

УДК 621.382

МЕТОД СИНТЕЗА ДИСКРЕТНЫХ СХЕМ НА ПРОГРАММИРУЕМЫХ ЛОГИЧЕСКИХ МАТРИЦАХ С ПОМОЩЬЮ ЭВОЛЮЦИОННЫХ АЛГОРИТМОВ

Н.Г. ЛИПНИЦКАЯ

Белорусский государственный университет информатики и радиоэлектроники
П. Бровка, 6, Минск, 220013, Беларусь

Поступила в редакцию 3 ноября 2004

В статье предлагается алгоритм метода синтеза дискретных схем на ПЛМ с помощью эволюционных принципов. Предлагаемый метод использовался при проектировании блока обработки SpO_2 (насыщение артериальной крови кислородом) медицинского электронного прибора. Приведены экспериментальные результаты.

Ключевые слова: методы синтеза, эволюционные алгоритмы.

Введение

Основной целью синтеза дискретной схемы является получение схемы, реализующей заданную систему булевых функций и содержащую минимальное число элементов. Нахождение точных решений может оказаться трудоемким и поэтому неоправданным, а иногда и невозможным. В таких случаях применяются приближенные алгоритмы, позволяющие получить допустимые приближения к оптимальным решениям [1]. Одними из основных характеристик приближенных решений являются качество решения, определяющее степень его близости к искомому решению, и стоимость решения, выраженная через время, необходимое для расчета на вычислительной машине.

Для реализации дискретных схем часто используются программируемые логические матрицы (ПЛМ) и программируемые логические интегральные схемы (ПЛИС), поэтому большинство разрабатываемых методов синтеза ориентировано на данную элементную базу.

Предлагается осуществлять синтез дискретных схем на ПЛМ с помощью эволюционных алгоритмов. Идея эволюционных алгоритмов (ЭА) заключается в параллельной обработке множества альтернативных решений с выбором из них наиболее результативных. ЭА эффективно используют информацию, накопленную в процессе эволюции. Это обеспечивает перспективность использования ЭА для систем автоматизированного проектирования вычислительных устройств, при решении задач искусственного интеллекта и др.

ЭА используются для решения задач *проектирования и минимизации* дискретных схем. В процессе реализации алгоритма рассматривается множество потенциальных решений, называемое *популяцией*, которая изначально создается случайным образом. Популяция состоит из λ потенциальных решений. Каждое потенциальное решение задачи кодируется и представляется некоторой последовательностью символов (генов — $\{v_1, v_2, \dots, v_m\}$), называемой *хромосомой*. Для оценки хромосом вводится понятие *оценочной функции* (*fitness-функции*), которая показывает, насколько близко полученное решение к желаемому. Хромосомы с

наибольшими значениями *fitness*-функции получают больший шанс на выживание и попадают в следующее поколение.

Методика

В работе предлагается метод синтеза дискретных схем на ПЛИМ, которая представлена в виде хромосомы. Необходимо получить схему устройства, функционирующую в соответствии с заданной таблицей истинности, и минимизировать эту схему в соответствии с выбранными критериями.

В качестве критерия минимизации выбрано число промежуточных шин ПЛИМ.

Для представления ПЛИМ в виде хромосомы введем следующие обозначения: n — номер входного набора по таблице истинности $\{1 \dots r^K\}$; K — число входных переменных или число горизонтальных шин матрицы И $\{x_{1n} \dots x_{kn} \dots x_{Kn}\}$; N — число входных наборов; I — число вертикальных (промежуточных) шин; i — номер вертикальной шины $i \in \{1, 2, \dots, I\}$; J — число горизонтальных выходных шин матрицы ИЛИ $\{f_{1n} \dots f_{jn} \dots f_{Jn}\}$; j — индекс горизонтальной шины $j \in \{1, 2, \dots, J\}$; k — индекс входной переменной; v — ген в хромосоме; x_{kn} — значение входной переменной в соответствии с таблицей истинности; f_{jn}^f — значение выходной переменной в соответствии с таблицей истинности; q — минтермы $\{q_{1n} \dots q_{in} \dots q_{In}\}$.

С учетом введенных обозначений общий вид таблицы истинности представлен на рис. 1.

