

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное
учреждение высшего образования
«ЮЖНЫЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

На правах рукописи



ЗРУБА ДАРЬЯ ВИКТОРОВНА

**«Биоинспирированные методы и алгоритмы разбиения схем при
автоматизированном проектировании СБИС»**

2.3.7 – Компьютерное моделирование и автоматизация проектирования

Автореферат
диссертации на соискание ученой степени
кандидата технических наук

Таганрог – 2023

Работа выполнена в федеральном государственном автономном образовательном учреждении «Южный федеральный университет»

Научный руководитель: доктор технических наук, профессор
Курейчик Владимир Викторович,
 ФГАОУ ВО «Южный федеральный университет»,
 заведующий кафедрой «Системы
 автоматизированного проектирования» г. Таганрог

Официальные оппоненты: доктор технических наук, профессор,
Прокопенко Николай Николаевич
 Институт сферы обслуживания и
 предпринимательства (филиал), ФГБОУ ВО
 «Донской государственный технический
 университет» Ростовской области, заведующий
 кафедрой «Информационные системы и
 радиотехника», г. Шахты

доктор технических наук, доцент,
Ромашенко Михаил Александрович,
 ФГБОУ ВО "Воронежский государственный
 технический университет",
 профессор кафедры «Конструирование и
 производство радиоаппаратуры», г. Воронеж

Защита состоится «22» сентября 2023 г. в 11:00 на заседании диссертационного совета ЮФУ 801.02.08 ФГАОУ ВО «Южный федеральный университет» по адресу: 347922, г. Таганрог, ул. Энгельса, 1, ауд. Г-439.

С диссертацией можно ознакомиться в Зональной научной библиотеке ФГАОУ ВО «Южный федеральный университет» по адресу 344000, Ростов-на-Дону, ул. Зорге, 21, ж и на сайте www.sfedu.ru

Автореферат разослан «30 »июня 2023 г.

Ученый секретарь
 диссертационного совета
 кандидат технических наук, доцент



Гладков Л.А.

ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

Актуальность работы. На сегодняшний день в области информатики и вычислительной техники возникают все новые проблемы, связанные с резкой интенсификацией информационных процессов. К одной из областей информатики относятся системы автоматизированного проектирования (САПР) и компьютерного моделирования. На текущем этапе развития науки и техники САПР микроэлектроники представляют собой движущую силу прогресса в различных областях.

Быстрые темпы развития технологий производства сверхбольших интегральных схем (СБИС) стали одной из основных причин повышения эффективности электронно-вычислительных средств (ЭВС), что способствовало уменьшению массы и габаритов устройств при увеличении быстродействия и уровня надежности.

На современном этапе наиболее весомый вклад в развитие САПР, компьютерного моделирования и биоинспирированных методов поиска внесли такие выдающиеся Российские и зарубежные ученые, как А.М. Бершадский, И.П. Норенков, Г.Г. Казеннов, Ю.Х. Вермишев, Л.С. Берштейн, В.М. Курейчик, П.И. Соснин, А.Л. Стемпковский, Д. Гольдберг, Д. Холланд, А. П. Карпенко, К.М. Пассино, К.Н. Кришнананд и др.

При проектировании СБИС наиболее трудоемким и трудозатратным является конструкторское проектирование схемы. В понятие конструкторского проектирования входит представление каждого элемента в виде его геометрического прообраза. Для этого проводится ряд проектных процедур таких как разбиение СБИС, планирование кристалла, размещение элементов на кристалле, трассировка соединений, упаковка и верификация. Реализация данных проектных процедур относится к задачам комбинаторно-логического типа, которые принадлежат к классу NP-полных задач, поиск точного решения которых возможно выполнить только полным перебором.

В связи с этим существующие методы автоматизированного проектирования СБИС не могут в полной мере обеспечить получение эффективных и качественных решений задачи разбиения схем. В связи с этим необходимо создание новых методов и средств компьютерного моделирования, основанных на вероятностных эвристиках поиска.

Одним из подходов к модернизации решений является многоуровневая оптимизация, основанная на алгоритмах, инспирированных живой природой, эффективность которых, как известно из литературных источников, превосходит классические алгоритмы. Поэтому с целью повышения качества проектирования и сокращения общей трудоемкости процесса и временных затрат **актуально и важно** создавать и разрабатывать новые методы компьютерного моделирования для разбиения схем на этапе конструкторского проектирования СБИС.

Цель диссертации состоит в повышении качества и эффективности автоматизированного разбиения схем с помощью методов и алгоритмов, инспирированных природными системами.

Достижение цели диссертации предусматривает решение ряда задач:

1. Разработать комбинированную архитектуру и построить многоуровневый алгоритм разбиения схем на основе поисковых эвристик, инспирированных природными системами.

2. Разработать унифицированный механизм кодирования и декодирования данных.

3. Разработать модифицированные бактериальный, светлячковый и генетические алгоритмы.

4. Построить модифицированные операторы генетического поиска.

5. Создать программно-алгоритмический комплекс для автоматизированного разбиения схем.

Объект исследования – СБИС.

Предмет исследования – модели, методы и средства поддержки автоматизированного разбиения схем.

Методы исследования. Для решения поставленных задач применяются теория графов, методы и алгоритмы математического и компьютерного моделирования, оптимизационные методы, инспирированные природными системами, и принципы и методы конструкторского проектирования. В рамках диссертационного исследования автор провел компьютерное моделирование предложенных методов и алгоритмов и провел вычислительный эксперимент на основе разработанного программного комплекса.

Научная новизна:

1. **Построена комбинированная архитектура поиска** и на ее основе создан **многоуровневый алгоритм** разбиения схем, отличающийся применением методов биоинспирированной оптимизации (бактериального, светлячкового, генетического). Данный алгоритм позволяет получать наборы эффективных решений и избегать заикливания в локальных оптимумах (пп. 4, 6 паспорта специальности 2.3.7), 47–50, 95-100 стр. диссертации.

2. **Разработаны модифицированные методы оптимизации, инспирированные природными системами** (бактериальный, светлячковый и генетический), отличающиеся возможностью создания динамической области принятия решений для каждого агента. Данные методы позволяют выходить из локальных оптимумов. (п. 4 паспорта специальности 2.3.7), 50-68 стр. диссертации.

3. **Разработаны модифицированные генетические операторы** на основе закона распределения Больцмана и прямоугольных чисел, позволяющие сократить время поиска (пп. 4, 6 паспорта специальности 2.3.7), 68-74 стр. диссертации.

4. **Предложен унифицированный механизм кодирования и декодирования решений** при разбиении схем, отличающийся организацией единого подхода к представлению данных, что позволяет исключать потери процессорного времени при их передаче на всех стадиях работы многоуровневого алгоритма (п. 6 паспорта специальности 2.3.7), 76-80 стр. диссертации.

5. **Разработаны модифицированные бактериальный, светлячковый и генетический алгоритмы** разбиения схем, позволяющие выходить из локальных оптимумов и получать наборы эффективных решений за счет использования новых

процедур и механизмов поиска (пп. 4, 6 паспорта специальности 2.3.7), 80-95 стр. диссертации.

