude použit jako rodič v další generaci). Tyto „zajímavé“ generace jsou vybírány na základě velikosti změny hodnoty fitness mezi generacemi. Na vodorovné ose „Generation“ jsou zaneseny generace a na svislé ose jsou zaneseny hodnoty fitness. Vybraní jedinci jsou v grafu znázorněni červenými čtverci. Po umístění kurzoru myši na libovolný čtverec je zobrazena fitness hodnota a generace příslušného jedince.

Vzorkování probíhá automaticky na základě odhadnutého prahu, který lze však změnit a docílit „hrubějšího“ vzorkování zvýšením prahu nebo naopak dosáhnout vzorkování jemnějšího volbou nižšího prahu. Tato volba je dostupná nad grafem prostřednictvím grafické komponenty „spinner“. Samotné převzorkování a zobrazení proběhne po stisknutí tlačítka „Resample“.

Vzhledem k možnému velkému množství generací nabízí graf, zobrazující změny fitness, možnost bližšího zkoumání vybraných úseků evoluce. Kliknutím a tažením myši v grafu je možno zvolit oblast evoluce pro bližší analýzu (viz obr. 1). Zvolená oblast je v grafu podbarvena zeleně. Po označení daného úseku je možno stiskem tlačítka „Zoom In“ provést přiblížení. V takovém případě proběhne opětovné vzorkování evoluce s automaticky vypočteným prahem, ovšem pouze na zvoleném úseku. Navzorkovaný úsek je poté zobrazen místo původního grafu. Tlačítko „Zoom Out“ provede „oddálení“, jinými slovy návrat zpět o jednu úroveň přiblížení.

Modrý kříž v grafu slouží pro výběr jedinců. Jedinec označený křížem je zobrazen v detailu pod grafem spolu s následujícími jedinci. Změna pozice označovacího kříže je možná buď kliknutím myši



Obrázek 1: Graf vývoje fitness – před přiblížením.

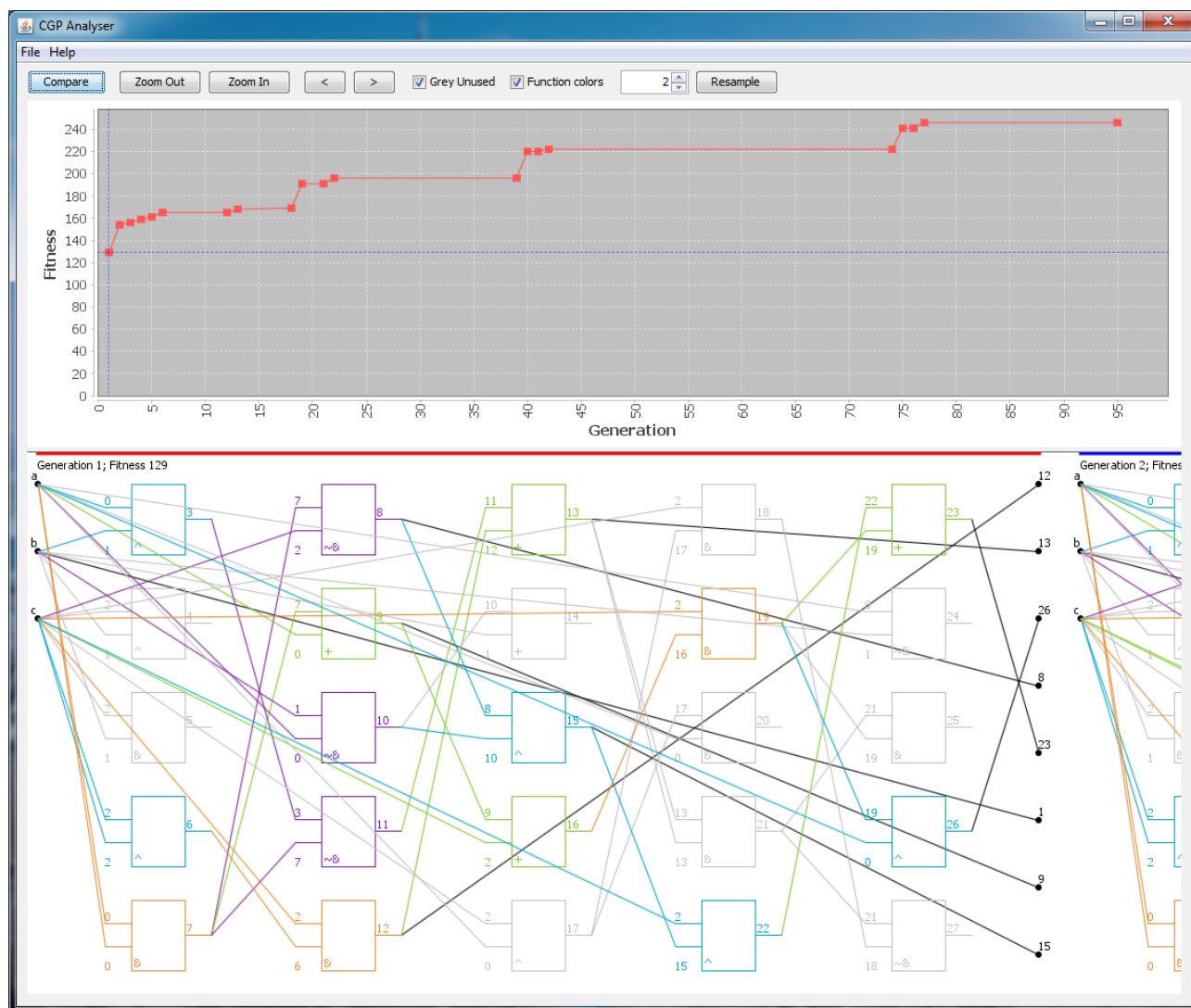
na čtverec označující jedince nebo sekvenčně pomocí tlačítek „<“ (zpět) a „>“ (vpřed), která jsou umístěna nad grafem.

