

tesi di laurea magistrale

Un algoritmo genetico per il testing di applicazioni web basate su Javascript

relatore

Ch.mo Prof Porfirio Tramontana

candidato

Michele Palumbo

Matr. M63/215

MOTIVAZIONI

- *Applicazioni web moderne* sempre più interattive → complesse
- *Javascript* è il linguaggio che garantisce l'interattività
- La dinamicità complica l'attività di testing
- *Testing manuale* diventa troppo costoso

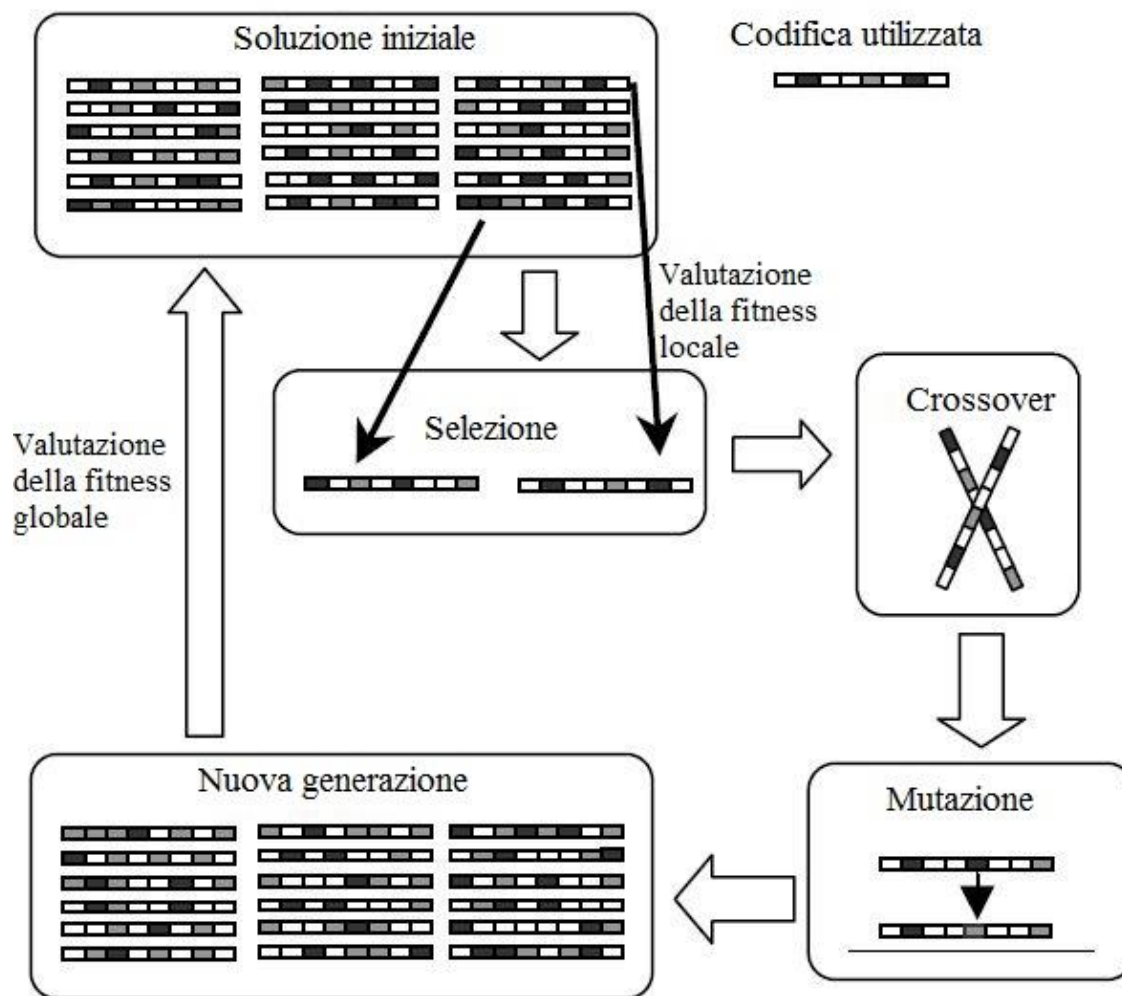
OBIETTIVO

- Realizzazione di una tecnica di testing completamente automatica che, a partire da una test-suite ottenuta con l'ausilio di un tool esterno, sia in grado di modificarne i singoli test case in modo da massimizzare l'efficienza della test-suite finale.