Практическая ценность полученных результатов состоит в разработке программного комплекса и проведении компьютерного моделирования предложенных методов и алгоритмов разбиения при проектировании СБИС. Это позволило оценить качество полученных результатов и подтвердить преимущество разработанных методов, инспирированных природными системами.

Реализация и внедрение результатов работы.

Практические и теоретические результаты работы использованы и внедрены на предприятии ООО «НИЛ АП RealLab», четырех научно-исследовательских работах и в учебном процессе ИКТИБ ЮФУ.

Апробация. Основные научные и практические результаты работы докладывались и обсуждались на 15 конференциях различного уровня: IS&IT(2015-2020гг.) (пос. Дивноморское,), SCM'2018, SCM'2019 (г. Санкт-Петербург, 2018, 2019гг.), RusAutoCon'2019, RusAutoCon'2020 (г. Сочи, 2019, 2020 г.), ИТСАиУ (2019 г.), IEEE SED-2019) (г. Прага, 2019, IV ФиПАКТиИБ'18, IEEE AICT'16 (г. Баку); IEEE EWDTS (2015, 2020 г.);.

Публикации. По тематике диссертационного исследования опубликовано 28 научных работ, из них 6 статей в журналах из перечня ВАК, 12 статей в Scopus и WoS, 1 учебно-методическое пособие и 2 программы для ЭВМ с официальной государственной регистрацией.

Личный вклад. Автором была разработана математическая модель схемы на основе гиперграфа и целевой функции, учитывающей два критерия оптимальности: количество разрезов цепей и задержки сигнала в схеме. Построена комбинированная поисковая архитектура, в основе которой лежит выполнение биоинспирированных эвристик. Разработан ряд модифицированных биоинспирированных алгоритмов для реализации многоуровневого поиска. Кроме того, был разработан программный комплекс для компьютерного моделирования проектной процедуры автоматизированного разбиения схем.

Область исследования. Диссертационное исследование соответствует пп. 4, 6 паспорта научной специальности 2.3.7 – Компьютерное моделирование и автоматизация проектирования.

Структура и объем работы. Диссертационная работа включает введение, содержание, четыре раздела, заключение, 122 наименования библиографии и два приложения. Результаты работы изложены на 132 страницах, которые включают 72 рисунка и 13 таблиц. Полный объем диссертации составляет 156 страниц.

Основные положения, выносимые на защиту. На защиту выносятся основные тезисы проведенного научного исследования:

1. Комбинированная архитектура биоинспирированного поиска решений.
2. Модифицированные методы бактериальной, светлячковой и генетической оптимизации.
3. Унифицированный механизм кодирования и декодирования решений.

4. Модифицированные бактериальный, светлячковый и генетический алгоритмы, ориентированные на выполнение проектной процедуры разбиения схем.
5. Многоуровневый алгоритм разбиения схем.

Краткое содержание работы

Во введении приведены основные причины, обуславливающие актуальность проведения научных исследований в выбранной предметной области, определена цель работы и на ее основе поставлены задачи, которые необходимо решить для ее достижения, сформулированы научные результаты, имеющие научную новизну и практическую значимость, а также данные об их внедрении и апробации.

В первом разделе диссертационной работы на основе анализа состояния современных проблем проектирования СБИС выявлено, что проектная процедура разбиения является одной из наиболее важных при проектировании СБИС. В качестве математической модели (ММ) для решения данной задачи автор использовал гиперграф, что позволяет адекватно отобразить СБИС с точки зрения полноты информации. Представлена постановка задачи разбиения СБИС, а также выбран способ расчета целевой функции (ЦФ) на основе комплексного критерия F , учитывающего количество разрезов цепей C в схеме и оценку временной задержки прохождения сигнала в схеме D . В связи с различной размерностью критериев автор применяет метод аддитивной свертки для формирования комплексного критерия.

$$F = \omega_1 * C^N + \omega_2 * D^N,$$

где ω_1 и ω_2 - весовые коэффициенты, определяющие степень важности частных критериев. Цель оптимизации – минимизация комплексного критерия F .

Проведен обзор и анализ классических методов и алгоритмов для решения задачи разбиения схем, а также определены их сильные и слабые стороны. С учетом проведенного анализа обоснована целесообразность разработки новых комбинированных архитектур, в основе которых лежат современные параллельные и параллельно-последовательные алгоритмы, учитывающие все преимущества методов биоинспирированного поиска.

Во втором разделе приведены основные характеристики биоинспирированных методов оптимизации, а также основные характеристики и свойства популяционных алгоритмов. Благодаря их модульной структуре целесообразно использовать принципы комбинирования, гибридизации и интеграции для разработки новых эффективных многоуровневых подходов к решению разбиения схем. Целесообразность использования многоуровневого подхода обусловлена его способностью к адаптации к внешним условиям за счет возможности внедрения различных эвристических поисковых процедур.

Для решения поставленной задачи в работе предлагается комбинированная поисковая архитектура на основе многоуровневого подхода. В данной архитектуре

(рисунок 1) реализуются методы бактериального, светлячкового и генетического поиска. Последовательность их выполнения определяется шкалой выбора.



Рисунок 1 – Комбинированная архитектура поиска

Параметр шкалы выбора $prob$ может принимать одно значение из множества $\{-1, 0, 1\}$, где $prob = -1$ – последовательный поиск решения светлячковым и модифицированным генетическим методами, $prob = 0$ – последовательное выполнение бактериального и модифицированного генетического методов и $prob = 1$ параллельное выполнение светлячкового и бактериального методов с последующим улучшением решения на основе модифицированного метода генетического поиска.

Разработанная комбинированная архитектура поиска позволяет эффективно использовать преимущества биоинспирированных методов, а также организовать их работу в параллельном режиме, что способствует сокращению времени поиска набора квазиоптимальных решений в задаче разбиения схем. Здесь на первом уровне применяются модифицированный бактериальный и модифицированный светлячковый методы, схемы которых приведены на рисунках 2 и 3.

Бактериальный классический метод оптимизации основывается на последовательном выполнении ряда поисковых процедур, таких как хемотаксис (скрещивание), рассеивание и ликвидация. Для повышения качества решений, получаемых данным методом, в работе предлагается модификация, заключающаяся в динамическом варьировании числа шагов хемотаксиса, что способствует сохранению достаточно высокого уровня диверсификации на начальных стадиях поиска, и его интенсификации на завершающих этапах. Данный метод отличается расширяемостью, а параллельный поиск несколькими агентами позволяет сократить его время.