U obou vstupů každého hradla je vykresleno číslo hradla, ke kterému je daný vstup připojen. Na výstupu hradel je pak vykresleno číslo daného hradla. Uvnitř každého hradla můžeme najít označení funkce a to buď číselné označení ze záznamu o průběhu evoluce nebo označení zvolené uživatelem prostřednictvím tzv. „function file“. Poslední částí chromozomu jsou výstupy, které jsou, stejně jako vstupy, reprezentovány černými kruhy, u nichž je zobrazeno číslo hradla, ke kterému je daný výstup připojen.

Tlačítko „Function Colors“ vykreslí hradla barvou přiřazenou ve „function file“. Přiblížení a oddálení (zoom) chromozomů se provádí otáčením kolečka myši. Aby funkce zoom fungovala, musí se kurzor myši při otáčení kolečkem nacházet v oblasti pro vykreslování chromozomů.

V menu lze najít následující položky:

- „Open Evolution“ (klávesová zkratka `ctrl+o`), sloužící pro otevření záznamu o průběhu evoluce,
- „Open Function File“ (klávesová zkratka `ctrl+i`), sloužící pro otevření souboru s funkcemi hradel (tzv. „function file“),
- „Create Default FF“ (klávesová zkratka `ctrl+p`), sloužící pro vytvoření standardního „function file“ například v případě jeho poškození,
- „Gate Usage“ (klávesová zkratka `ctrl+u`), sloužící pro zobrazení okna se statistikou využití hradel,
- menu „help“ obsahuje okno s informacemi o projektu a autorovi.



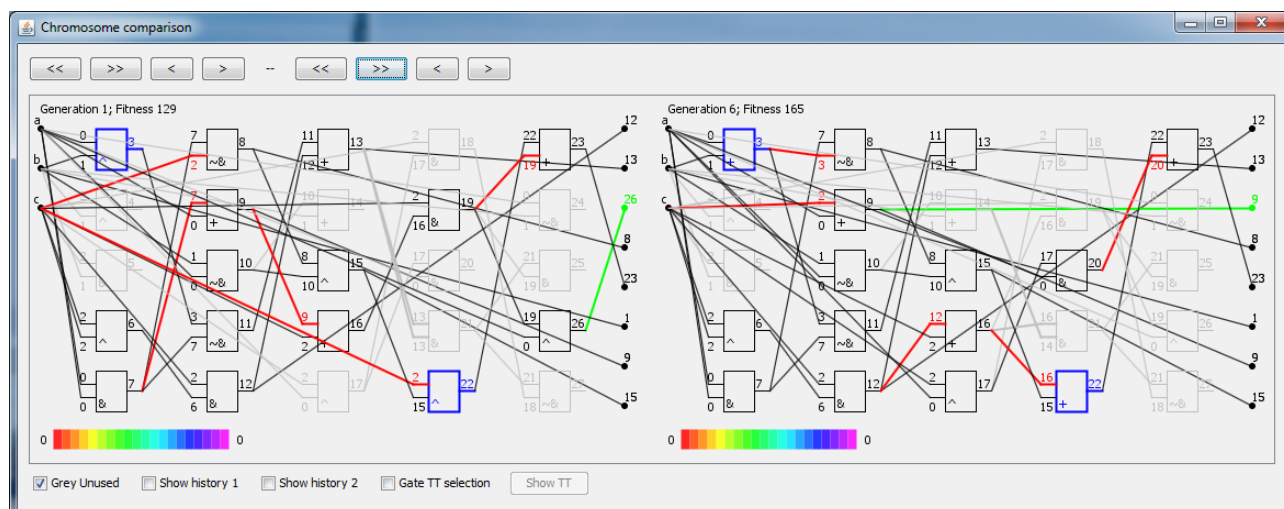
Obrázek 2: Hlavní okno.