Таблица истинности	
$x_{K1} \dots x_{k1} \dots x_{21} x_{11}$	$f_{11}^f f_{21}^f \dots f_{j1}^f \dots f_{J1}^f$
$x_{K2} \dots x_{k2} \dots x_{22} x_{12}$	$f_{12}^f f_{22}^f \dots f_{j2}^f \dots f_{J2}^f$
...	...
$x_{Kn} \dots x_{kn} \dots x_{2n} x_{1n}$	$f_{1n}^f f_{2n}^f \dots f_{jn}^f \dots f_{Jn}^f$
...	...
$x_{KN} \dots x_{kN} \dots x_{2N} x_{1N}$	$f_{1N}^f f_{2N}^f \dots f_{jN}^f \dots f_{JN}^f$

Рис. 1. Общий вид таблицы истинности

ПЛИМ представляет собой композицию двух элементарных матричных схем — конъюнктивной — матрица И, составляющей первый ярус ПЛИМ и дизъюнктивной — матрица ИЛИ, составляющей второй ярус ПЛИМ. Структура ПЛИМ и ее кодирование представлены на рис. 2.

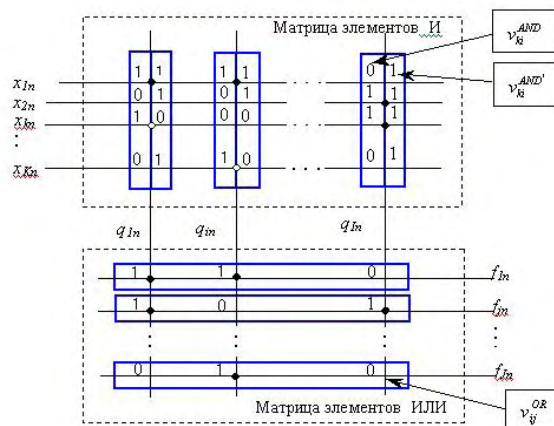


Рис. 2. Структура ПЛИМ

В хромосоме представляются все элементы матрицы И, затем ИЛИ.

Представление матрицы элементов И:

описываются узлы промежуточных шин матрицы И — сверху вниз и слева направо;

каждый узел матрицы описывается 2 генами: первый ген v_{ki}^{AND} определяет наличие соединения в анализируемом элементе И (1 — соединение есть, 0 — отсутствует);

второй ген v_{ki}^{AND*} определяет тип входа: 1 — прямой, 0 — инверсный;

максимальное число элементов И — N_{max}^{AND} равно числу строк r^K в таблице истинности для полностью определенных функций.

Представление матрицы элементов ИЛИ:

описываются узлы выходных шин матрицы ИЛИ — слева направо и сверху вниз;

на каждый узел матрицы ИЛИ отводится 1 ген v_{ij}^{OR} : 1 — наличие соединения, 0 — отсутствие;

число элементов ИЛИ равно числу выходных переменных в таблице истинности.

Хромосома имеет следующий вид:

$$C = \left\{ \begin{array}{cccccccccc} v_{11}^{AND} & v_{11}^{AND*} & v_{21}^{AND} & v_{21}^{AND*} & \dots & v_{k1}^{AND} & v_{k1}^{AND*} & \dots & v_{K1}^{AND} & v_{K1}^{AND*} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ v_{1i}^{AND} & v_{1i}^{AND*} & v_{2i}^{AND} & v_{2i}^{AND*} & \dots & v_{ki}^{AND} & v_{ki}^{AND*} & \dots & v_{Ki}^{AND} & v_{Ki}^{AND*} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ v_{1I}^{AND} & v_{1I}^{AND*} & v_{2I}^{AND} & v_{2I}^{AND*} & \dots & v_{kI}^{AND} & v_{kI}^{AND*} & \dots & v_{KI}^{AND} & v_{KI}^{AND*} \\ v_{11}^{OR} & v_{21}^{OR} & \dots & v_{i1}^{OR} & \dots & v_{I1}^{OR} & & & & \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ v_{1j}^{OR} & v_{2j}^{OR} & \dots & v_{ij}^{OR} & \dots & v_{Ij}^{OR} & & & & \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ v_{1J}^{OR} & v_{2J}^{OR} & \dots & v_{iJ}^{OR} & \dots & v_{IJ}^{OR} & & & & \end{array} \right\}.$$

Синтез дискретных схем на ПЛМ осуществляется по следующему алгоритму.

