

**МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ**  
**Тернопільський національний економічний університет**  
**Навчально-науковий інститут інноваційних освітніх технологій**  
Кафедра комп'ютерної інженерії

**ГУРАЛЬ Дмитро Вікторович**

**Моделі біопроектів відновлювальних джерел енергетики в умовах структурної невизначеності /  
Bioprocesses models of renewable energy sources  
under structural uncertainty conditions**

спеціальність: 123 – Комп'ютерна інженерія  
освітньо-професійна програма – Комп'ютерна інженерія

Випускна кваліфікаційна робота

Виконав студент групи КІзм-21  
Д. В. Гураль

---

Науковий керівник:  
д.т.н., професор, О. М. Березький

---

Випускна кваліфікаційну роботу  
допущено до захисту:  
«\_\_» \_\_\_\_\_ 20\_\_р.

Завідувач кафедри  
\_\_\_\_\_ **О. М. Березький**

**ТЕРНОПІЛЬ – 2019**

## РЕЗЮМЕ

Дипломна робота містить 90 сторінки пояснюючої записки, 17 рисунків, 7 таблиць та 3 додатки.

Метою випускної кваліфікаційної роботи є створення математичних моделей анаеробної ферментації у біогазових установках на різних його стадіях із застосування методу структурної ідентифікації.

Зазначена робота присвячена питанням розробки інтервальних дискретних математичних моделей біопроеесів анаеробної ферментації на стадіях ацидогенезу та метаногенезу із застосуванням методу структурної ідентифікації

Реалізовано програмний комплекс для методу структурної ідентифікації, що забезпечить пошук структури інтервальної дискретної математичної моделі біопроеесів анаеробної ферментації.

Створений програмний комплекс призначений для автоматизації побудови математичної моделі на будь-якій стадії біопроеесу анаеробної ферментації, а також для прогнозування інтервальних дискретних математичних моделей по вибраній стадії процесу у біогазових установках.

**КЛЮЧОВІ СЛОВА:** ВІДНОВЛЮВАЛЬНІ ДЖЕРЕЛА ЕНЕРГЕТИКИ, АНАЕРОБНА ФЕРМЕНТАЦІЯ, ІНТЕРВАЛЬНА ДИСКРЕТНА МАТЕМАТИЧНА МОДЕЛЬ, МЕТОД СТРУКТУРНОЇ ІДЕНТИФІКАЦІЇ.

## RESUME

Diploma project contains 90 pages of explaining message, 17 figures, 7 tables and 3 additions.

The purpose of the final qualification work is to create mathematical models of anaerobic fermentation in biogas plants at its various stages, using the structural identification method.

The mentioned work is devoted to the questions of development of interval discrete mathematic models of anaerobic fermentation bioprocesses at the acidogenesis and methanogenesis stages using the structure identification method.

The software complex for the method of structure identification is implemented, which will provide the search for the structure of interval discrete mathematic model of anaerobic fermentation bioprocesses.

The software is designed to automate the construction of a mathematic model at any stage of the anaerobic fermentation bioprocess, as well as to predict interval discrete mathematic models for the selected process stage at biogas plants.

KEYWORDS: RENEWABLE ENERGY SOURCES, ANAEROBIC FERMENTATION, INTERVAL DISCRETE MATHEMATIC MODEL, STRUCTURE IDENTIFICATION METHOD.

## ЗМІСТ

Вступ.....	8
1 Аналіз біопроеесів відновлювальних джерел енергетики та методів їх моделювання.....	11
1.1 Особливості застосування відновлюваних джерел енергетики.....	11
1.2 Аналіз процесів ферментації у біогазових установках.....	19
1.3 Аналіз методів моделювання в задачі структурної ідентифікації на основі інтервальних даних.....	26
1.4 Постановка задачі .....	32
2 Метод структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії.....	34
2.1 Теоретичні підстави розв'язування оптимізаційних задач на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії.....	34
2.2 Застосування поведінкових моделей бджолоїної колонії у методі структурної ідентифікації.....	41
2.3 Алгоритм реалізації методу структурної ідентифікації з нелінійним оператором інтенсивності пошуку джерел нектару.....	48
3 Розробка інтервальних дискретних математичних моделей біопроеесів ферментації із застосуванням методу структурної ідентифікації.....	55
3.1 Особливості задач математичного моделювання в умовах структурної невизначеності.....	55
3.2 Математичні моделі біопроеесів ферментації органічних продуктів у біогазових установках.....	60
3.3 Порівняльний аналіз ефективності методу структурної ідентифікації з модифікованими операторами.....	70
Висновки.....	74
Список використаних джерел.....	75
Додаток А Узагальнена схема реалізації методу структурної ідентифікації	82

ІДММ на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії.....	
Додаток Б Світлокопії публікацій.....	83
Додаток В Довідка про використання.....	90

## ВСТУП

Актуальність теми. Використання відновлювальних джерел енергетики є важливим фактором сталого економічного розвитку України. На сьогоднішній день визначальною умовою розвитку людської цивілізації є такий рівень використання природних ресурсів, при якому забезпечується збереження екологічної рівноваги в навколишньому середовищу. Захист клімату і природних ресурсів є проблемами світового масштабу, які вимагають зусиль щодо їх вирішення на глобальному рівні. З точки зору динаміки та обсягів споживання основним сегментом світового ринку альтернативної енергетики є біогаз. Біогаз та високоефективні органічні добрива отримують за допомогою біогазових установок, а це також дає змогу розв'язати екологічної проблеми.

Організація процесу ферментації у біогазових установках є складною при складній структурі сировини. Тому, важливим питанням є можливість керувати біопроцесами та необхідність надійно утримувати сталими основні параметри процесу для забезпечення високої ефективності таких установок. Тому для управління і контролю біопроцесами ферментації потрібно розробити математичні моделі на різних стадіях біопроцесу, а для їх розробки необхідно розв'язати задачі структурної ідентифікації.

Отже, актуальним завданням є побудова математичних моделей біопроцесу ферментації на окремих стадіях в умовах структурної невизначеності.

Метою роботи є побудова математичних моделей процесів анаеробної ферментації у біогазових установках на різних його стадіях із застосуванням методу структурної ідентифікації.

Для досягнення цієї мети поставлено наступні завдання:

- провести аналіз процесів ферментації у біогазових установках;

- проаналізувати методи структурної ідентифікації інтервальних дискретних математичних моделей за критерієм мінімізації обчислювальної складності;

- розширити можливості програмного комплексу для ідентифікації інтервальних дискретних математичних моделей біопроцесів та провести його апробацію для побудови математичних моделей процесів в біогазових установках на стадіях анаеробної ферментації;

- розробити математичні моделі на стадіях анаеробної ферментації у біогазових установках з врахуванням технологічних відхилень змінних біопроцесу.

Об'єктом дослідження є процеси ферментації у біогазових установках.

Предметом дослідження є математичні моделі біопроцесів ферментації в умовах структурної невизначеності.

При побудові математичних моделей біопроцесів ферментації використано індуктивний підхід, методи аналізу інтервальних даних, методи теорії ідентифікації дискретної математичної моделі, зокрема методи структурної ідентифікації.

Наукова новизна одержаних результатів визначається наступним:

- побудовано математичні моделі біопроцесів ферментації на стадіях ацидогенезу та метаногенезу в умовах структурної невизначеності;

- розроблено алгоритм реалізації методу структурної ідентифікації з нелінійним оператором інтенсивності пошуку джерел нектару.

Практична цінність полягає у побудові математичних моделей біопроцесів в біогазових установках на стадіях ферментації.

Публікації та апробація ВКР. Основні результати досліджень опубліковано в тезах доповідей «Макромодель динаміки процесів у біогазових установках на стадії ацетогенезу» обсягом 2 сторінки на Всеукраїнській школі-семінарі «Комп'ютерні науки та інформаційні технології» (CSIT-2018) [1] та «Алгоритм реалізації методу структурної ідентифікації інтервальних дискретних математичних моделей із

застосуванням алгоритму бджолоїної колонії» обсягом 1 сторінка на II науково-практичній конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі» (ІКСМ-2019) [2].