Můžeme si všimnout, že na obrázku 2 je nad jedním chromozomem červená linka a nad druhým je modrá linka. Toto označení slouží pro zvýraznění vybraných chromozomů. Výběr se provádí kliknutím myši na zvolený chromozom na vykreslovacím plátně. Po kliknutí levým tlačítkem je chromozom označen červenou čarou a kliknutí pravým tlačítkem způsobí označení chromozomu modrou čarou. Označené chromozomy je poté možno podrobněji analyzovat v porovnávacím okně, kde jsou zobrazeny právě dva, uživatelem vybrané, chromozomy. Toto okno je možno otevřít pomocí tlačítka „Compare“.

5 Porovnávací okno

Tlačítka s označením „<“ a „>“ slouží ke změně aktuálního chromozomu na chromozom z předcházející generace. Použití tlačítek „<<“ a „>>“ způsobí posun na předcházející nebo následující chromozom, který je navzorkován v grafu průběhu evoluce. Obrázek 3 ilustruje použití porovnávacího okna pro nalezení rozdílů mezi dvěma chromozomy. Změna funkce hradla je označena modrou barvou příslušných hradel. Rozdíly v zapojení hradel jsou označeny červeně. Rozdíly v zapojení výstupů jsou

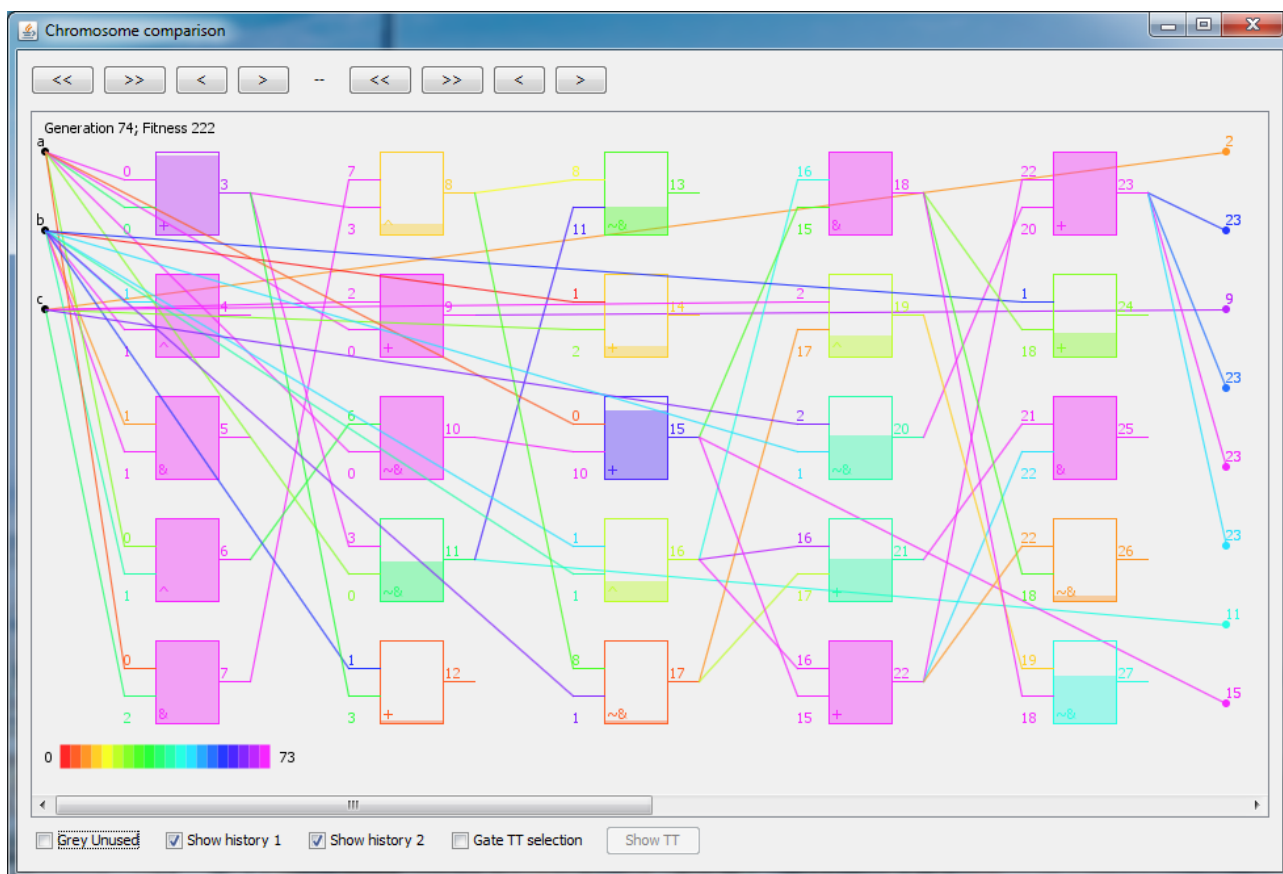
označeny zeleně.