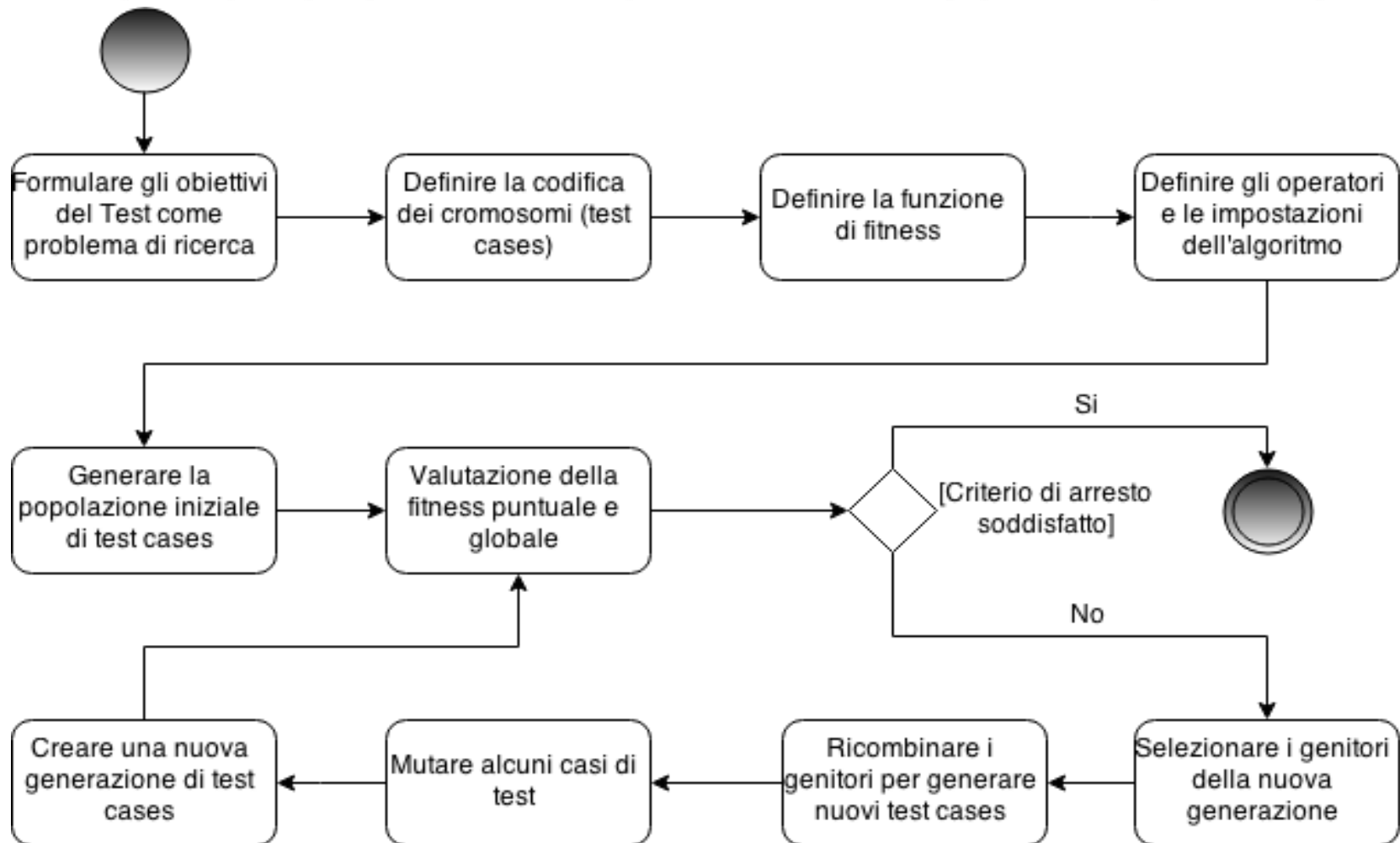
TECNICHE DI TESTING

- **SISTEMATICO:** esplorano l'applicazione sulla base di un modello.
- **RANDOM:** effettuano un'esplorazione casuale dell'applicazione.
- **TECNICHE SEARCH-BASED**
 - **Ottimizzazioni classiche**
 - Programmazione lineare
 - **Ricerca metaeuristiche:**
 - Hill Climbing*
 - Simulated Annealing*
 - Algoritmi genetici*

