

УДК 004.415

DOI: <https://doi.org/10.17721/3041-2323.2024.341-346>

Андрій САМОЙЛЕНКО, асп.  
e-mail: a.samoylenko95@gmail.com  
Державний університет інформаційно-  
комунікаційних технологій, Київ, Україна

## ВИКОРИСТАННЯ МОДЕЛІ СВUA БЕЗ НАЯВНОСТІ НЕПОКРИТИХ МУТАНТІВ

*Мутаційне тестування є ефективним інструментом для оцінювання якості тестів, але вимагає значних обчислювальних ресурсів. Оскільки існує дефіцит фреймворків, здатних одночасно підтримувати мутаційний аналіз і фазинг, це обмежує дослідження у зазначеному напрямку. Метод прогнозування результатів мутаційного тестування СВUA, що використовує метрику складності Холстеда, дає змогу покращити точність прогнозів, особливо в умовах, коли всі мутанти є тестами, що охоплюють мутанта.*

**Ключові слова:** мутаційне тестування, прогнозоване мутаційне тестування.

### Вступ

Фазинг – це техніка тестування програмного забезпечення, що полягає у генерації та подачі на вхід програми випадкових або спеціально спотворених даних для виявлення потенційних помилок, вразливостей або аномальної поведінки. Використання мутаційного тестування для оцінювання якості таких тестових послідовностей дає можливість виявляти більше помилок, ніж у разі використання лише даних про покриття коду (Vikram et al., 2023). Однак однією з умов, що стримують дослідження цього напрямку є відсутність фреймворків, що дають змогу здійснювати і мутаційне тестування, і фазинг (Gopinath, Görz, & Groce, 2022). Одним із таких фреймворків є Mu2 (Vikram et al., 2023).

**Постановка задачі.** Задачею дослідження є оцінювання ефективності моделі СВUA (Zhang, Li, & Ma, 2020) з використанням попередньої оцінки прогнозування результатів мутаційного тестування за допомогою метрики складності Холстеда.

© Самойленко Андрій, 2024

**Об'єкт дослідження** – процес мутаційного тестування з фазингом.

**Предмет дослідження** – модель прогнозування СВUA для мутаційного тестування за умов покриття тестами всіх мутантів та її вдосконалення для підвищення точності прогнозів на основі метрики складності Холстеда.

**Актуальність теми.** Мутаційне тестування – це важливий інструмент для підвищення якості програмного забезпечення. Але такий тип тестування, хоч і є дуже ефективним для оцінювання якості тестів, може вимагати великої кількості обчислювальних ресурсів. Методи прогнозування результатів мутаційного тестування, зокрема й СВUA, є перспективним напрямком для подолання цих обмежень. Вони дають змогу зменшити витрати ресурсів, оскільки забезпечують передбачення результатів без необхідності запускати мутантів під час тестування.

Проте у випадку повного покриття тестами всіх мутантів точність методу СВUA суттєво знижується, що вимагає подальшого вдосконалення існуючого підходу.

#### **Завдання**

1. Розробити новий підхід до розрахунку прогнозованого значення вірогідності невиявлених мутантів на основі метрики складності Холстеда;
2. Порівняти запропонований підхід з оригінальною моделлю СВUA за показниками точності, влучності, повноти та міри F1.

#### **Результати**

Мутант – це змінена версія оригінального коду програми, яку створюють внесенням невеликих модифікацій або мутацій. Мутації можна внести, наприклад, шляхом зміни оператора (заміна '+' на '-'), видалення важливої інструкції або зміни логічних умов. Залежно від того, чи охоплює тестовий набір змінену частину коду, розрізняють покритих і непокритих мутантів. Покриті – це мутанти, для яких існують тести, що виконуються на зміненому коді, тобто хоча б один тестовий випадок взаємодіє з тією частиною коду, де було внесено мутацію. Виявлений мутант – це змінена версія вихідного коду програми, яка була виявлена тестовим набором. Іншими словами, якщо тестовий набір зміг викли-

кати помилку або аномальну поведінку через мутацію, то це означає, що мутант є виявленим.

СВUA – метод прогнозування результатів мутаційного тестування, що використовує дані про покриття коду тестами. Порівняно з іншими методами, СВUA як класифікаційний алгоритм використовує аналітичну залежність на основі розподілу Бернуллі, що дозволяє легше оцінювати вплив і кореляцію властивостей, які застосовують для прогнозування. Для отримання прогнозованого значення розраховують вірогідність того, що мутант є невиявленим, тестами за формулою

$$p_{predicted} = p_{undetected}^{10^{-2(x_j+1)}}, \quad (1)$$

де  $x_j$  – значення властивості для  $j$ -го мутанта;  $p_{undetected}$  – вірогідність, що розраховується як відношення кількості мутантів, які не покриті тестами, до загальної кількості мутантів. Якщо значення  $p_{predicted}$  дорівнює або є вищим за 0.5, то такий мутант вважають виявленим тестовим набором.