Obrázek 3: Porovnávací okno po stisku tlačítka „>>“ pro pravý chromozom.

Další funkcí porovnávacího okna je zobrazení historie vybraných chromozomů. Účelem funkce historie je zjistit, jak dlouho byla každá komponenta chromozomu nezměněna, neboli jak „stará“ daná část chromozomu je. Tzv. stáří komponenty chromozomu (hradla nebo spoje) je vyznačeno barevně. Aby bylo jasné, co přesně jednotlivé barvy znamenají, je pod chromozomem umístěna barevná paleta s jedním číslem na každé straně. Číslo na levé straně palety je vždy nula a příslušná barva (červená) označuje relativně „nedávnou“ změnu (tzn. například v současné generaci). Na opačné straně palety je po aktivaci funkce historie zobrazeno maximální stáří některé části chromozomu. Tato nejstarší část potom bude vykreslena fialovou barvou a pro ostatní části bude proporcionálně přidělena jedna z dvaceti barev palety.

Obrázek 4 ilustruje použití funkce historie na chromozomu z generace 74. Jak si můžeme všimnout, je „stáří“ hradel vyznačeno kromě odpovídající barvy z palety také částečným vyplněním hradla. Čím je hradlo „starší“, tím je více (až zcela) vyplněno. Například hradla 4, 5, 6, 7, 9, 10, 18, 22, 23 a 25 jsou vykreslena fialovou barvou, značící maximální „stáří“. Současně jsou zcela vyplněna, protože jsou nejdéle nezměněna. V tomto případě nejsou hradla změněna vůbec (jedná se o generaci 74 a maximální stáří je 73 - viz číslo na pravé straně palety). Ostatní hradla jsou různě „stará“, což lze jednoduše určit díky barevnému označení i částečnému vyplnění hradel.