UN GENERICO PROCESSO GENETICO



TESTING AUTOMATIZZATO TRAMITE ALGORITMI GENETICI



L'ALGORITMO GENETICO PROPOSTO – LE COMPONENTI PRINCIPALI (1/2)

▪ Soluzione iniziale

- **Grafo degli stati**, lista eventi ed input generati da Crawljax
- Prima soluzione ammissibile: **test-suite iniziale**

▪ Codifica utilizzata

- Definizione di **gene**: $G = \{S, E, I, F\}$ dove:

Definizione di **cromosoma**: $C = \{G_1, \dots, G_n\}$

S : stato iniziale
 E : evento scatenabile su S
 I : valori di input associati ad E
 F : stato finale

▪ Funzioni di fitness

- Metriche puntuali: *copertura locale*, *diversità* e *rank*
- Metrica globale: efficacia in termini di LOC coperte

$Rank = \sum_{1 \leq j \leq n} l_j w_j$ dove:

- l_j che vale 1 se la i -esima linea è coperta, 0 viceversa
- $0 \leq w_j \leq 1/2$ con $w_j = 1 / \sum_{k=1}^T m_k$ con T dimensione della test-suite e m_k che vale 1 se la i -esima linea è coperta dal k -esimo test di T e 0 viceversa.

▪ Tecnica di selezione

- Selezione dei cromosomi da sostituire
- Selezione test da incrociare: *Steady-State reproduction*
- Selezione cromosomi da mutare

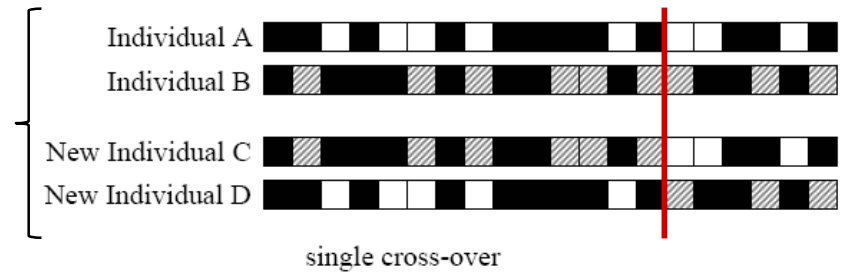
Matrice delle diversità «D»
 tale che:

- nella posizione $D[i][j]$ è memorizzato il numero di linee coperte dal test i -esimo ma non dal test j -esimo.

L'ALGORITMO GENETICO PROPOSTO – LE COMPONENTI PRINCIPALI (2/2)

▪ Tecnica di Crossover

- Condizioni di compatibilità tra cromosomi
- Tipologia: *Single-Point Cut*



▪ Tecnica di Mutazione

- Scelta dei nuovi valori
- Tipologia: *random* o *sistematica*

▪ Impulso di turnover - Cataclysmic Mutation

- Soluzione al problema del massimo locale: quando la *fitness globale* rimane stabile per un determinato numero di iterazioni, si sostituiscono tutti i test la cui copertura è in almeno un altro test con nuovi «individui» generati tramite operatori di crossover e mutazioni

▪ Condizioni di terminazione

- Numero di iterazioni massime raggiunto
- *Coverage* desiderata raggiunta

STRUMENTI UTILIZZATI

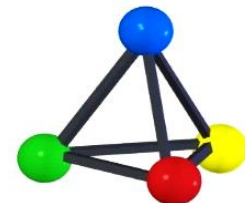
▪ Selenium

- Framework open source per testare automaticamente le applicazioni web
- Componenti principali: *IDE, Cliente Api, Remote Control, Web Driver, Grid*



▪ Crawljax

- Software open source per l'esplorazione automatica di applicazioni web di tipo AJAX basate su JavaScript
- Motore *event-driven*
- Generazione automatica del *grafo degli stati* relativo ai DOM dinamici
- Architettura basata su Plugin