Зазначена випускна кваліфікаційна робота містить три розділи [3, 4].

У першому розділі проведено аналіз біопроеесів відновлювальних джерел енергетики та методів їх моделювання.

У другому розділі обгрунтовано метод структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії.

У третьому розділі побудовано інтервальні дискретні математичні моделей біопроеесів анаеробної ферментації із застосуванням методу структурної ідентифікації.



# 1 АНАЛІЗ БІОПРОЦЕСІВ ВІДНОВЛЮВАЛЬНИХ ДЖЕРЕЛ ЕНЕРГЕТИКИ ТА МЕТОДІВ ЇХ МОДЕЛЮВАННЯ

## 1.1 Особливості застосування відновлюваних джерел енергетики

Висока енергоозброєність суспільства – основа науково-технічного прогресу. Енергія – це головна складова життя людини, і без освоєння її нових видів людство не здатне повноцінно існувати [5].

На рисунку 1.1 наведено річний обсяг споживання людством різних видів енергетичних ресурсів, а на рисунку 1.2 – його темпи.

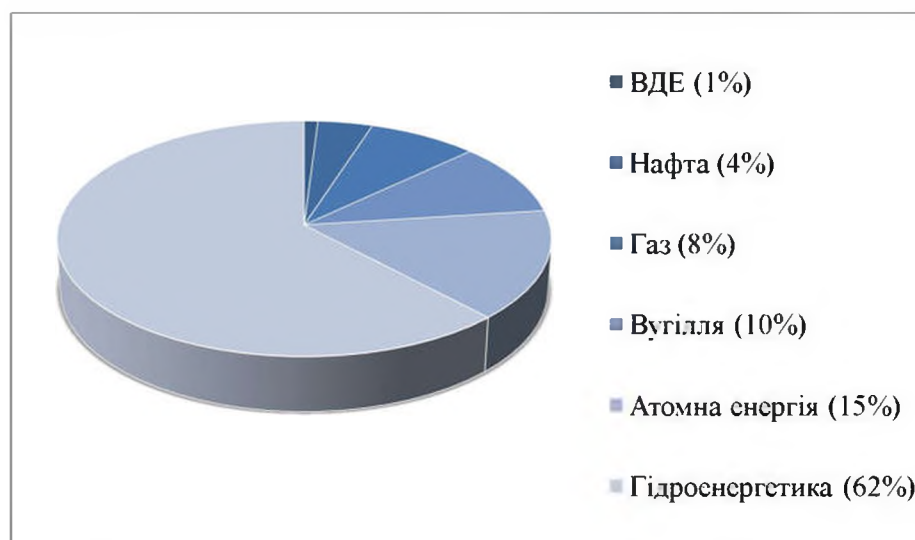


Рисунок 1.1 – Річний обсяг споживання людством різних видів енергетичних ресурсів (2019 р)

Основними причинами виникнення тенденції до освоєння нових видів енергії в даний час є наступні:

- обмежений запас традиційних енергетичних ресурсів;
- екологічні проблеми, пов'язані з видобутком і переробкою енергетичних ресурсів;

– безперервне збільшення споживання енергетичних ресурсів промисловістю і населенням, пов'язане з швидким зростанням його чисельності.

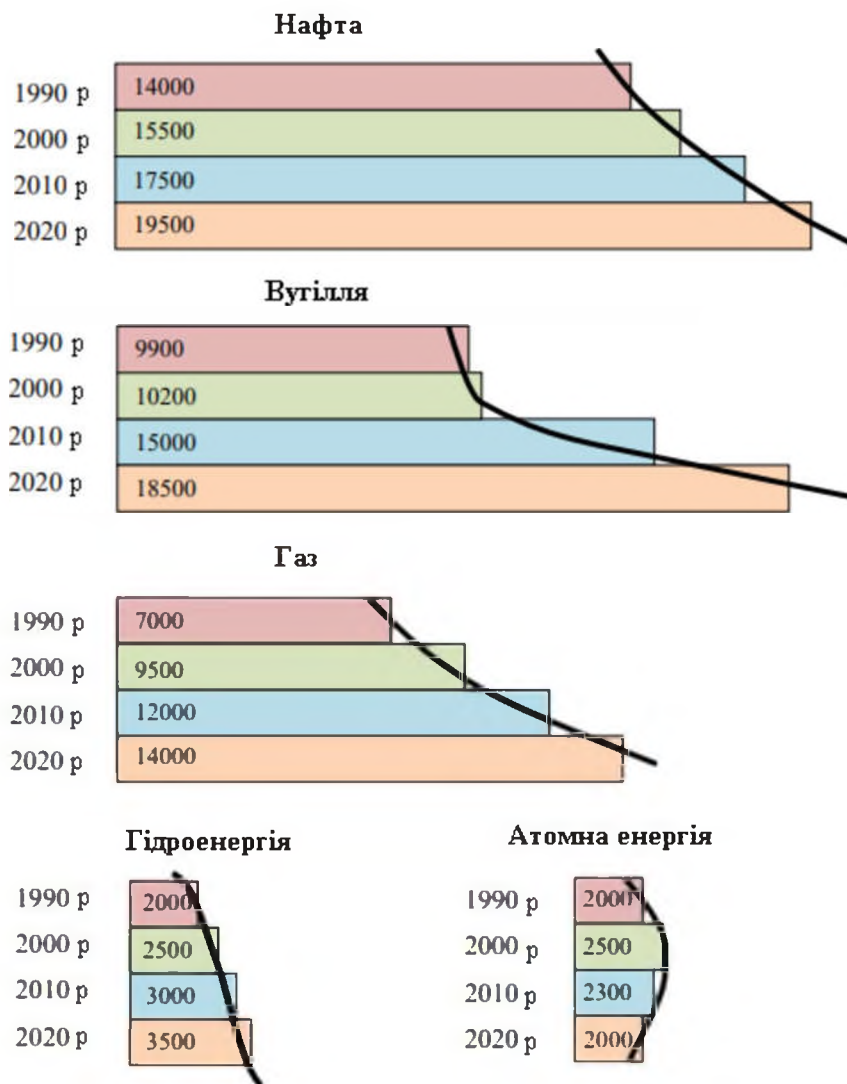


Рисунок 1.2 – Темпи світового споживання різних видів енергетичних ресурсів, що використовуються людством: статистика та прогноз (млрд кВт · год / рік)

Згідно із прогнозом Організації Об'єднаних Націй (ООН), чисельність населення світу в 2030 р досягне 8 млрд чоловік, а 2050-го – 10 млрд чоловік, при цьому 80% населення будуть проживати в розвинених країнах. Однак

набагато більший вплив на споживання енергії надає рівень і темпи технологічного розвитку [5, 6].

Незважаючи на те, що масштаби споживання ВДЕ на сьогодні значно нижчі рівня використання енергії, що отримується традиційними способами, (рисунок 1.1), ВДЕ займає важливу роль в системах енергопостачання багатьох країн світу. У майбутньому вони можуть стати основними джерелами енергії для задоволення зростаючих потреб світової економіки [7].

До відновлювальних джерел енергії відносять енергію вітру, води, сонячну і геотермальну енергію, енергію біомаси, енергію припливів і відливів.

До основних причин зростаючого інтересу до ВДЕ відносять наступне [7]:

- отримана енергія від поновлюваних джерел безкоштовна;
- ВДЕ, на відміну від традиційних джерел енергії, розподілені по території планети рівномірно, що визначає їх більшу доступність;
- ВДЕ є екологічними джерелами, оскільки їх застосування практично не забруднює навколишнє середовище і не робить істотного впливу на зміну клімату;
- науково-технічні досягнення останнього часу в області виробництва основних функціональних елементів (блоків, вузлів) для відновлюваної енергетики дозволили істотно удосконалити їх, що в свою чергу зменшило загальну вартість електричних і теплових станцій;
- завдяки ВДЕ з'явилася можливість використання непридатних для господарських цілей земель.

Для оцінки потенціалу (ресурсу) ВДЕ застосовуються такі терміни, як теоретичний (валовий), технічний і екологічний потенціал [5].