Однак за умови використання вказаного методу в Mu2, створюються набори даних, в яких усі мутанти є покритими тестами, і як результат, така оцінка не є ефективною, оскільки попередня оцінка виражена в  $p_{undetected}$  у такому разі дорівнюватиме нулю. Також у дослідженні (Aghamohammadi, & Mirian-Hosseini, 2020) показано, що такий тип мутантів впливає і на інший метод прогнозування результатів мутаційного тестування РМТ, що знижує його ефективність з 0.83 до 0.51 AUC, що є близьким до значення моделі, що здійснює випадкові передбачення. Для збільшення точності прогнозування пропонується розраховувати  $p_{undetected}$  за формулою

$$p_{undetected} = 1 - D / D_{max}, \quad (2)$$

де  $D$  – значення складності Холстеда на рівні методу, а  $D_{max}$  – максимальне значення складності Холстеда в наборі даних. Вибір метрики Холстеда пояснюється високим значенням важливості властивості (яка є другою за важливістю характеристикою в дослідженні (Aghamohammadi, & Mirian-Hosseini, 2020), та відношенням до статичних метрик, які дозволяють формувати оцінку без виконання програми, що тестується, оскільки такі метрики є характеристиками, які отримують виключно з вихідного коду.

## Результати

В табл. 1 представлено результати порівняння оригінального методу СВUA та запропонованого підходу.

Таблиця 1

Результати порівняння оригінального методу СВUA та запропонованого підходу

Метод	Влучність	F1	Повнота	Точність
(1) СВUA	0.15	0.24	0.57	0.13
(2) Запропонований підхід	0.14	0.22	0.51	0.15
(2)–(1)	–0.01	–0.02	–0.06	0.02

Методи, що порівнюються, використовують динамічну властивість numExecuted, яка вказує, скільки разів мутована інструкція виконує весь набір тестів. Набір даних, на якому проводили порівняння, має як покриті, так і непокриті тести. Влучність розраховують за формулою

$$Precision = TP / (TP + FP), \quad (3)$$

де  $TP$  – істинно позитивне значення,  $FP$  – хибно позитивне значення, тобто, якщо значення  $p_{predicted}$  збігається зі значенням фактичного результату в наборі даних і даний мутант є виявленим, то дане значення є істинно позитивним значенням; якщо значення  $p_{predicted}$  дорівнює одиниці, але не збігається з фактичним результатом, то такий результат є хибно позитивним. Повноту розраховують за формулою

$$Recall = TP / (TP + FN), \quad (4)$$

де  $FN$  – хибно негативне значення. Точність розраховують за формулою

$$Accuracy = (TP + TN) / (TP + FP + TN + FN), \quad (5)$$

де  $TN$  – істинно негативне значення. Міра  $F1$  являє собою гармонійне середнє між влучністю та повнотою.

## Дискусія і висновки

Запропонований підхід до використання метрики складності Холстеда в межах методу СВUA для прогнозування результатів мутаційного тестування дає змогу підвищити точність оцінюван-

ня в умовах, коли всі мутанти покриті тестами, що забезпечує можливість отримувати прогнозовані результати без необхідності залучати мутантів, що знижує обчислювальні витрати. Результати дослідження демонструють, що новий метод має потенціал для подальшого розвитку та може бути ефективно застосований у практичних умовах, особливо в контексті інтеграції мутаційного тестування з фазингом.

#### Список використаних джерел

- Aghamohammadi, A., & Mirian-Hosseiniabadi, S.-H. (2020). *The threat to the validity of predictive mutation testing: The impact of uncovered mutants*. arXiv.
- Gopinath, R., Görz, P., & Groce, A. (2022). *Mutation analysis: Answering the fuzzing challenge*. arXiv.
- Vikram, V., Laybourn, I., Li, A. et al. (2023). *Guiding greybox fuzzing with mutation testing*. ACM, Seattle, WA, USA.
- Zhang, P., Li, Y., Ma, W. et al. (2020). CBUA: A probabilistic, predictive, and practical approach for evaluating test suite effectiveness. *IEEE Transactions on Software Engineering*, 46(1), 1–1.

#### References

- Aghamohammadi, A., & Mirian-Hosseiniabadi, S.-H. (2020). *The threat to the validity of predictive mutation testing: The impact of uncovered mutants*. arXiv.
- Gopinath, R., Görz, P., & Groce, A. (2022). *Mutation analysis: Answering the fuzzing challenge*. arXiv.
- Vikram, V., Laybourn, I., Li, A. et al. (2023). *Guiding greybox fuzzing with mutation testing*. ACM, Seattle, WA, USA.
- Zhang, P., Li, Y., Ma, W. et al. (2020). CBUA: A probabilistic, predictive, and practical approach for evaluating test suite effectiveness. *IEEE Transactions on Software Engineering*, 46(1), 1–1.

Отримано редакцією журналу / Received: 11.09.24

Прорецензовано / Revised: 23.09.24

Схвалено до друку / Accepted: 01.10.24

**Andrii SAMOILENKO, PhD Student**  
e-mail: a.samoylenko95@gmail.com  
State University of Information and Communication Technologies,  
Kyiv, Ukraine

### USING THE CBUA MODEL WITHOUT THE PRESENCE OF UNCOVERED MUTANTS

*Mutation testing is an effective tool for evaluating test quality, but it requires significant computational resources. Since there is a lack of frameworks capable*

*of supporting both mutation analysis and fuzzing simultaneously, this limits research in this area. The CBUA mutation testing prediction method, which utilizes the Halstead complexity metric, improves prediction accuracy, especially in cases where all mutants are covered by tests.*

**Keywords:** *mutation testing, predictive mutation testing.*

Автор заявляє про відсутність конфлікту інтересів. Спонсори не брали участі в розробленні дослідження; у зборі, аналізі чи інтерпретації даних; у написанні рукопису; в рішенні про публікацію результатів.

The author declares no conflicts of interest. The funders had no role in the design of the study; in the collection, analyses or interpretation of data; in the writing of the manuscript; or in the decision to publish the results.