▪ Junit

- Framework open source per scrittura ed esecuzione di casi di test in JAVA
- Misurazione progressi, rilevazione difetti, esecuzione automatica, meccanismo delle annotazioni (*@Before, @After, @BeforeClass etc..*)

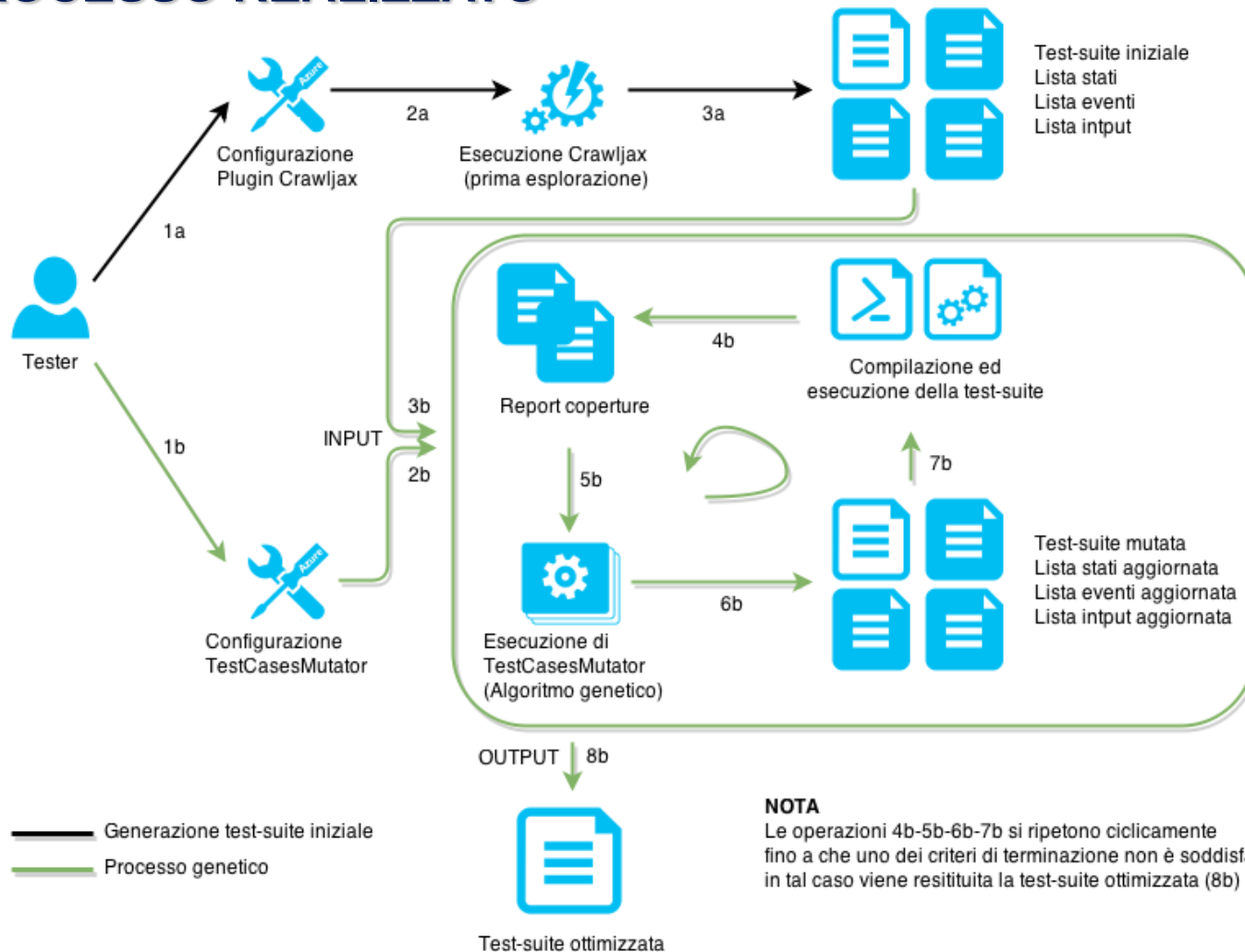


▪ JSCover

- Software open source per la misura della copertura di codice Javascript
- Instrumentazione del codice JS in diverse modalità (*Server, FS, Proxy*)
- Generazione dei files di report in differenti formati (*LCOV, XML Summary...*)