Теоретичний потенціал – це річний обсяг енергії, що міститься в конкретному виді поновлюваного джерела, при повному її перетворенні в корисну енергію. Технічний потенціал – це частина теоретичного потенціалу,

перетворення якого в корисну енергію можливо при існуючому рівні розвитку техніки. В свою чергу, економічний потенціал є частиною технічного потенціалу, перетворення якого в корисну енергію економічно доцільно на даному етапі розвитку техніки і технологій з урахуванням цін на електричну і теплову енергію.

Як відомо, до ВДЕ відносять малі гідроелектростанції (ГЕС) потужністю до 500 кВт [5]. На сьогоднішній день в Україні є близько 100 таких станцій, сумарна вироблення яких становить близько 0,3% загального виробітку енергії електростанцій. Однак в країні є можливість використання значного потенціалу передгірських та гірських річок, що дозволить здійснювати будівництво енергоефективних малих ГЕС, окупність яких не перевищить 3 років [6, 7].

Геотермальна енергія як ВДЕ є наслідком розпаду радіоактивних матеріалів в земній корі. Якщо порівняти з нафтовим еквівалентом енергію, яка зберігається в надрах землі, то її обсяг приблизно в 100 000 разів більше обсягу енергії, використовуваної людством в даний час (близько  $21 \cdot 10^{13}$  кВт · год). технічний і економічний потенціал геотермальної енергії в Україні істотно перевищує потенціал інших видів ВДЕ.

Вітроенергетика почала бурхливо розвиватися як галузь ще в 90-х роках минулого століття [6, 7]. Уже в кінці 2010 р загальна потужність всіх вітроелектричних станцій склала близько 200 ГВт, а кількість електричної енергії, виробленої всіма вітроелектричними станціями світу, склала 430 ТВт год. Деякі країни розвивають вітроенергетику особливо інтенсивно. Так, в даний час в Данії за допомогою вітроелектричних станцій проводиться більше 28% електричної енергії, в Португалії – 20%, в Іспанії – 18%, а в Німеччині – 10%. В 2014 р потужність вітроелектростанцій Німеччини склала 38,1 МВт, а в Данії – 3,4 МВт [5].

Незважаючи на те, що в Україні теоретичний потенціал вітрової енергетики істотно перевищує його показник в малій гідроенергетиці та

біоенергетики, рівень економічного потенціалу набагато нижче рівня розглянутих видів ресурсів.

Сонячна енергетика є найперспективнішою галуззю, яка використовує невичерпне джерело енергії і має самий високий теоретичний потенціал у світі і в Україні.

Однак масштаби будівництва сонячних електростанцій і теплових станцій в Україні невеликі, через відсутність платоспроможного попиту і інвестицій [5].

Розглядаючи рівень розвитку ВДЕ за кордоном, можна відзначити, що тільки в 2010 р в вітроенергетику було інвестовано 94,7 млрд дол, в сонячну енергетику – 26,1 млрд дол. У технології виробництва енергії з біомаси та сміття – 11 млрд дол. Сьогодні в світі рівень інвестицій у відновлювану енергетику, за різними джерелами, виріс в 1,5-1,7 раз (в порівнянні з 2010 р). На рисунку 1.3 наведені витрати на дослідження і розвиток технологій з відновлюваної енергетики в світі.

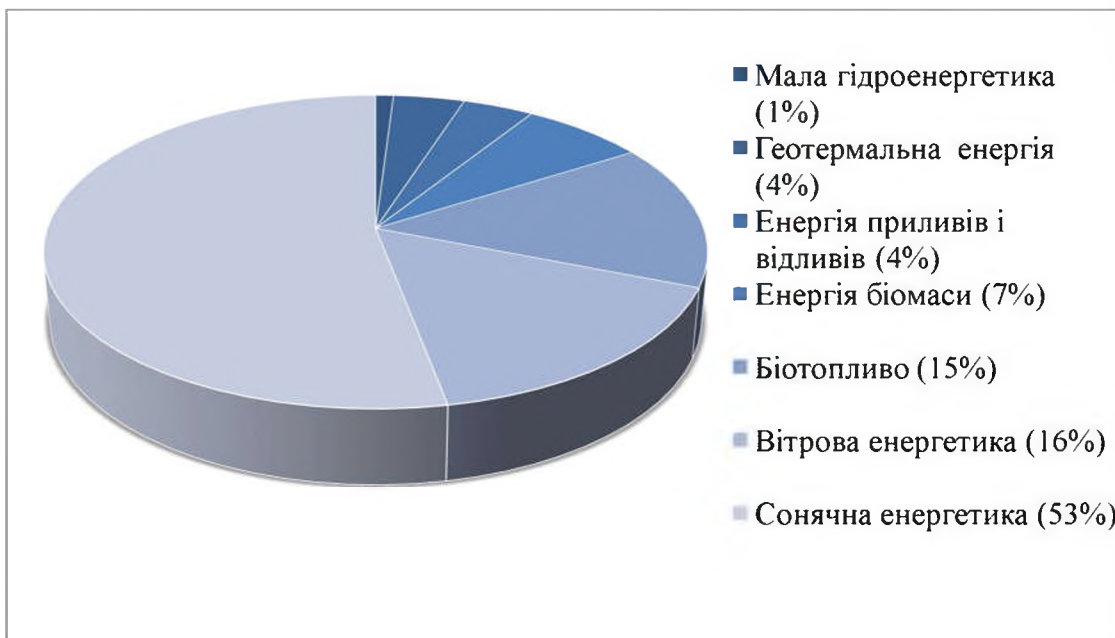


Рисунок 1.3 – Витрати на дослідження і розвиток технологій з відновлюваної енергетики (за 100% прийнято обсяг витрат –  $5,6 \cdot 10^9$  дол)

Суттєвою перешкодою на шляху широкого використання ВДЕ є значна величина початкових капіталовкладень, хоча вони окупаються згодом за рахунок низьких експлуатаційних витрат.

Незважаючи на те, що в даний час в протягом декількох десятиліть людство буде отримувати енергію, використовуючи ресурси традиційної енергетики, в тому числі нафти (рисунок 1.4), газ і вугілля, перспективи ВДЕ очевидні. По-перше, за оцінками фахівців, світових запасів традиційного палива залишилося: нафти – не більше ніж на 40 років, газу на – 60, ядерного палива – на 40, вугілля – на 200 років. По-друге, це підтверджується масштабами фінансових вкладень в системи енергопостачання, засновані на використанні ВДЕ провідних країн (див. рисунки 1.3 та 1.4), прогнозами розвитку цієї галузі, які побудовані на розрахункових показниках споживання енергії в 2020 р.

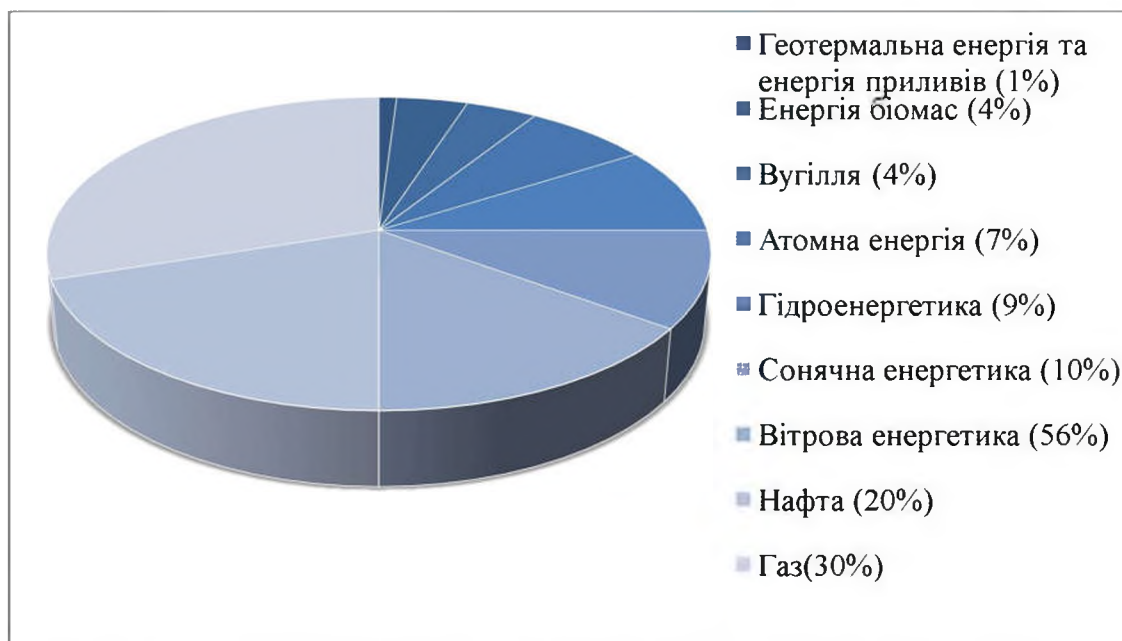


Рисунок 1.4 – Прогноз світового споживання енергії до 2020 року

Використання ВДЕ може стати важливим фактором сталого економічного розвитку України.