Рисунок 2 – Модифицированный метод бактериальной оптимизации

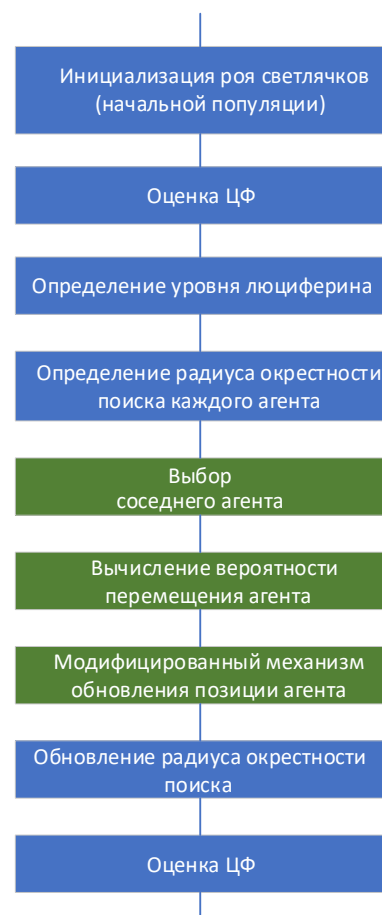


Рисунок 3 – Модифицированный светлячковый метод

Светлячковый классический метод оптимизации имитирует поведение роя светлячков и состоит из 4 глобальных этапов: начальное распределение агентов, изменение уровня люциферина, переход агентов в область с большей «концентрацией» перспективных решений, изменение размера окрестности для поисковых агентов. Для повышения качества получаемых решений автор предлагает изменить способ обновления текущей позиции агента путем оценивания показателя люциферина двух соседних агентов вместо одного. Данная модификация позволяет повысить вероятность получения более качественных решений за приемлемое время.

Для улучшения решений, полученных на предыдущем этапе, используется модифицированный метод генетического поиска. В основе классического генетического метода поиска лежит парадигма дарвиновской эволюционной модели «выживание сильнейших представителей вида». В диссертации модифицированный генетический метод основан на эволюционной стратегии Ж.Б. Ламарка «наследование благоприобретенных признаков». Схема данного метода представлена на рисунке 4. Такой метод наиболее эффективен при решении задач, обладающих множеством локальных оптимумов.

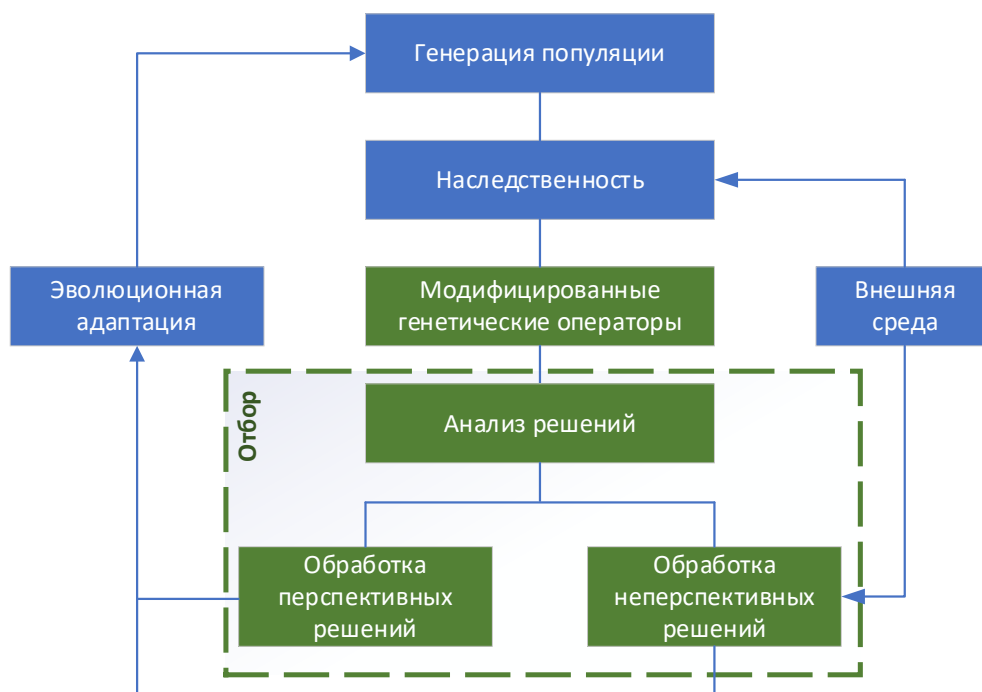


Рисунок 4 – Модифицированный метод генетического поиска на основе модели эволюции Ламарка.

Разработанный метод позволяет выявлять и сохранять перспективные и неперспективные альтернативные решения задачи в соответствующие блоки, а также производить в них изменения за счет выполнения модифицированных генетических операторов. При этом данный метод позволяет сконцентрировать поиск в окрестности перспективных решений, что позволяет получать наборы эффективных решений за приемлемое время. Еще одной модификацией классического метода генетического поиска является построение модифицированных генетических операторов, основанных на прямоугольных числах и законе распределения Больцмана, позволяющие сократить интервал неопределенности и сузить пространство поиска.

В связи с тем, что все биоинспирированные алгоритмы нуждаются в строгой формализации входных данных, предлагается единый подход к представлению данных, описанный в **третьем разделе** диссертационной работы. В основе данного подхода лежит унифицированный механизм кодирования и декодирования альтернативных решений в виде последовательности обработки элементов схемы. Такой подход позволяет сократить потери процессорного времени при передаче данных при реализации различных биоинспирированных алгоритмов.

С учетом построенной архитектуры на первом уровне поиска реализуется бактериальный алгоритм, впервые примененный автором для решения задачи разбиения схем, представленный на рисунке 5.