■ PROCESSO REALIZZATO



VARIABILI DELLO STRUMENTO REALIZZATO

▪ Variabili indipendenti

- Percentuale crossover, percentuale mutazioni, percentuale turnover
- Numero iterazioni massime
- Frequenza di impulso
- Dimensione test-suite
- Intervallo di tempo tra la generazione di eventi consecutivi

▪ Variabili dipendenti

- Efficacia: $\eta(G) = \frac{LOC \text{ coperte da } G}{\text{Numero totale di } LOC} * 100$

▪ Variabili controllate

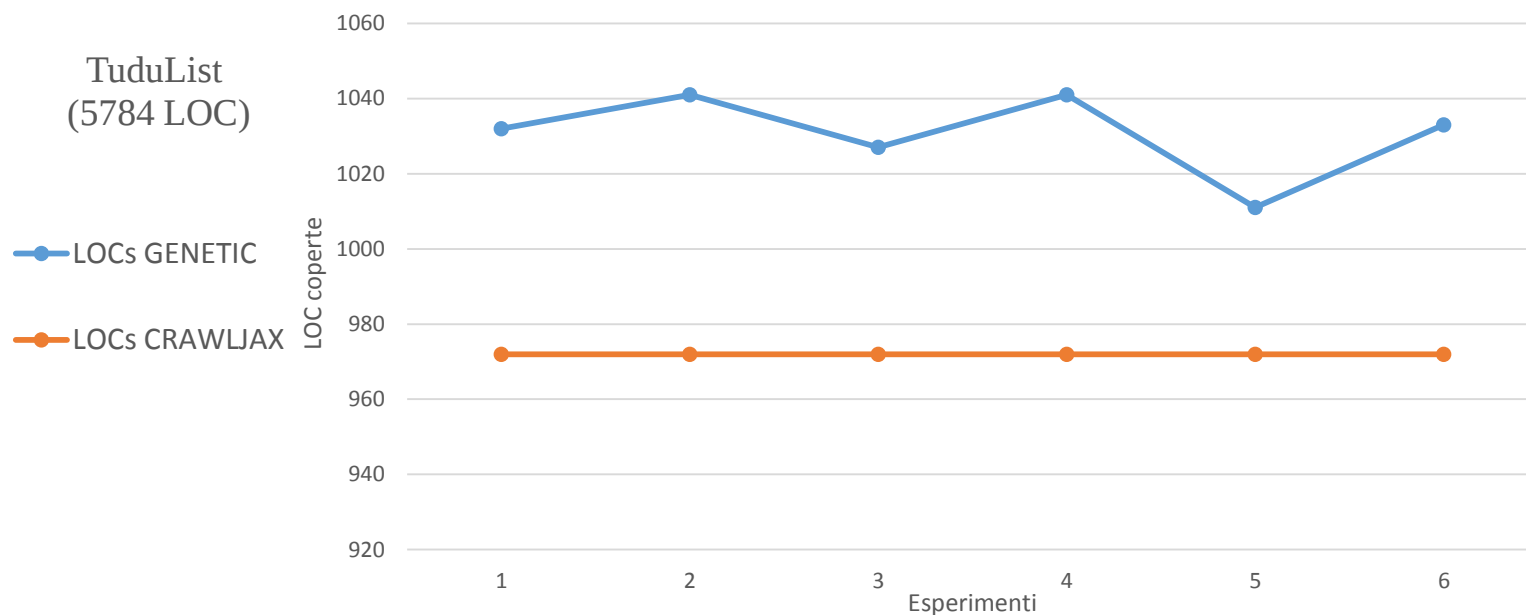
- Numero di terazioni

▪ Variabili randomizzate

- Selezione pseudo-casuale dei test da incrociare
- Selezione pseudo-casual dei test da mutare e della mutazione