Для обґрунтування необхідності розширення масштабів використання ВДЕ в У можна навести такі аргументи:

Крім того, необхідно виділити основні причини, що визначають необхідність розвитку ВДЕ в Україні:

- забезпечення енергетичної безпеки;
- збереження навколишнього середовища і забезпечення екологічної безпеки;
- завоювання світових ринків ВДЕ, особливо в країнах, що розвиваються;
- збереження запасів власних енергоресурсів для майбутніх поколінь.

Широке використання ВДЕ має відповідати вищим пріоритетам і завданням енергетичної стратегії України.

Ступінь забезпеченості областей власними паливно-енергетичних ресурсів є одним з основних показників їх економічної стійкості. Освоєння і використання місцевих традиційних енергетичних ресурсів, а також відновлюваних енергетичних ресурсів дозволить перевести багато областей країни на енергозабезпечення за рахунок ВДЕ, забезпечивши їх енергетичну незалежність.

Сьогодні підвищене споживання природних ресурсів стало реальною загрозою безпеці життя людського суспільства. Основою вирішення гострих соціально-екологічних проблем є перехід до регульованого процесу безпечного використання природного енергетичного потенціалу для задоволення життєво важливих потреб людей не тільки в найближчі десятиліття, а й в довготривалій перспективі.

Таким чином, визначальною умовою розвитку людської цивілізації на сьогоднішній день і в майбутньому є такий рівень використання природних ресурсів, при якому забезпечується потреба в них населення при збереженні екологічної рівноваги в навколишньому середовищу.

Захист клімату і природних ресурсів є проблемами світового масштабу, які вимагають зусиль щодо їх вирішення на глобальному рівні. Важливу роль при цьому можуть зіграти індустріально розвинені країни, які мають високу потребу в ресурсах.

За умови забезпечення пріоритетності виробництва продуктів харчування, істотний внесок у вирішення цих проблем може бути здійснений з боку сільського та лісового господарства, за допомогою надання поновлюваних ресурсів для використання в виробництві енергії і матеріалів. При цьому відкривається величезне різноманіття варіантів використання даної сировини. Продукти харчування й вироби, виготовлені з відновлювальної сировини, використовуються в багатьох сферах повсякденного життя.

За останні роки істотно змінилися шляхи і технології використання відновлюваної сировини. Глибокі дослідження і розробки дозволили досягти ефективного та розумного використання поновлюваних ресурсів. Доступними стали передові технології енергетичного та промислового використання сировини.

Кінець XX і початок XXI ст. характеризуються небаченими темпами зростання продуктивних сил в більшості країн світу, що призвело до різкого збільшення споживання всіх видів енергії, особливо укладеної в викопному паливі – вугіллі, нафті та природному газі. В результаті цього відбувається виснаження світових запасів даних джерел енергії, збільшується вартість розробки нових родовищ, погіршується екологічна ситуація – все це є передумовою розвитку альтернативної енергетики (86% споживаної в світі енергії отримано з традиційних джерел: нафта, газ, вугілля). Частка відновлюваних джерел в світовому енергоспоживанні становить 5-7% [8].

З точки зору динаміки та обсягів споживання основним сегментом світового ринку альтернативної енергетики є біогаз.

Біогаз і технології його виробництва є важливою частиною сталого енергозбереження поряд з біоенергоносіїв. З точки зору децентралізованого енергозбереження, охорони навколишнього середовища та сільського господарства використання біогазу є найбільш безперечним.

Сьогодні з біогазу виробляються не тільки електроенергія і тепло, а й біогаз, що володіє якостями природного газу.



В даний час провідні позиції щодо застосування біогазу займає Німеччина. Найбільша кількість біогазових установок розташоване на території саме цієї держави (понад 7000) [9].

Біогаз утворюється в ході біохімічного процесу. Без доступу кисню тобто, в анаеробних умовах, з органічної маси утворюється газова суміш, так званий біогаз. Цей широко поширений в природі процес відбувається, наприклад, в болотах, на дні озер, в гнойових ямах, а також в шлунках жуйних тварин. При цьому ряд мікроорганізмів майже повністю перетворює органічну масу в біогаз. Додатково утворюються певні кількості енергії (тепла) і нової біомаси.

Новоутворена газова суміш складається переважно з метану (50-75 об.%) і вуглекислого газу (25-50 об.%). Водночас в біогазі також містяться незначні кількості водню, сірководню, аміаку та інших газів. На склад, в основному, впливають використовувані субстрати, технологія ферментування та різне технічне виконання.

## 1.2 Аналіз процесів ферментації у біогазових установках.

Теоретичною та експериментальною основами для побудови математичних моделей для утворення біогазу є дослідження та встановлення закономірностей в біопроесах відновлювальних джерел енергетики.

Існує чимало технологічних схем біогазових установок, які різняться складом обладнання, топологією, режимами роботи тощо.

В основних елементах біогазової установки проходять складні процеси анаеробної ферментації.

Тому найнеобхіднішими умовами для утворення біогазу всередині реактора біогазової установки є: створення анаеробного режиму; доступність поживних речовин для бактерій; вибір оптимального часу ферментації та

своєчасне вивантаження та завантаження біосировини; дотримання співвідношення вмісту вуглецю і азоту; правильність пропорції твердих частин в сировині та обов'язкове перемішування; відсутність інгібіторів процесу [10, 11]. Таким чином, для забезпечення високої ефективності установки потрібно витримувати сталими основні параметри ферментації, а саме: концентрацію, кислотність середовища, температуру субстрату в реакторі, тиск у біогазовій установці; швидкість подачі субстрату в реактор та своєчасне перемішування.

Процес утворення біогазу можна розділити на кілька етапів. При цьому окремі етапи розкладання повинні бути оптимально адаптовані один до одного для забезпечення безперебійного ходу всього процесу. Загальна схема метанової ферментації проілюстрована на рисунку 1.5.