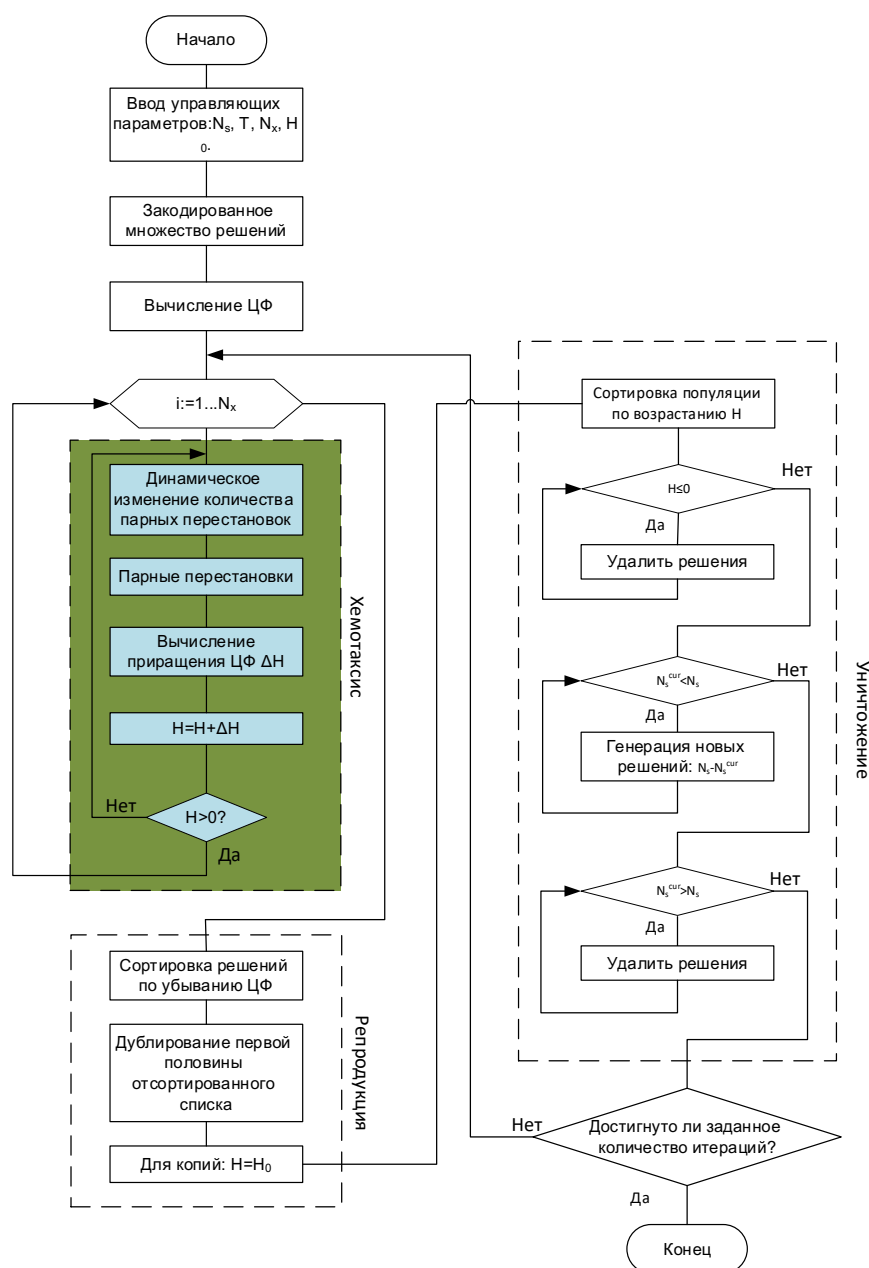


Рисунок 5 – Схема бактериального алгоритма разбиения схем

Разработанный алгоритм включает следующие шаги: ввод настроечных параметров, создания начальной популяции, хемотаксис (скрещивание), репродукция и уничтожение. Для уменьшения временных затрат при проектировании предложена модификация, заключающаяся в динамическом изменении количества шагов хемотаксис, что автор интерпретирует как изменение количества парных перестановок.

В качестве альтернативного способа решения поставленной задачи автор предлагает модифицированный алгоритм разбиения схем, инспирированный поведением роя светлячков (рисунок 6).

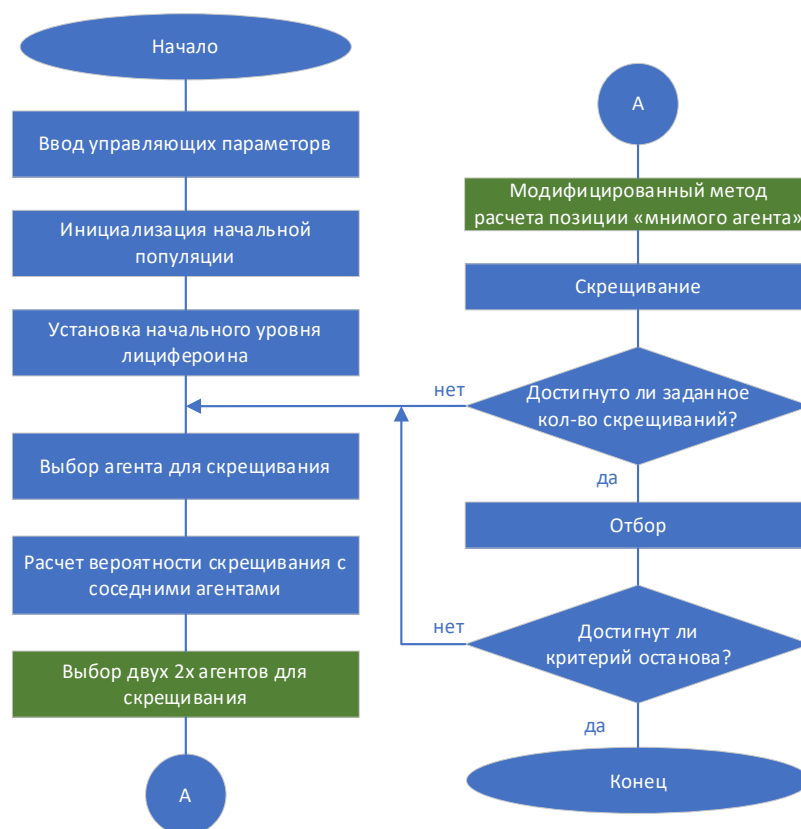


Рисунок 6 – Схема работы алгоритма разбиения СБИС, основанного на поведении роя светлячков

Данный алгоритм включает следующие основные шаги: ввод управляющих параметров, генерация начальной популяции решений, расчет вероятностей выбора агентов для скрещивания на основании уровня люциферина, селекция, скрещивание и отбор. В качестве основного механизма генерации альтернативных решений выступает оператор скрещивания, реализующий частично-соответствующий оператор кроссинговера. Модификация алгоритма состоит в реализации метода выбора пары хромосом для последующего выполнения ОК. Скрещивание производится с «мнимым» агентом, который формируется на основе показателя люциферина двух других агентов, что позволяет частично избежать преждевременной сходимости разработанного алгоритма.

На втором этапе комбинированной архитектуры поиска выполняется модифицированный генетический алгоритм, который с некоторой долей вероятности позволит оптимизировать полученные результаты. Схема алгоритма приведена на рисунке 7. Модифицированный генетический алгоритм реализует модель эволюции Ламарка «Наследование приобретенных признаков», а модифицированные генетические операторы способствуют повышению качества получаемых решений и сокращению области поиска.