Задание переключательной функции синтезируемого устройства в виде таблицы истинности.

1. Выбор исходных данных:

Задание параметров для ЭА: λ — число хромосом в популяции; N_{gen} — число поколений; тип ЭА — эволюционная стратегия.

2. Выбор параметров структуры ПЛМ:

I — число промежуточных шин. Максимально возможное число промежуточных шин равно числу строк таблицы истинности r^K . Установлено, что $I=r^K/2$; J — число выходных горизонтальных шин. Число выходных горизонтальных шин равно числу выходных переменных таблицы истинности.

3. Инициализация (данное и все последующие действия выполняются программно).

Формирование исходной популяции происходит случайным образом:

Формируются матрицы элементов И, ИЛИ.

Формируются хромосомы и создается начальная популяция, состоящая из λ хромосом.

4. Оценка каждой хромосомы в популяции выполняется с учетом следующих критериев:

F_1 — проверяет совпадения исходных и полученных значений функций по таблице истинности;

F_2 — сокращает случайным образом число промежуточных шин в полученной схеме.

Оценивается хромосома с помощью *fitness*-функции:

$$F = \begin{cases} F_1, & \text{если } F_1 < 100\%, \\ F_1 + F_2, & \text{если } F_1 = 100\%, \end{cases}$$

где F_1 определяет процент совпадений значений выходов полученной схемы в соответствии с заданной таблицей истинности и равен:

$$F_1 = \frac{N_{out}^{correct}}{r^K N_{output}} 100, \quad (2)$$

где $N_{out}^{correct}$ — число совпадений значений заданной и синтезируемой функций, расположенных на анализируемых наборах таблицы истинности для всех выходов схемы; N_{output} — число выходов в схеме, реализующей переключательную функцию.

Если все анализируемые наборы аргументов и функции заданной и полученной таблицы истинности совпали, то получена схема, реализующая заданную систему булевых функций, следовательно, $F_1=100\%$. Далее происходит процесс минимизации промежуточных шин.

F_2 — минимизирует полученную ПЛМ по числу неиспользованных промежуточных шин.

$$F_2 = \frac{\sum_{i=0}^I \left\{ \min \left(\sum_{j=0}^J v_{ij}^{OR}, 1 \right) \right\}}{I}. \quad (3)$$

5. Вычисляется оценка вероятности наличия соединения в каждом узле матриц И, ИЛИ.

Для того чтобы максимально использовать потенциальные возможности ЭА с учетом архитектуры ПЛМ, в предлагаемом алгоритме вводилась оценка вероятности нахождения узла во включенном состоянии. Вероятность наличия соединения в каждом узле матриц И, ИЛИ определяет вероятность мутации каждого гена в хромосоме. Значение вероятности показывает необходимость наличия соединения в анализируемом узле. Если вероятность равна 1, то узел включается.

Для определения P_{ij}^{OR} — вероятности наличия соединения в каждом узле матрицы элементов ИЛИ — необходимы значения минтермов, значения выходной переменной на анализируемом наборе входных переменных по таблице истинности, значение гена v_{ij}^{OR} , сформированное случайным образом, ранее при создании популяции.

P_{ij}^{OR} вычисляется по формуле:

$$P_{ij}^{OR} = \begin{cases} 0, & \text{при } \sum_{n=0}^N (q_{in} \& \overline{f_{jn}^T}) > 0, \\ \sum_{n=0}^N \frac{f_{jn}^T \& q_{in}}{\max \left(\left(\sum_{l=0}^I (q_{ln} \& v_{lj}^{OR}), 1 \right) \right)} & \text{при } \sum_{n=0}^N (q_{in} \& \overline{f_{jn}^T}) = 0. \end{cases} \quad (4)$$