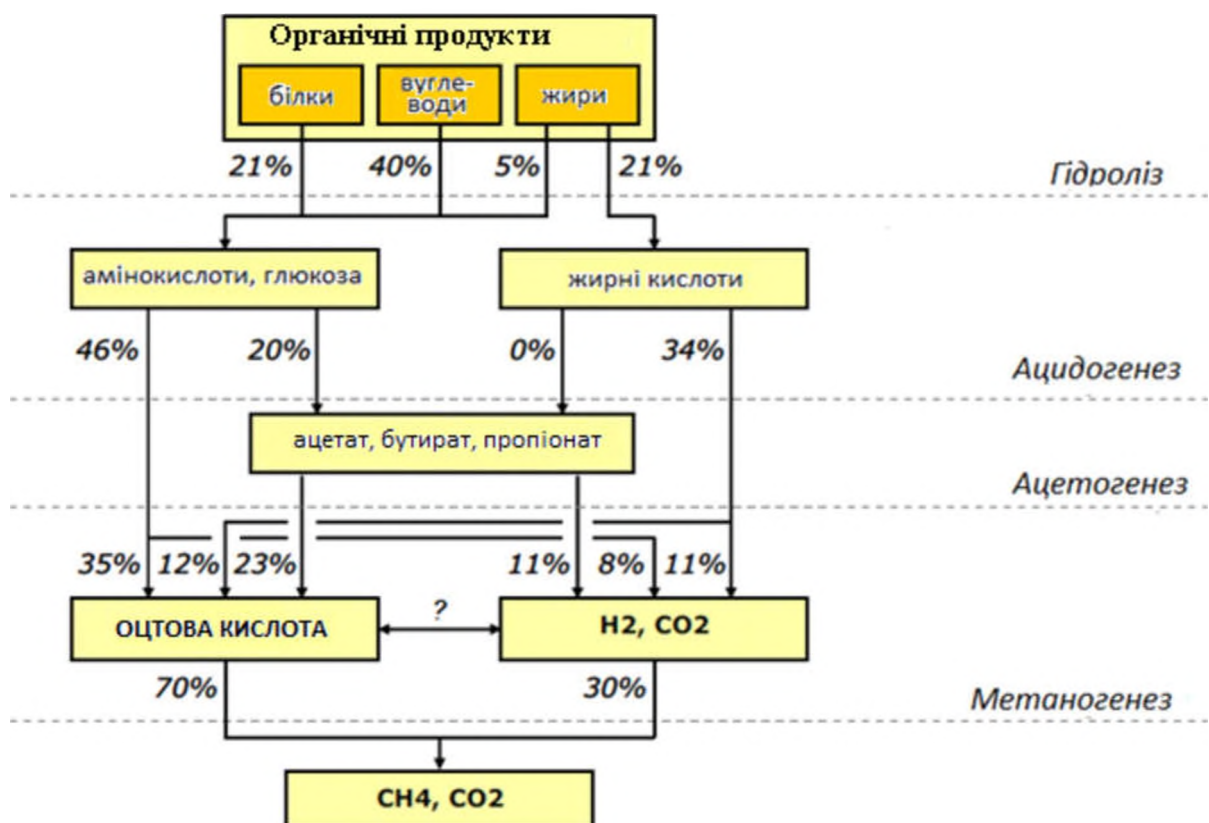


Рисунок 1.5 – Схема анаеробної ферментації органічних продуктів

На першому етапі, «гідроліз», складні сполуки вихідного матеріалу (напр., вуглеводи, білки, жири) розщеплюються на більш прості органічні

сполуки (напр., амінокислоти, цукор, жирні кислоти). Для цього беруть участь в процесі гідролітичні бактерії та виділяють ензими, які забезпечують біохімічне розкладання матеріалу.

Потім утворилися проміжні продукти на так званому «етапі підкислення» (ацидогенез) під впливом ферментативних бактерій піддаються подальшому розкладанню на нижчі жирні кислоти (оцтова, пропіонова і масляна кислота), а також вуглекислий газ і водень. Поряд з цим також утворюються незначні кількості молочної кислоти і спиртів. Вид утворених на цьому етапі продуктів залежить від концентрації проміжного водню.

В процесі підкислення, «утворення оцтової кислоти» (ацетогенез), ці продукти потім під впливом ацетогенних бактерій перетворюються в субстанції, з яких пізніше утворюється біогаз (оцтова кислота, водень і вуглекислий газ). У зв'язку з цим велике значення має парціальний тиск водню. Занадто великий вміст водню з енергетичних причин перешкоджає перетворенню проміжних продуктів в ході ацетогенезу. Внаслідок цього органічні кислоти, наприклад, пропіонова кислота, масляна кислота, валеріанова кислота і капронова кислота, збагачуються і уповільнюють утворення метану. Ацетогенні бактерії (воднеутворюючі бактерії) з цієї причини повинні існувати в тісному симбіозі з поглинаючими водень метаногенів археями, які в процесі утворення метану поряд з воднем використовують вуглекислий газ (міжвидова передача водню) і таким чином забезпечують прийнятні умови середовища для виділення оцтової кислоти бактерій.

На наступному «етапі метаногенезі», останньому кроці освіти біогазу, строго анаеробні археї переробляють, перш за все, оцтову кислоту, а також водень і вуглекислий газ в метан. Гідрогенотрофні метаногени виробляють метан з водню і вуглекислого газу, а ацетатні метаногени, навпаки, шляхом розщеплення оцтової кислоти.

Зазвичай утворення біогазу відбувається шляхом ферментації у біогазовій установці.

Під час водневих реакцій і тільки при відносно низьких об'ємних навантаженнях в ході реакцій з розкладання оцтової кислоти. Але дані, отримані в ході ферментації осадів стічних вод, про те, що метан на 70% утворюється в результаті розщеплення оцтової кислоти і тільки на 30% з водню, дійсні на сільськогосподарських біогазових установках тільки для високопродуктивних реакторів з дуже коротким часом перебування. Нові дослідницькі роботи доводять, що міжвидова передача водню мабуть стає кроком, котрий визначає швидкість [9].

Одноступінчатий процес складається з чотирьох паралельних за часом фаз анаеробного розкладання. Тобто всі реакції протікають одночасно, при чому умови існування метаноутворюючих бактерій набагато вищі, ніж кислотоутворюючих. Швидкість і масштаби анаеробної ферментації метаноутворюючих бактерій залежать від їх метаболічної активності.

Але так як бактерії окремих етапів розкладання пред'являють різні вимоги до свого життєвого простору (наприклад, показник рН, температура), для забезпечення технологічного процесу повинен бути знайдений компроміс. Так як метаногенів мікроорганізми внаслідок малої швидкості росту є найслабшою ланкою біоценозу і найвідчутніше реагують на неполадки, умови середовища повинні бути адаптовані до вимог метаноутворюючих бактерій. Спроба відокремити гідроліз і утворення кислоти від утворення метану за допомогою двох просторово розділених технологічних етапів (двоетапний процес) на практиці вдається тільки щодо, так як, незважаючи на низький показник рН на етапі гідролізу ( $\text{pH} < 6,5$ ) все одно частково утворюється метан. Тому що утворений гідролізний газ поряд з вуглекислим газом і воднем містить метан, через що гідролізний газ потрібно піддавати переробці або обробці, щоб уникнути негативного впливу на навколишнє середовище і ризиків у сфері безпеки [10].

Залежно від конструкції і способу експлуатації біогазової установки, а також характеристик і концентрації використовуваної в якості субстрату сирової маси при багатоетапних процесах на окремих ділянках реакторів

можуть виникати різні умови середовища. Умови середовища, в свою чергу, впливають на склад і активність мікробного біоценозу і таким чином мають безпосередній вплив на утворилися продукти обміну речовин.

При описі умов середовища слід розрізняти мокру і твердофазну ферментацію (також називається сухою ферментацією), так як між цими технологіями існують відмінності, особливо за вмістом води та поживних речовин, а також переокисленні речовин. Виходячи з переважного застосування на практиці, частіше застосовується мокра ферментація [11].

Біогаз – це газова суміш, яка переважно складається з метану ( $CH_4$ ) і вуглекислого газу ( $CO_2$ ), а також водяної пари та інших газів в незначних обсягах.

Значення має вміст метану, так як він є паливним компонентом біогазу і безпосередньо впливає на його калорійність. Цілеспрямованим управлінням процесу на склад біогазу можна вплинути лише обмежено. Він також залежить від складу сировини. Крім того, як уже зазначалось, на вміст метану впливають технологічні параметри, такі як температура бродіння, ступінь завантаження реактора і гідравлічне час перебування, а також порушення технологічного процесу і застосовується метод біологічного знесірчення.

Одержуваний обсяг метану при цьому в основному визначається складом використовованого субстрату, тобто відсотковим вмістом жирів, білків і вуглеводів. При цьому питомі обсяги отримання метану названих груп речовин знижуються в названій тут послідовності. Наведені до маси жири дозволяють отримати більше метану в порівнянні з вуглеводами.

Відносно якості газової суміші важливу роль відіграє концентрація залишкового сірководню ( $H_2S$ ). Вона, з одного боку, не повинна бути занадто високою, так як сірководень навіть невеликій концентрації інгібує вплив на процес розкладання. З іншого боку, висока концентрація  $H_2S$  в біогазі призводить до корозії на блокових теплоелектростанціях і опалювальних котлах [10]. Огляд середнього складу біогазу подані в таблиці 1.1.