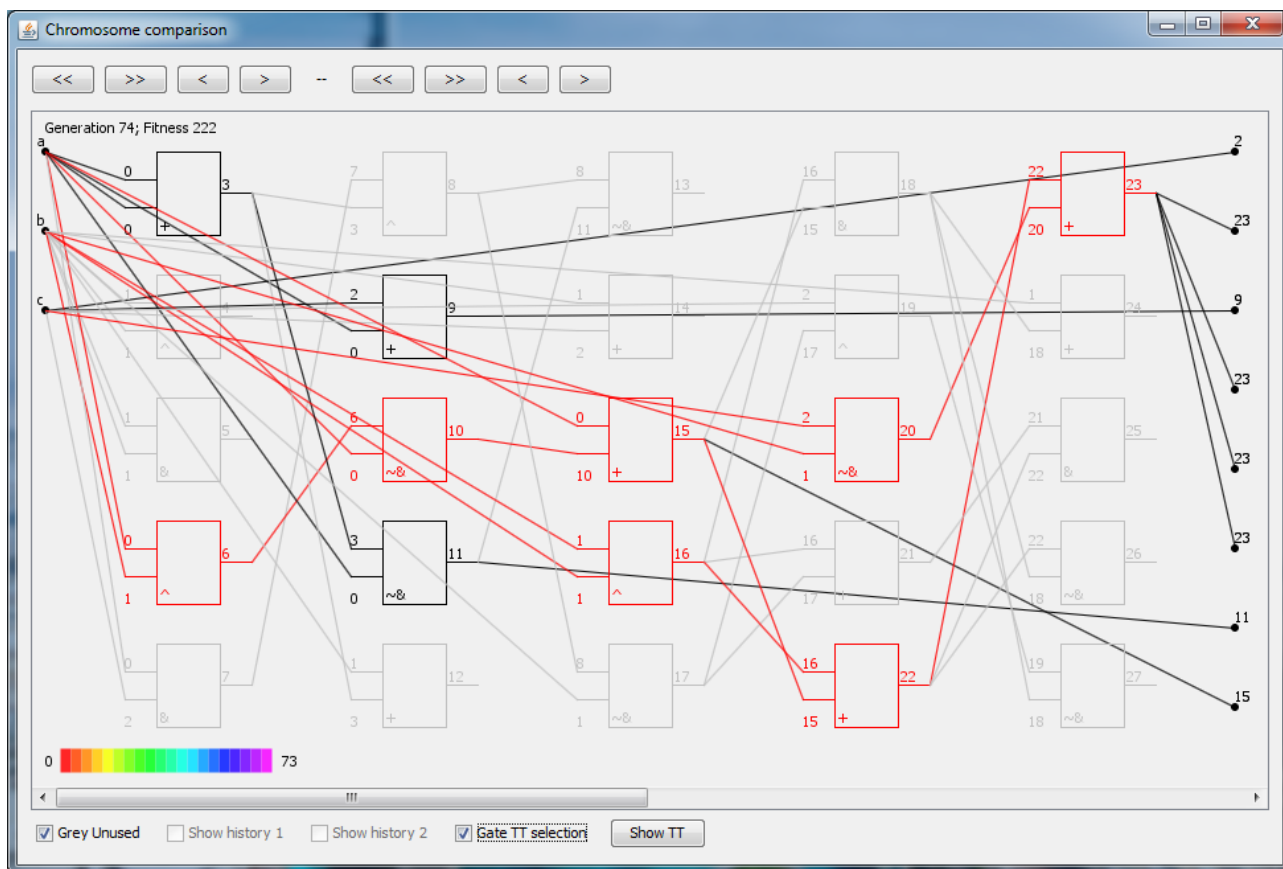


Obrázek 4: Zobrazení historie.

5.1 Pravdivostní tabulka

Tato funkce je aktivována „zaškrťovacím“ tlačítkem „Gate TT selection“. Po zvolení tohoto tlačítka jsou deaktivovány funkce zobrazení rozdílů i historie a chromozomy jsou vykresleny černou barvou. Výběr části obvodu je proveden kliknutím na koncové hradlo, jehož výstupní pravdivostní tabulka nás zajímá. Po kliknutí na toto hradlo je automaticky červeně zvýrazněn celý podobvod, který je spojený se zvoleným hradlem. Na obrázku 5 je zobrazen podobvod s koncovým hradlem číslo 23, na které bylo kliknuto. Díky automatickému označení příslušné části obvodu (tj. hradel i spojů), lze identifikovat všechna připojená hradla a použité vstupy.

Po označení podobvodu lze použít tlačítko „Show TT“, které zobrazí příslušnou pravdivostní tabulku. Pokud je vybrána část obvodu v obou chromozomech srovnávacího okna, potom jsou po kliknutí na tlačítko „Show TT“ zobrazeny pravdivostní tabulky obou podobvodů a zároveň jsou barevně vyznačeny stejné a rozdílné výstupní hodnoty, jak je ukázáno na obrázku 6.