Для определения P_{ki}^{AND} — вероятности нахождения узла матрицы И во включенном состоянии — необходимо знать значения генов матриц И, ИЛИ, сформированные в п. 3 и п. 9 на анализируемой промежуточной шине i . В случае если отсутствуют соединения на промежуточной шине i в матрице ИЛИ, то необходимо включить соединения в элементах матрицы И для того, чтобы в дальнейшем использовать данную шину. P_{ki}^{AND} определяется следующим образом:

$$P_{ki}^{AND} = \begin{cases} 1, & \text{при } \sum_{j=0}^J v_{ij}^{OR} = 0, \\ 0, & \text{при } \sum_{j=0}^J v_{ij}^{OR} > 0 \text{ и } v_{ki}^{AND} = 0, \\ 1 - \frac{\sum_{n=0}^N (x_{kn} \oplus v_{ki}^{AND*} \& v_{ki}^{AND}) \prod_{l=0}^{K, l \neq k} (x_{ln} \oplus v_{li}^{AND*} \& v_{li}^{AND}) \prod_{l=0}^J (v_{il}^{OR} \vee f_{ln}^T)}{2^{\sum_{i=0}^K v_{ii}^{AND}} \& \sum_{l=0}^K v_{li}^{AND}}, & \\ \text{при } \sum_{j=0}^J v_{ij}^{OR} > 0 \text{ и } v_{ki}^{AND} = 1. \end{cases} \quad (5)$$

Если $P_{ki}^{AND} = 1$, т.е. узел включен, следовательно, необходимо определить тип входного сигнала (прямой или инверсный). P_{ki}^{AND*} — вероятность инверсии входного сигнала — определяется по формуле:

$$P_{ki}^{AND*} = \begin{cases} 0,5 & \text{при } \sum_{j=0}^J v_{ij}^{OR} = 0, \\ v_{ki}^{AND*}, & \text{при } \sum_{j=0}^J v_{ij}^{OR} > 0. \end{cases} \quad (6)$$

6. Селекция: на основе значений *fitness*-функции F выбираются хромосомы-кандидаты для мутации.

7. Мутация: в выбранных ранее хромосомах п. 6 случайным образом с вероятностью по п. 5 меняются значения генов.

8. Вычисляется *fitness*-функция F для каждой хромосомы по формулам (1)–(3).

9. Если число генераций N_{gen} не превышает максимально допустимого значения, то увеличиваем его на единицу. Сформированная новая популяция рассматривается как текущая, после чего переходим к п. 5. В противном случае к п. 10.

10. Завершение алгоритма: в последней популяции определяется хромосома с максимальным значением *fitness*-функции, что и является решением задачи.

Экспериментальная часть (синтез блока SpO_2)

Сложность алгоритмов, используемых при обработке сигналов в пульсоксиметрах, объясняется высоким уровнем помех, сопровождающих регистрацию фотоплетизмограммы (ФПГ), а также требованием высокой точности измерений. Для регистрации и измерения физиологических параметров служат датчики, содержащие чувствительные элементы, преобразующие исследуемый физиологический параметр в электрический сигнал. Первоначально электрический сигнал датчика попадает в блок обработки, где происходит усиление сигнала, аппаратная фильтрация помех, измерение характеристик сигналов, имеющих диагностическую ценность. Далее обработка сигнала происходит с помощью процессора. Цифровая обработка сигналов в современных мониторах позволяет провести сложный многопараметровый анализ поступающей физиологической информации, что приводит к снижению влияния артефактов, возникающих при регистрации сигналов. В [2] предложен алгоритм обработки сигналов, поступающих от различных датчиков.

Процесс формирования таблицы истинности для блока обработки SpO_2 описан в [3].

Исходные данные для синтеза блока обработки сигнала SpO_2 :

Число входных переменных K	12
Число выходных переменных m	7
Число входных наборов на которых задана функция N	4096
Задаваемое число промежуточных шин I	2048
Число выходных горизонтальных шин J	7
Число генераций N_{gen}	9000

При синтезе логических схем методом ЭЛП важную роль играет зависимость значения Fitness-функции от числа генераций. Она определяет временные затраты при синтезе схем.