Таблиця 1.1 – Середній склад біогазу

Компонент	Концентрація
Метан (CH <sub>4</sub> )	50-75%
Вуглекислий газ (CO <sub>2</sub> )	25-45%
Вода (H <sub>2</sub> O)	2-7%(20-40 C)
Сірководень (H <sub>2</sub> S)	20-20000 ррт
Азот (N <sub>2</sub> )	<2 %
Кисень (O <sub>2</sub> )	<2 %
Водень (H <sub>2</sub> )	<1 %

На інтенсивність процесу ферментації і, як наслідок, утворення біогазу розрізняють чотири групи факторів впливу:

а) біологічні:

1) склад мікрофлори (кількість і групи мікроорганізмів відповідної стадії розкладання);

2) склад біомаси ферментації (білки, жири, вуглеводи);

3) умови життєдіяльності мікроорганізмів (зміст домішок);

б) фізичні:

1) температура ферментації;

2) гідравлічний режим;

3) тиск у біогазовій установці;

в) хімічні:

1) кислотність середовища (рН);

2) обсяг і склад біогазу;

3) вміст летких жирних кислот у біомасі ферментації;

г) організаційно-технологічні:

1) доза добового завантаження продукту ферментації;

2) вміст у біомасі речовин, що не піддаються переробці;

3) навантаження за беззольною речовиною.

В результаті аналізу процесів анаеробної ферментації можна підсумувати, що на обсяг виходу біогазу найбільше впливають такі фактори: концентрація субстрату ( $S$ ), температура ( $T$ ) ферментації та склад органічної речовини [8].

Підтримка оптимальної кислотності середовища та температури є одним з найважливіших факторів біопроцесу ферментації. З урахуванням оптимізації біопроцесу ферментації та отримання біогазу  $pH$  має бути в межах від 6,5 до 7,6 [12]. А до оптимального температурного режиму, відносять основні три групи:

- психофільний – від 20 °C до 25 °C;
- мезофільний – від 25°C до 40 °C ;
- термофільний – понад 40 °C.

На підставі емпіричних даних біогазових установок періодичного завантаження, оптимальною температурою є 32-35 ° C для мезофільного температурного режиму, а для термофільного 52-54 ° C. Психофільний температурний режим дотримується в біогазових установках без підігріву, тобто в таких установках, де відсутній контроль за температурою.

Мезофільний режим найоптимальніший для досягнення економії енергії. Метанова ферментація – процес ендотермічний, який потребує постійного підігріву для підтримки температури зброджування.

Таким чином, в результаті аналізу процесів анаеробної ферментації, для управління і контролю біопроцесами ферментації потрібно із врахуванням факторів впливу побудувати математичні моделі на різних стадіях. Але для їх побудови потрібно розв'язати задачі структурної ідентифікації.

### 1.3 Аналіз методів моделювання в задачі структурної ідентифікації на основі інтервальних даних

Задача структурної ідентифікації дискретної моделі (ДММ) зводиться до багаторазового розв'язання задачі параметричної ідентифікації. Для пошуку структури математичної моделі необхідно проаналізувати методи структурної ідентифікації та визначити спосіб можливого зменшення кількості ітерацій методу.

Методи структурної ідентифікації математичних моделей об'єктів досліджено та описано у багатьох працях [13-16]. Серед найефективніших із них слід відзначити такі:

- метод групового урахування аргументів (МГУА);
- метод редукції структури математичної моделі;
- методу структурної ідентифікації на основі генетичних алгоритмів;
- метод поведінкових моделей бджолоїної колонії.

Метод групового урахування аргументів (МГУА) застосовується в самих різних областях для аналізу даних, прогнозування та моделювання систем, оптимізації і розпізнавання об'єктів. Індуктивні алгоритми МГУА дають унікальну можливість автоматично знаходити взаємозалежності в даних, вибрати оптимальну структуру моделі чи мережі, і збільшити точність існуючих алгоритмів.

Цей підхід самоорганізації моделей принципово відрізняється від зазвичай використовуваних дедуктивних методів. Він заснований на індуктивних принципах – знаходження кращого рішення засноване на переборі всіляких варіантів.

За допомогою перебору різних рішень підхід індуктивного моделювання мінімізує роль передумов автора про результати моделювання.



Комп'ютер сам знаходить структуру моделі і закони, що діють в об'єкті. Він може використовуватись при створенні штучного інтелекту і при прийнятті рішень [17].

Метод групового урахування аргументів складається з декількох алгоритмів для вирішення різних завдань. У нього входять як параметричні, так і алгоритми кластеризації, комплексування аналогів, ребінаризації і імовірнісні алгоритми. цей підхід самоорганізації заснований на переборі поступово ускладнюючих моделей і виборі найкращого рішення відповідно до мінімуму зовнішніх критеріїв. В якості базисних моделей використовуються не тільки поліноми, а й також нелінійні, імовірнісні функції або кластеризації.

Основний результат теорії МГУА полягає в тому, що при неточних зашумлених даних і коротких вибірках, мінімум критерію вказує нефізичну модель, точність якої вище і структура якої простіше структури повної фізичної моделі. Перебір множини моделей-претендентів за зовнішніми критеріями необхідний тільки для нефізичних моделей.

Однак цей метод не забезпечує побудову моделей із гарантованими прогностичними властивостями, тому що він ґрунтується на критеріях мінімізації середньоквадратичного відхилення між прогнозованими та експериментальними даними, тобто зовнішніх критеріях, що є не придатними у тому випадку, коли експериментальні дані представлені в інтервальному вигляді [18].

Одночасне застосування принципів МГУА та критерію верифікації інтервальної моделі, у випадку ідентифікації моделі з гарантованими прогностичними властивостями, може призвести до необхідності багаторазового розв'язування задачі параметричної ідентифікації. Тому побудований на основі такого підходу метод структурної ідентифікації характеризуватиметься високою обчислювальною складністю [19].

Суть методу редукції структури математичної моделі полягає в заміні реальної передавальної функції, яка описує динаміку об'єкта, функцією

передачі нижчого порядку, як правило другого [20, 21]. При цьому спрощення повинно проводитися так, щоб сумарне значення енергій, моментів або деяких інших характеристик, які накопичуються протягом перехідного процесу, несуттєво змінюючись [21].

Методу редукції структури математичної моделі об'єктів управління присвячено ряд публікацій, серед яких роботи [17, 20-23]. Однак використовувати аналітичні підходи [17, 21, 23] не завжди добре через складність математичних перетворень, а застосування чисельних методів, які реалізуються за допомогою ЕОМ, передбачає наявність відповідного програмного забезпечення, яке реалізує той чи інший чисельний метод [20, 22].

Альтернативними методами вирішення завдання редукції математичної моделі об'єктів управління є ті, які не передбачають складних математичних розрахунків [20]. Найбільш простий спосіб полягає в розкладанні передавальної функції об'єкта на елементарні динамічні ланки і відкиданні тих множників, які не містять найбільшу постійну часу. Якщо функцію об'єкта розкласти на ланки не вдається, то знаходять коріння його характеристичного рівняння. Великим значенням коренів відповідають швидко затухаючі компоненти перехідного процесу, які мало впливають на поведінку системи.

Інший підхід полягає в заміні змінних часу одним сумарним запізненням і скорочення нулів і полюсів вихідної передавальної функції об'єкта [20]. Однак таким підходам притаманна низька точність через те, що редукція здійснюється лише маніпулюванням змінними часу і не передбачають вплив коефіцієнта перетворення.

Таким чином застосування методу редукції, призводить до суттєвого збільшення обчислювальної складності та неможливості знаходження розв'язку задачі структурної ідентифікації [24]. Також, при вилученні структурних елементів не враховують їх взаємодію з іншими компонентами

математичної моделі [25]. А це призведе до втрати значущих структурних елементів оптимальної математичної моделі [26].

Для вирішення задачі структурної ідентифікації пропонується ще один підхід, в основу якого покладено генетичний алгоритм [27]. Він являє собою евристичний алгоритм пошуку, що використовується для вирішення завдань оптимізації та моделювання шляхом випадкового пошуку, комбінування і варіації шуканих параметрів з використанням механізмів, що нагадують біологічну еволюцію. Відмінною особливістю генетичного алгоритму є акцент на використання оператора «схрещування», який виробляє операцію рекомбінації рішень-претендентів, роль якої аналогічна ролі схрещування в живій природі.