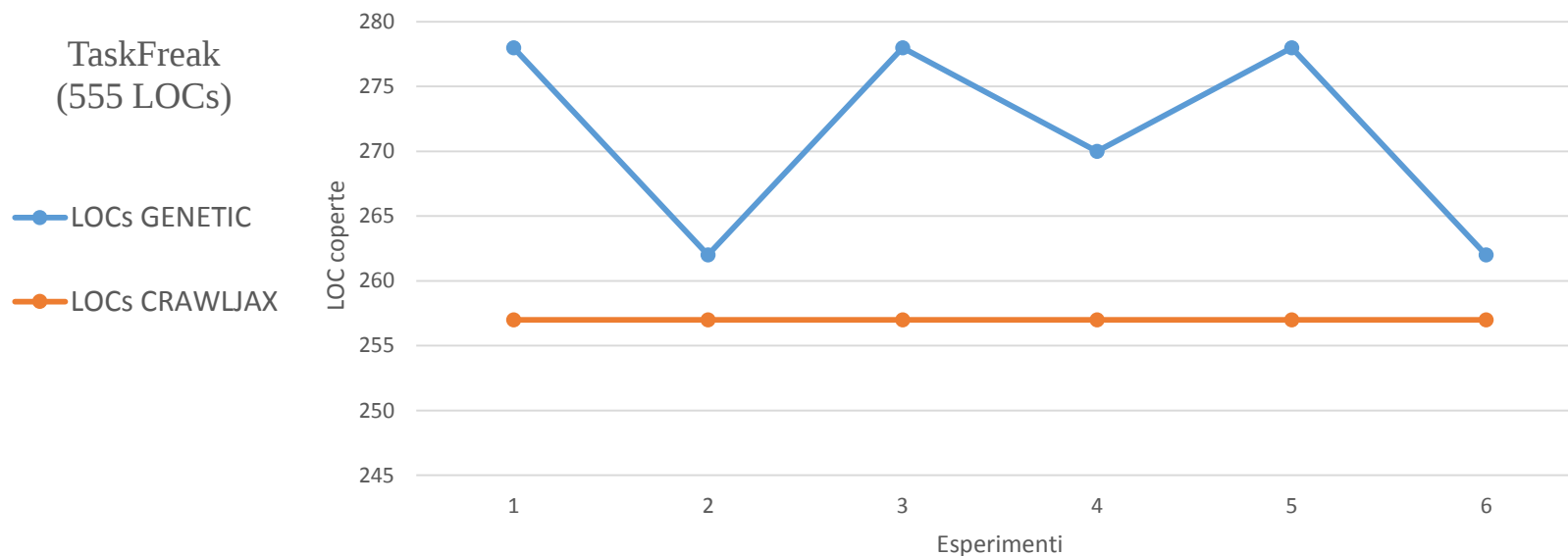
APPLICAZIONI TESTATE E RISULTATI OTTENUTI (1/2)

WebApp	LOCs Totali	LOCs Crawljax	LOCs Genetic Esperimento migliore	Iterazioni	Numero Massimo Impulsi	Dimensione Test Suite
Tudulist	5784	972 (15% totali) (84% manual)	1027 (18%totali) (90%manual)	30	5	50



APPLICAZIONI TESTATE E RISULTATI OTTENUTI (2/2)

WebApp	LOCs Totali	LOCs Crawljax	LOCs Genetic Esperimento migliore	Iterazioni	Numero Massimo Impulsi	Dimensione Test Suite
Taskfreak	555	258 (46% totali) (88% manual)	279 (48%totali) (96%manual)	30	4	50



CONCLUSIONI

- I risultati ottenuti dimostrano che lo strumento realizzato, agendo puntualmente sui singoli casi di test, ha effettivamente permesso di migliorare la test-suite iniziale, portando un **aumento di efficacia** fino all'8%.
- Inoltre anche l'**efficienza** ha subito un miglioramento dato che la dimensione della test-suite è rimasta costante ed i test ridondanti o interamente inclusi in altri sono stati individuati e sostituiti.

SVILUPPI FUTURI

- Avvio di una nuova esplorazione alla scoperta di un nuovo stato individuato dall'algoritmo genetico tramite l'utilizzo di Crawljax (tecnica *Hill Climbing*)
- Migliorare i tempi di esecuzione dello strumento tramite l'esecuzione su macchine che lavorano in parallelo
- Ricerca della configurazione ottima dei parametri di input per l'algoritmo genetico proposto