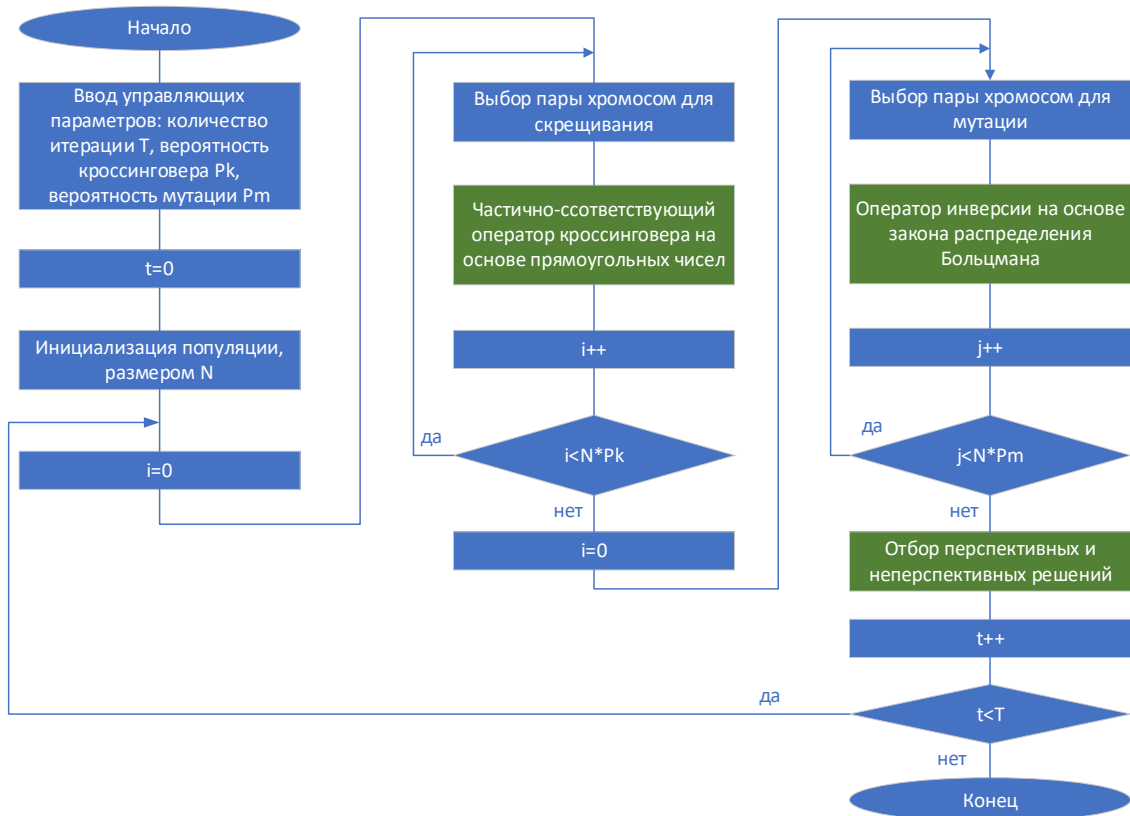


Рисунок 7 – Схема работы модифицированного генетического алгоритма

Для достижения баланса между скоростью сходимости алгоритма и качеством получаемых решений, а также уменьшения вероятности попадания в локальный оптимум был предложен многоуровневый алгоритм разбиения СБИС, основанный на бактериальной, светлячковой и генетической эвристиках. Общая схема работы многоуровневого алгоритма разбиения представлена на рисунке 8.

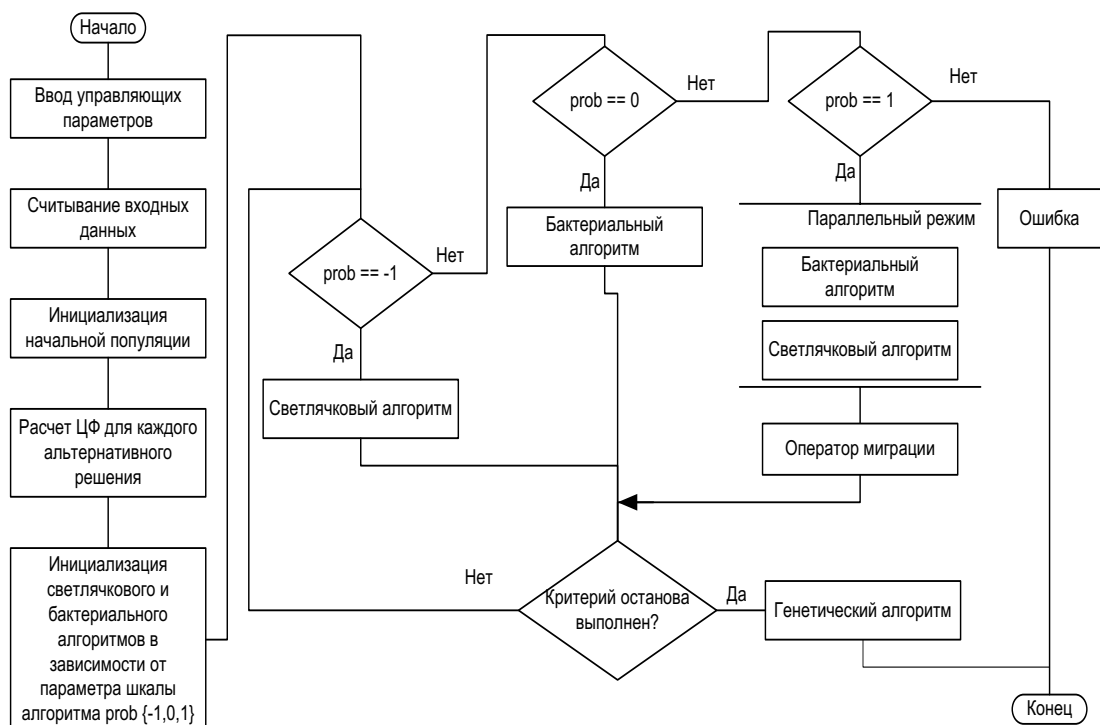


Рисунок 8 – Схема работы многоуровневого алгоритма разбиения СБИС

В общем случае для начального разбиения в зависимости от значения параметра *prob* выполняются бактериальный или светлячковый алгоритмы, или оба параллельно. Затем проверяется критерий останова алгоритма, и, если не получено решение заданного качества, то для продолжения процесса поиска полученная популяция поступает на вход модифицированного генетического алгоритма. При параллельном режиме работы новая популяция создается путем объединения полученных наборов альтернативных решений (после выполнения биоинспирированных алгоритмов) за счет реализации модифицированного оператора миграции на основе вероятностного отбора.

Процесс миграции выполняется путем фиксирования изначальных секторов рулетки в соответствии с коэффициентом φ , где значение $\varphi \in [0,1]$. Данный коэффициент определяет процент вхождения количества альтернативных решений в объединенную популяцию.

Отметим, что реализация разработанных модифицированных алгоритмов в параллельном режиме позволяет существенно сократить время поиска набора квазиоптимальных решений в задаче разбиения схем.

В четвертом разделе приведена цель разработки программного комплекса для разбиения схем, а на ее основе сформулированы задачи, решаемые при его создании. Данный комплекс имеет модульную структуру и включает блок для ввода информации о тестовых схемах для проведения эксперимента, блок для ввода настроечных параметров разработанных биоинспирированных алгоритмов и блок для вывода результатов экспериментов. Внешний вид разработанного программного комплекса представлен на рисунке 9.