Завдання структурної ідентифікації формується таким чином, що її рішення закодована у вигляді вектора фіксованої довжини, де кожен елемент відповідає зрушення по  $r$ ,  $r_j$ . Таким чином, завдання зводиться до вирішення задачі цілочислового програмування (Integer programming) яка відносяться до класу NP-складних задач [15].

Випадковим чином створюється множина генотипів початкової популяції, причому, навіть якщо вона виявиться абсолютно неконкурентоспроможною, генетичний алгоритм все одно достатньо швидко переведе її в життєздатну популяцію.

Кожен генотип оцінюється з впровадженням «функції застосування», в нашому випадку цією функцією є критерій, в результаті чого з кожним генотипом асоціюється певне значення, яке визначає, наскільки добре описується структура та вирішує поставлене завдання.

З отриманої множини рішень ( «покоління») вибираються таке, до якого застосовуються «схрещування» і «мутація».

Завдання «схрещування» полягає в тому, щоб нащадок чи нащадки мали можливість успадкувати риси обох батьків, «змішавши» їх. Так як кодування генотипів у нас задається вектором, то для здійснення операції

схрещування вибирається випадковий ген  $F$  в генотипі, даними ділянками обмінюються обоє батьків.

На етапі «мутації» кожен ген генома з ймовірністю  $p$  змінюється довільним чином.

Кінцевим результатом «схрещування» і «мутації» є отримання нових рішень. Для них також обчислюється деякі значення, і потім проводиться відбір («селекція») кращих рішень в наступне покоління.

На етапі відбору потрібно з усієї популяції вибрати певну її частину, яка залишиться «в живих» на цьому етапі еволюції. Ймовірність виживання людини залежить від значення функції.

Цей набір дій повторюється ітеративно, так моделюється «Еволюційний процес», який триває кілька поколінь, доки не буде виконаний критерій зупинки алгоритму, а саме протягом декількох поколінь значення функції для кожної особистості в популяції змінюється «незначно».

Таким чином, можна виділити наступні етапи генетичного алгоритму: задати цільову функцію для особин популяції, згенерувати випадковим чином початкову популяцію. потім циклічно проводить такі операції над популяцією: розмноження (схрещування), мутацію, обчислення значення критерію для даної структури, перевірку на стійкість і відповідність розмірності, формування нового покоління (селекція) на основі вибору кращих.. При виконанні умов зупинки закінчити виконання циклу, в іншому випадку повторити операції.

Основні недоліки цього методу структурної ідентифікації [28, 29]:

– випадкове формування початкової множини структур ІДММ на першій ітерації проводять таким чином, щоб використати весь сформований набір структурних елементів  $F$  (генів), що в свою чергу призводить до суттєвого збільшення початкової кількості структур ІДММ (особин популяції), адже вона прямопропорційно залежить від кількості структурних елементів (генів) у наборі  $F$ ;

– у ході селекції множини «кращих» структур ІДММ, тобто із найменшими значеннями цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ , на кожній ітерації відкидають 50% від усіх згенерованих структур, що в результаті може бути причиною відсутності прийнятної структури ІДММ після завершення процедури структурної ідентифікації внаслідок втрати важливих компонентів моделі;

– нераціональний випадковий вибір структур ІДММ для схрещування, тобто схрещування відібраних структур ІДММ відбувається із застосуванням оператора «схрещування», який побудовано на принципі «розіграшу лотереї», де відбувається попарне «схрещування» структур, які відбирають із множини кращих структур ІДММ випадковим чином;

– відсутній оператор мутації, який є класичним оператором генетичного алгоритму, що призводить до неефективності механізму уникнення локальних екстремумів складної багатоекстремальної цільової функції задачі структурної ідентифікації.

Також для розв'язування задач структурної ідентифікації, застосовують методи та алгоритми, які ґрунтуються на основі децентралізації та самоорганізації мультиагентних систем [27], у випадку коли цільова функція є дискретною. Вони ґрунтуються на принципах ройового інтелекту, до яких відносять алгоритми бджолоїної колонії, мурашині, зозулі тощо.

Методи структурної ідентифікації на основі ройового інтелекту та генетичні алгоритми мають дещо спільне. Наприклад, ініціалізація початкової популяції здійснюється випадковим чином чи використання відомих значень цільової функції для оцінювання знайдених розв'язків [30]. Проте методи на основі ройового інтелекту, на відміну від генетичних алгоритмів, не використовують генетичних операторів, таких як «схрещення» чи «мутації» [31, 32]. Натомість особини популяції мають пам'ять та локально взаємодіють, змінюючи швидкості [32]. Варто зазначити, що механізми взаємодії між особинами популяції у генетичних та ройових алгоритмах є абсолютно різними [33]. Зокрема в генетичних алгоритмах вся

популяція рухається синхронно у напрямку екстремуму цільової функції, тому хромосоми обмінюються інформацією попарно, а у ройових алгоритмах – виявлення локальних екстремумів та відповідно швидше знаходження глобального екстремуму цільової функції відбувається локально, що в свою чергу забезпечує взаємодію між особинами популяції [34]. Основною перевагою методів на основі ройового алгоритму є менша кількість параметрів алгоритму.

Унаслідок проведеного аналізу відомих ройових алгоритмів встановлено, що найбільш придатним у контексті розв'язування задачі структурної ідентифікації ІДММ є алгоритм бджолоїної колонії, оскільки він містить ефективний механізм для уникнення локальних екстремумів цільової функції, а також дозволяє легко встановити основні аналогії між особливостями харчової поведінки бджолоїної колонії та основними поняттями задачі структурної ідентифікації [35].

Проте зазначені методи структурної ідентифікації вимагають зниження обчислювальної складності для задач моделювання процесів анаеробної ферментації та зорієнтовані на знаходження лише однієї моделі, тобто без урахування множинності оцінок параметрів за рахунок невизначеності. Похибки у результатах спостережень та оозкид технологічних параметрів біопроеесу призводять до множини таких моделей. Тому для їх отримання необхідно використовувати інтервальні оцінки значень параметрів для моделей. Такий підхід відзначається простотою обчислень і особливо є актуальним при розробці ІДММ.

#### 1.4 Постановка задачі

Зважаючи на вищевикладене актуальність дослідження полягає у побудові математичних моделей біопроеесів анаеробної ферментації, які

забезпечують урахування технологічних відхилень змінних процесу на різних його стадіях. Для розв'язування цієї задачі необхідно застосувати метод структурної ідентифікації ДММ на основі поведінкових моделей бджолиної колонії із зменшенням часової складності його реалізації.

Метою роботи є створення математичних моделей анаеробної ферментації у біогазових установках на різних його стадіях із застосування методу структурної ідентифікації.

Для досягнення цієї мети необхідно розв'язати наступні завдання:

- провести аналіз процесів ферментації у біогазових установках;
- проаналізувати методи структурної ідентифікації інтервальних дискретних математичних моделей за критерієм мінімізації обчислювальної складності;
- розширити можливості програмного комплексу для ідентифікації інтервальних дискретних математичних моделей біопроцесів та провести його апробацію для побудови математичних моделей процесів в біогазових установках на стадіях анаеробної ферментації;
- розробити математичні моделі на стадіях анаеробної ферментації у біогазових установках з врахуванням технологічних відхилень змінних біопроцесу.