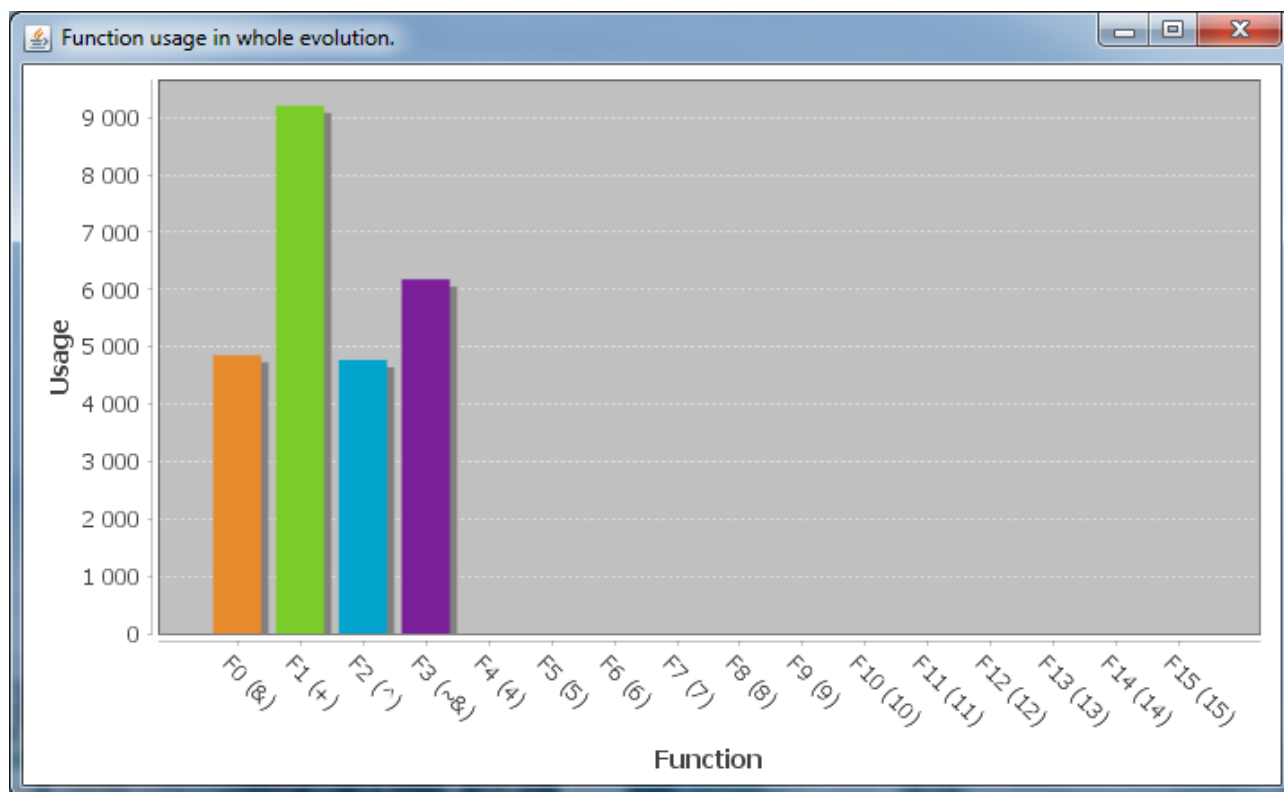
Obrázek 5: Výběr části obvodu.

a	b	c	O	a	b	c	O
0	0	0	1	0	0	0	1
0	0	1	1	0	0	1	1
0	1	0	1	0	1	0	1
0	1	1	1	0	1	1	1
1	0	0	1	1	0	0	1
1	0	1	1	1	0	1	1
1	1	0	0	1	1	0	1
1	1	1	1	1	1	1	0

Obrázek 6: Porovnání pravdivostních tabulek.

6 Statistika využití hradel

Okno s touto statistikou lze otevřít z menu v hlavním okně kliknutím na položku „Gate Usage“ nebo stiskem klávesové zkratky `ctrl+u`. Tato funkce vypočítá využití jednotlivých logických funkcí v hradlech každého nejlepšího chromozomu (tedy chromozomu, který je použit jako rodič v další generaci) v celé evoluci a výsledky zobrazí v podobě grafu, což je znázorněno na obrázku 7. Můžeme si všimnout, že na vodorovné ose jsou zaneseny logické funkce a na svislé ose je počet použití příslušné funkce.



Obrázek 7: Statistika využití hradel.