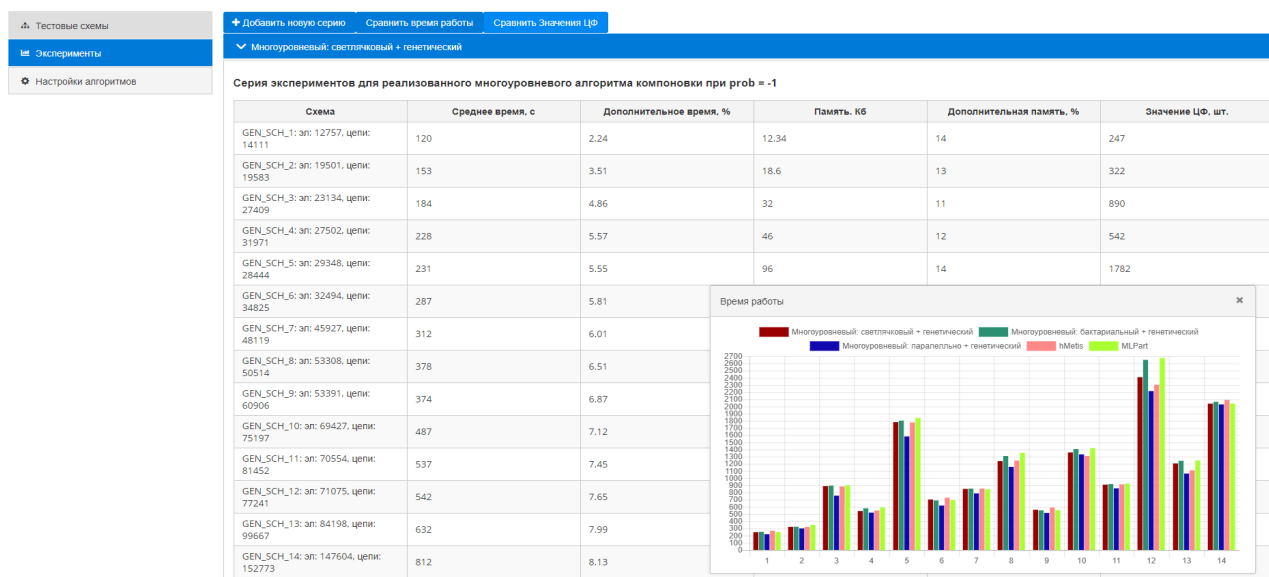


Рисунок 9 – Интерфейс программного комплекса

Разработанный программный комплекс позволил провести 5 типов экспериментальных исследований на тестовых схемах IBM при различных значениях весовых коэффициентов ЦФ, определяющих степень значимости частных критериев. Полученные результаты подтвердили эффективность предложенных архитектур, методов и алгоритмов и позволили определить

временные затраты на работу алгоритма и значение ЦФ для многоуровневого алгоритма при различных значениях параметра prob и известных алгоритмов разбиения MLPart и hMetis. Результаты сравнения приведены на рисунках 10-13.

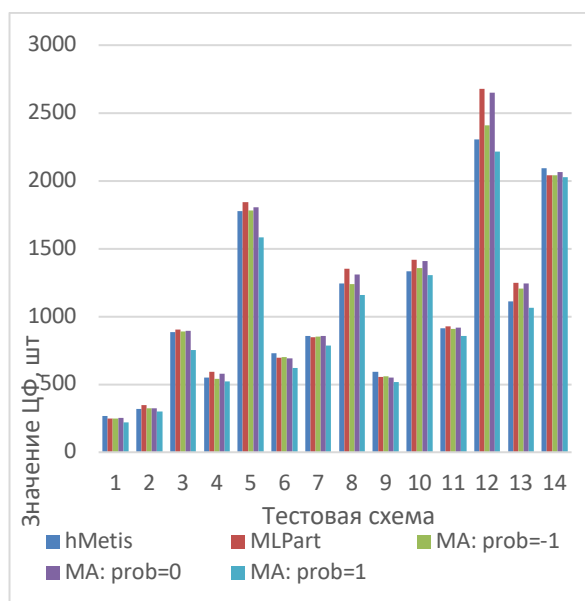


Рисунок 10— Гистограмма сравнения

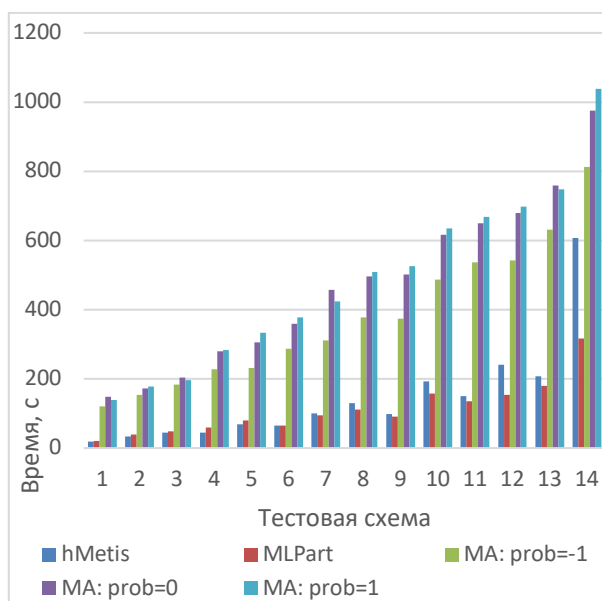


Рисунок 11— Гистограмма сравнения

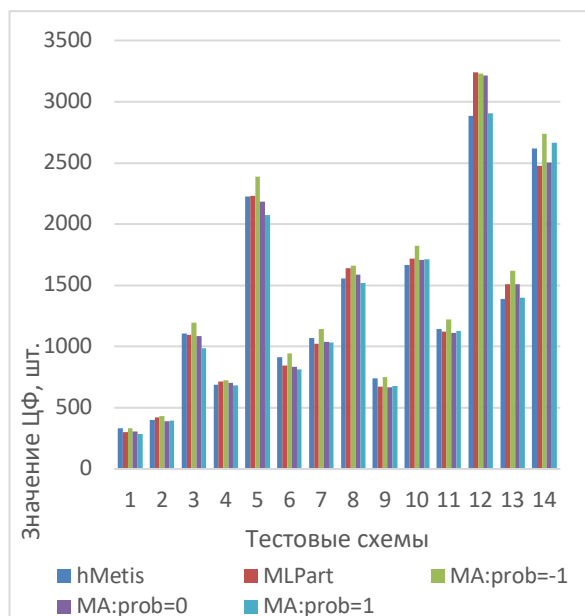


Рисунок 12— Гистограмма сравнения

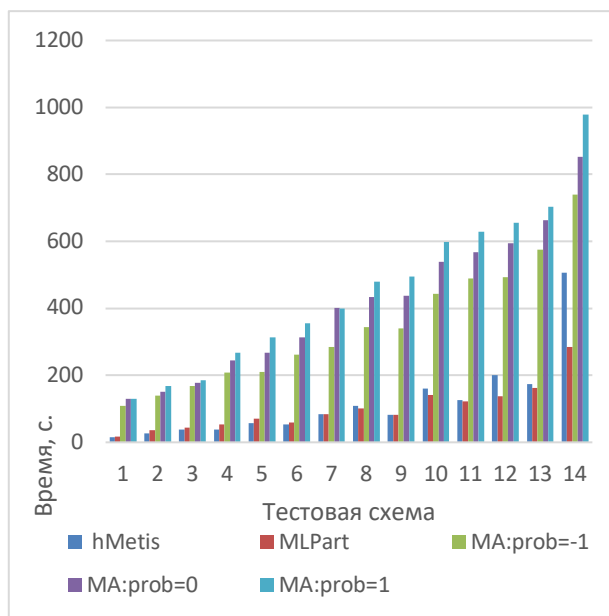


Рисунок 13— Гистограмма сравнения

Проведенные экспериментальные исследования способствовали уточнению теоретической временной сложности алгоритма для схем различной размерности. При реализации параллельного режима работы качество разбиения схем в среднем на 6,84% превосходит результаты, которые были получены алгоритмами hMetis и MLPart, что говорит не только об эффективности разработанного многоуровневого алгоритма, но и об эффективности разработанного программного комплекса.