Исходная популяция хромосом формируется случайным образом. При $N_{gen}=1$ значение $F_1=65\%$. В течение первых 10 генераций значение F_1 достигает 92,91%, т.е. процент совпадений значений выходов полученной схемы в соответствии с заданной таблицей истинности и равен 92,91%. Зависимость значений $fitness$ -функции от числа генераций представлена на рис. 3

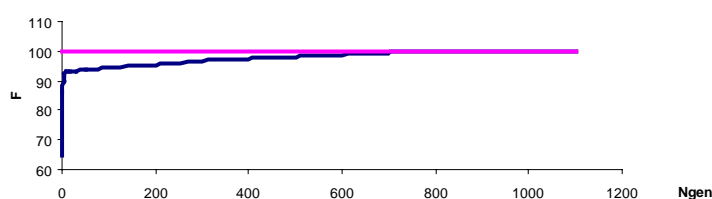


Рис. 3 Зависимость $fitness$ -функции от числа генераций

Результаты

$Fitness$ -функция	100,18457
Реальное число промежуточных шин	1670
Число генераций, за которое получена и минимизирована искомая схема N_{gen}	1100

Фрагмент изображения схемы блока обработки сигналов SpO_2 , реализованной на ПЛИМ с помощью ЭА, представлен на рис. 4

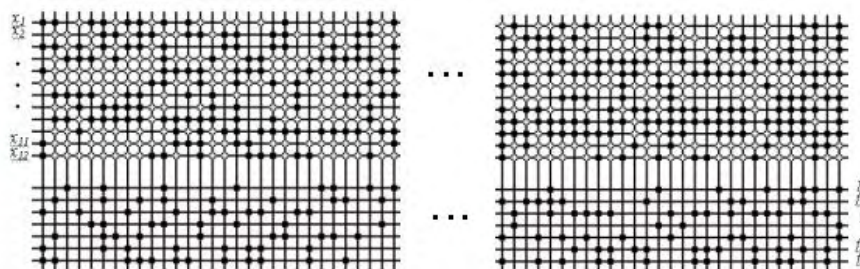


Рис.4. Фрагмент изображения схемы блока обработки сигналов SpO_2 , реализованной на ПЛИМ методом ЭЛП

Синтезированный блок обработки SpO_2 используется в портативном приборе для неинвазивной оценки параметров физиологического состояния пациентов "Монитор пациента" [4].

В качестве эволюционного алгоритма в работе использовалась эволюционная стратегия с применением оценки вероятности наличия соединения в каждом узле матриц И, ИЛИ. В результате работы предложенного алгоритма при $N_{gen}=777$ значение $fitness$ -функции $F=100\%$, т.е. с помощью предложенного метода удалось получить с небольшими временными затратами схему, реализующую заданную систему булевых функций.

Заклучение

В работе предложен новый алгоритм синтеза логических схем на ПЛИМ на базе основных принципов ЭА и с учетом характеристических особенностей решаемых задач. Этот метод использовался при проектировании блока обработки сигналов SpO₂, встроенного в портативный прибор "Монитор пациента". Исследована зависимость значений оценочной функции от числа генераций. В функционирующей схеме (12 входных переменных и 7 — выходных), полученной за число генераций $N_{gen}=1100$, число промежуточных шин составило $I=1670$.

Предложенный метод синтеза дискретных схем может быть использован при разработке широкой номенклатуры изделий, информационно-измерительных и управляющих систем.

THE SYNTHESIS METHOD OF ELECTRONIC CIRCUITS ON PLA USING EVOLUTIONARY ALGORITHMS

N.G. LIPNITSKAYA

Abstract

The method to synthesis the electronic circuits on PLA using various evolutionary computation algorithms are proposed in this paper. This method has been used to design the SpO₂ processing module (saturation of arterial blood by oxygen) for medical electronic device. The experimental data are discussed.

Литература

1. *Закревский А.Д.* Проблемы синтеза цифровых автоматов. М., 1967.
2. *Яцкевич Ю.В., Липницкая Н.Г., Усовик Н.С.* // 5-я Междунар. науч.-техн. конф. Физика и радиоэлектроника в медицине и экологии. Владимир, 2002. С. 164–165.
3. *Липницкая Н.Г.* // Докл. БГУИР. 2003. № 2. С. 118–120.
4. *Silkou M.I., Raviako R.M., Lipnitskaya N.G.* // 6th International Seminar on Science and Computing. Moscow, September 2003.