В заключении сформулированы основные результаты, полученные автором в процессе исследования.

Приложение состоит из свидетельств и актов внедрения.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Основным результатом проведенного исследования является повышение качества разбиения схем за счет использования разработанных алгоритмов, инспирированных природными системами, которые позволили получать квазиоптимальные решения в рамках полиномиального времени работы алгоритмов.

Проведенные теоретические и практические исследования позволили получить следующие научные результаты:

1. Проведен обзор и последующий анализ актуальных методов разбиения схем, определены их сильные и слабые стороны, а также обоснована актуальность и важность проведения данного исследования. Приведена постановка задачи разбиения схем, в основе которой лежит гиперграфовой модель, с учетом комплексного критерия оптимизации.

2. Проанализированы и разработаны биоинспирированные методы и средства оптимизации, направленные на поиск решений высокого качества при выполнении проектной процедуры разбиения схем.

3. Разработана комбинированная архитектура биоинспирированного поиска, которая позволяет эффективно использовать преимущества биоинспирированных методов оптимизации, а также организовать их работу в параллельном режиме, что способствует повышению качества получаемых решений и сокращения области поиска.

4. Разработаны модифицированные методы бактериальной, светлячковой и генетической оптимизации, позволяющие избегать локальных оптимумов.

5. Построены модифицированные генетические операторы на основе теории прямоугольных чисел и законе распределения Больцмана, направленные на увеличение вероятности сохранения в популяции решений с высоким значением ЦФ, что способствует уменьшению интервала неопределенности.

6. Разработан унифицированный механизм кодирования и декодирования альтернативных решений, позволяющий сократить потери процессорного времени при передаче данных между различными этапами работы многоуровневого алгоритма.

7. Разработаны модифицированные биоинспирированные алгоритмы (бактериальный, светлячковый и генетический), направленные на решение задачи разбиения схем, которые позволяют частично избежать предварительной сходимости и находят решения высокого качества в пределах полиномиального времени работы алгоритма.

8. Разработан многоуровневый алгоритм поиска оптимальных решений, в основе которого лежат методы бактериального, светлячкового и генетического

поиска. Данный алгоритм позволяет уменьшить время работы алгоритма за счет реализации параллельной работы нескольких биоинспирированных алгоритмов.

9. Разработан программный комплекс для исследования характеристик разработанных методов и алгоритмов и их сравнения с известными аналогами.

10. Проведено 5 типов экспериментов на тестовых схемах IBM. Качество решений, получаемых при параллельном режиме работы многоуровневого алгоритма, в среднем на 6,84% превосходит качество решений, полученных известными алгоритмами hMetis и MLPart, что говорит об эффективности разработанных в диссертации методов и алгоритмов.

Совокупность полученных в диссертации теоретических и практических результатов позволяет сделать вывод о том, что цель исследований достигнута, а сформулированная проблема полностью решена.

ПУБЛИКАЦИИ ПО ТЕМЕ ДИССЕРТАЦИОННОЙ РАБОТЫ

Статьи в изданиях, рекомендованных ВАК РФ:

1. Запорожец, Д. Ю. Об одном способе кодирования решения для задачи размещения / Д. Ю. Запорожец, Д. В. Заруба, А. А. Лежебоков // Известия ЮФУ. Технические науки. – 2012. – № 11(136). – С. 183-188

2. Курейчик, В. В. Алгоритм параметрической оптимизации на основе модели поведения роя светлячков / В. В. Курейчик, Д. В. Заруба, Д. Ю. Запорожец // Известия ЮФУ. Технические науки. – 2015. – № 6(167). – С. 6-15

3. Заруба, Д. В. Генерация биоинспирированных поисковых процедур для решения оптимизационных задач / Д. В. Заруба, Д. Ю. Запорожец // Известия ЮФУ. Технические науки. – 2016. – № 6(179). – С. 13-24

4. Запорожец, Д. Ю. Параллельный популяционный алгоритм / Д. Ю. Запорожец, Д. В. Заруба // Известия ЮФУ. Технические науки. – 2018. – № 4(198). – С. 136-145. – DOI 10.23683/2311-3103-2018-4-136-145

5. Курейчик, В. В. Двухуровневый алгоритм разбиения графа на части / В. В. Курейчик, Д. В. Заруба // Известия ЮФУ. Технические науки. – 2019. – № 2(204). – С. 6-15. – DOI 10.23683/2311-3103-2019-2-6-15

6. Заруба, Д. В. Разработка биоэвристик для создания интеллектуальной подсистемы принятия эффективных решений NP-трудных и NP-сложных комбинаторно-логических задач на графах / Д. В. Заруба, Э. В. Кулиев, Д. Ю. Запорожец, М. М. Семенова // Известия ЮФУ. Технические науки. – 2021. – № 4(221). – С. 117-128. – DOI 10.18522/2311-3103-2021-4-117-128

Публикации в изданиях, индексируемые в базах «Scopus» и «Web of science»:

7. Kureichik, V. Combined approach to place electronic computing equipment circuit elements / V. Kureichik, V. Jr. Kureichik, D. V. Zaruba // Proceedings of 2015 IEEE East-West Design and Test Symposium, EWDTS 2015. – 2015. – Art No 7493134 (pp. 1-5). – DOI 10.1109/EWDTS.2015.7493134

8. Kureichik, V. V. Partitioning of VLSI fragments based on the model of glowworm's behavior / V. V. Kureichik, D. Y. Zaporozhets, D. V. Zaruba // Proceedings of the 19th International Conference on Soft Computing and Measurements, SCM 2016. – 2016. – P. 268-272. – DOI 10.1109/SCM.2016.7519750
9. Kureichik, V. Generation of bioinspired search procedures for optimization problems / V. Kureichik, D. Zaporozhets, D. Zaruba // Application of Information and Communication Technologies, AICT 2016 - Conference Proceedings. – 2016. – P. 7991822. – DOI 10.1109/ICAICT.2016.7991822
10. Kureichik, V. V. Hybrid bioinspired search for schematic design / V. V. Kureichik, V. Kureichik Jr, D. Zaruba // Advances in Intelligent Systems and Computing. – 2016. – Vol. 451. – P. 249-255. – DOI 10.1007/978-3-319-33816-3_25
11. Zaruba, D. Parametric optimization based on bacterial foraging optimization / D. Zaruba, D. Zaporozhets, E. Kuliev // Advances in Intelligent Systems and Computing. – 2017. – Vol. 573. – P. 54-63. – DOI 10.1007/978-3-319-57261-1_6
12. Kureichik, V. Hybrid approach for graph partitioning / V. Kureichik, D. Zaruba // Advances in Intelligent Systems and Computing. – 2017. – Vol. 573. – P. 64-73. – DOI 10.1007/978-3-319-57261-1_7
13. Zaporozhets, D. Bacterial foraging optimization for VLSI fragments placement / D. Zaporozhets, D. Zaruba // Advances in Intelligent Systems and Computing. – 2018. – Vol. 679. – P. 341-348. – DOI 10.1007/978-3-319-68321-8_35
14. Zaruba, D. Glowworm Swarm Optimization Algorithm for Computer Equipment Partitioning / D. Zaruba, D. Zaporozhets, N. Kulieva // 2019 International Seminar on Electron Devices Design and Production, SED 2019. – 2019. – P. 8798435. – DOI 10.1109/SED.2019.8798435
15. Kureichik, V. Integrated Approach for Partitioning of Electronic Computer Equipment Blocks / V. Kureichik, D. Zaruba // Proceedings - 2019 International Russian Automation Conference, RusAutoCon 2019. – 2019. – P. 8867613. – DOI 10.1109/RUSAUTOCON.2019.8867613
16. Zaruba, D. Ultragraph Model for ECE Component Partitioning / D. Zaruba, E. Kuliev, D. Zaporozhets // 2020 IEEE East-West Design and Test Symposium, EWDTs 2020. – 2020. – P. 9225027. – DOI 10.1109/EWDTs50664.2020.9225027
17. Zaporozhets, D. Distributed approach for optimization problems / D. Zaporozhets, D. Zaruba // IOP Conference Series: Materials Science and Engineering. – 2020. – Vol. 734. – P. 12145. – DOI 10.1088/1757-899X/734/1/012145
18. Kureichik, V. Integrated Approach to Combinatorial and Logic Graph Problems / V. Kureichik, D. Zaruba // Lecture Notes in Electrical Engineering. – 2022. – Vol. 857 LNEE. – P. 203-213. – DOI 10.1007/978-3-030-94202-1_20.

Публикации в других изданиях:

19. Zaporozhets, D. Y. Hybrid bionic algorithms for solving problems of parametric optimization / D. Y. Zaporozhets, D. V. Zaruba, V. V. Kureichik // World Applied Sciences Journal. – 2013. – Vol. 23, No. 8. – P. 1032-1036. – DOI 10.5829/idosi.wasj.2013.23.08.13127

20. Курейчик, В. В. Компоновка фрагментов СБИС на основе модели поведения роя светлячков / В. В. Курейчик, Д. Ю. Запорожец, Д. В. Заруба // Международная конференция по мягким вычислениям и измерениям. – 2016. – Т. 1. – С. 463-466

21. Курейчик, В. В. Компоновка блоков ЭВА на основе двухуровневого подхода / В. В. Курейчик, В. В. Курейчик, Д. В. Заруба // Международная конференция по мягким вычислениям и измерениям. – 2018. – Т. 1. – С. 781-784

22. Заруба, Д. В. Светлячковый алгоритм компоновки блоков ЭВА / Д. В. Заруба // Информационные технологии, системный анализ и управление : сборник трудов XVI Всероссийской научной конференции молодых ученых, аспирантов и студентов (Таганрог, 5–7 декабря 2018 г.) : в 3 томах. Т. 1 / сост. Е. Ю. Косенко, А. Я. Номерчук, А. Е. Титов, В. В. Шадрин [и др.]. – Ростов-на-Дону ; Таганрог : Издательство Южного федерального университета, 2018. – С. 17-22.

23. Кулиева, Н. В. Модифицированный алгоритм биоинспирированной оптимизации в задачах конструкторского проектирования / Н. В. Кулиева, Д. В. Заруба, Д. Ю. Терещенко // V Всероссийская научно-техническая конференция молодых ученых, аспирантов, магистрантов и студентов "Фундаментальные и прикладные аспекты компьютерных технологий и информационной безопасности" : сборник статей Всероссийской научно-технической конференции, 01-07 апреля 2019 г. – Таганрог, 2019. – С. 263-265

24. Заруба, Д. В. Компоновка блоков ЭВА на основе биоинспирированных методов поиска / Д. В. Заруба // Современные компьютерные технологии : сборник статей научно-методической конференции, Таганрог, 25–29 февраля 2020 г.. – Таганрог, 2020. – С. 4-9.

25. Курейчик, Вл. Вл. Оценка эффективности гибридного алгоритма при решении задач конструкторского проектирования на тестовых примерах (бенчмарках) / Вл. Вл. Курейчик, Д. В. Заруба // Международный научно-технический конгресс "Интеллектуальные системы и информационные технологии – 2020". "ИС & ИТ-2020" "IS&IT'20" : труды конгресса : в 2 т. Т. 1. – Таганрог : Изд-во Ступина С. А., 2020. — С. 129-134.

26. Эволюционное моделирование и генетические алгоритмы : методические указания к выполнению цикла лабораторных работ / В. В. Курейчик, Вл. Вл. Курейчик, Д. Ю. Запорожец, Д. В. Заруба; Министерство образования и науки Российской Федерации, Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования "Южный федеральный университет", Инженерно-технологическая академия. Ч. 1. – Ростов-на-Дону ; Таганрог : Южный федеральный университет, 2017. – 75 с.

Свидетельства об официальной регистрации программ для ЭВМ:

27. Свидетельство о государственной регистрации программы для ЭВМ № 2017663572 Российская Федерация. Программная реализация бактериального алгоритма размещения разноразмерных элементов на плоскости : № 2017660364 : заявл. 16.10.2017 : опубл. 07.12.2017 / Д. Ю. Запорожец, Д. В. Заруба ;

правообладатель федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Южный федеральный университет» (Южный федеральный университет)

28. Свидетельство о государственной регистрации программы для ЭВМ № 2018616455 Российская Федерация. Программная реализация гибридного алгоритма компоновки фрагментов СБИС на основе композиции генетической и муравьиной эвристик : № 2018613873 : заявл. 18.04.2018 : опубл. 01.06.2018 / Д. Ю. Запорожец, Д. В. Заруба, В. В. Бова ; правообладатель федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Южный федеральный университет» (Южный федеральный университет)

Личный вклад автора. В работах:

[1, 3, 6, 9, 17] –методы представления данных при решении задач этапа конструкторского проектирования

[2, 8, 14, 20, 22] – оптимизационные методы и алгоритмы на основе поведения роя светлячков

[11, 13] – оптимизационные методы и алгоритмы на основе поведения колонии бактерий

[7, 10, 12, 15, 16, 18, 19] – комбинированные, гибридные и интегрированные алгоритмы биоинспирированной оптимизации.

[4, 5, 17, 21] –многоуровневые, параллельные и распределенные подходы и архитектуры поиска.

[23, 24, 26] – методы и алгоритмы, инспирированные природными системами.

[25, 27, 28] – программные подсистемы для определения эффективности алгоритмов, инспирированных природными системами.

Подписано в печать «___» _____ 2023 г.
Бумага офсетная. Печать офсетная. Формат $60 \times 84 \frac{1}{16}$
Усл. печ. л. 1,00. Уч.-изд. л. 1,00. Тираж 100 экз. Заказ

Отпечатано в
КИБИ МЕДИА ЦЕНТРЕ ЮФУ.
344090, г. Ростов-на-Дону, пр. Стачки, 200/1, тел (863) 243-41-66.