## 2 МЕТОД СТРУКТУРНОЇ ІДЕНТИФІКАЦІЇ НА ОСНОВІ ПОВЕДІНКОВИХ МОДЕЛЕЙ БДЖОЛИНОЇ КОЛОНІЇ

### 2.1 Теоретичні підстави розв'язування оптимізаційних задач на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії

В результаті аналізу методів структурної ідентифікації, проведеному в першому розділі, встановлено, що для розв'язування задачі структурної ідентифікації ДММ в інтервальному вигляді доцільно застосувати методи ройового інтелекту, а саме поведінкові моделі бджолоїної колонії. У праці [36] запропоновано алгоритм поведінки бджолоїної колонії для розв'язання задачі структурної ідентифікації ІДММ. Алгоритм бджолоїної колонії моделює поведінку медоносних бджіл в процесі пошуку джерел нектару [37]. Суть цього алгоритму полягає в оптимізації деякої цільової функції, яка залежить від вибраного набору структурних елементів [38]. Розглянемо детальніше запропонований алгоритм. Позначимо за  $\lambda_s$  поточну структуру інтервальної дискретної математичної моделі:

$$\lambda_s = \{f_1^s(\bullet) \cdot g_1^s; f_2^s(\bullet) \cdot g_2^s; \dots; f_{m_s}^s(\bullet) \cdot g_{m_s}^s\} \subset \Lambda \quad (2.1)$$

де  $\vec{f}^s = \{f_1^s(\bullet); f_2^s(\bullet); \dots; f_{m_s}^s(\bullet)\} \subset F$  набір структурних елементів, що задає поточну  $s$ -ту структуру ІДММ.

Далі введемо наступні умовні позначення:  $m_s \in [I_{\min}; I_{\max}]$  – кількість елементів у поточній структурі  $\lambda_s$ ;  $F$  – множина усіх структурних елементів,  $F = \{f_1(\vec{v}_{k-1}); \dots; f_l(\vec{v}_{k-1}); \dots; f_L(\vec{v}_{k-1})\}$ , де  $|F| = L$  (потужність множини  $F$ );  $\vec{g}^s = \{g_1^s; g_2^s; \dots; g_{m_s}^s\}$  – вектор невідомих значень параметрів, який для поточної структури ІДММ оцінюватиметься на основі методів параметричної ідентифікації, які ґрунтуються на процедурах випадкового пошуку [30];  $\Lambda$  – множина усіх можливих структур ІДММ.



На основі задачі структурної ідентифікації, яка полягає у пошуку структури  $\lambda_0$  ІДММ у вигляді (2.1), сформулюємо нову ІДММ (2.2):

$$[v_k^-; v_k^+] = [f_1^0(\bullet)] \cdot \hat{g}_1^0 + [f_2^0(\bullet)] \cdot \hat{g}_2^0 + \dots + [f_{m_0}^0(\bullet)] \cdot \hat{g}_{m_0}^0 \quad (2.2)$$

Наведена вище ІДММ (2.2), повинна задовільняти умови:

$$[\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+] \subseteq [v_k^-; v_k^+], \forall k = 0, \dots, K, \quad (2.3)$$

де  $[v_k^-; v_k^+]$  – інтервал значень модельованої характеристики для  $k$ -ої дискрети,  $k = 0, \dots, K$ , межі якого визначаємо на основі похибок вимірювання модельованої характеристики за виразами  $v_k^- = v_k - v_k \cdot \varepsilon$  та  $v_k^+ = v_k + v_k \cdot \varepsilon$ , де  $v_k$  – вимірне значення модельованої характеристики;  $\varepsilon$  – відносна похибка вимірювання;  $[\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+]$  – інтервальні оцінки прогнозованої характеристики для  $k$ -ої дискрети,  $k = 0, \dots, K$ .

Таким чином, ІДММ (2.2) повинна забезпечувати на множині усіх дискрет належність інтервальних оцінок прогнозованого значення модельованої характеристики до інтервалів допустимих значень модельованої характеристики.

У випадку, коли дані задано в інтервальному вигляді, цей етап полягає у формуванні деякого вектора базисних функцій (поточної структури  $\lambda_s$  ІДММ) і знаходженні оцінок параметрів ІДММ шляхом розв'язування інтервальної системи алгебричних рівнянь (ІСНАР). Проте, натомість шукають деяке наближення до розв'язку ІСНАР, яке задає якість поточної структури ІДММ  $\lambda_s$ , а не розв'язують її. Тоді задача розв'язування ІСНАР має вигляд оптимізаційної задачі.

Отже, якість поточної структури ІДММ оцінюватимемо за значенням цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ . Значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$  обчислюватимемо за допомогою виразів для фіксованої структури [32]:

$$\delta(\lambda_s) = \max_{k=1, \dots, K} \left\{ \left| \text{mid}(\vec{f}^{Ts}([\hat{v}_0], \dots, [\hat{v}_{k-1}]) \cdot \hat{g}^s) - \text{mid}([v_k]) \right| \right\},$$

якщо  $[\hat{v}_k] \cap [v_k] = \emptyset, \exists k = 1, \dots, K$  ;

(2.4)

$$\delta(\lambda_s) = \max_{k=1, \dots, K} \left\{ \left| \text{wid}(\vec{f}^{Ts}([\hat{v}_0], \dots, [\hat{v}_{k-1}]) \cdot \hat{g}^s) - \text{wid}((\vec{f}^{Ts}([\hat{v}_0], \dots, [\hat{v}_{k-1}]) \cdot \hat{g}^s) \cap [v_k]) \right| \right\},$$

якщо  $[\hat{v}_k] \cap [v_k] = \emptyset, \forall k = 1, \dots, K$  ;

(2.5)

де  $\text{mid}(\bullet), \text{wid}(\bullet)$  – операції визначення центру та ширини інтервалів, відповідно.

Вираз (2.4) описує «наближеність» поточної структури до задовільної на початкових ітераціях, тим часом як вираз (2.5) у випадку  $\delta(\lambda_s)=0$  забезпечує виконання умови (2.2).

Тепер задачу структурної ідентифікації ІДММ формально запишемо у вигляді задачі знаходження мінімуму цільової функції  $\delta(\lambda_s)$  [39]:

$$\delta(\lambda_s) \xrightarrow{\hat{g}^s \vec{f}^s(\bullet)} \min, m_s \in [I_{\min}; I_{\max}], \vec{f}^s(\bullet) \in F$$
(2.6)

Для обчисленого значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$  для фіксованої структури  $\lambda_s$  ІДММ за будь-яких умов справедлива нерівність  $\delta(\lambda_s) \geq 0$ . Таким чином, цільова функція  $\delta(\lambda_s)$  має глобальний екстремум лише у тих точках, для яких виконується така рівність:  $\delta(\lambda_s) = 0$ . Опираючись на теорію множинності моделей [31], у просторі пошуку розв'язків задачі структурної ідентифікації ІДММ цільова функція  $\delta(\lambda_s)$  має багато глобальних мінімумів.

Поточна структура ІДММ буде тим «краща», чим менше значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ . І поточна структура ІДММ побудує адекватну модель якщо  $\delta(\lambda_s) = 0$ , для якої інтервальні оцінки прогнозованої характеристики належать до інтервалів можливих значень модельованої характеристики [40].

Поєднання компонентів поведінкової моделі та методів аналізу інтервальних даних дає можливість сформулювати теоретичні основи побудови процедур пошуку глобального мінімуму цільової функції  $\delta(\lambda_s)$  в задачі структурної ідентифікації ІДММ.

Задачу структурної ідентифікації ІДММ розв'язують за допомогою певної послідовності перетворень структур  $\lambda_s$ , де значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ , обчисленої для них на кожній ітерації, набуває менших значень. Якщо  $\delta(\lambda_s) = 0$ , то це означає, що поточна структура ІДММ  $\lambda_s$ , для якої обчислене таке значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ , у просторі розв'язків є точкою глобального мінімуму  $\delta(\lambda_s)$ . Як відомо [41], при побудові процедур, які лежать в основі методу структурної ідентифікації, необхідно здійснити такі послідовності перетворень, які забезпечували б на кожній ітерації зменшення значень цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ .

Застосування аналізу інтервальних даних передбачає розв'язування ІСНАР для оцінювання якості кожної згенерованої структури ІДММ. Введемо математичний оператор  $G(\lambda_s)$ , який здійснює генерування математичної моделі на основі перетворення її структури  $\lambda_s = \{f_1^s(\bullet) \cdot g_1^s; f_2^s(\bullet) \cdot g_2^s; \dots; f_{m_s}^s(\bullet) \cdot g_{m_s}^s\}$  в адитивну згортку [42], тобто:

$$G(\lambda_s) = \{f_1^s(\bullet) \cdot \hat{g}_1^s; f_2^s(\bullet) \cdot \hat{g}_2^s; \dots; f_{m_s}^s(\bullet) \cdot \hat{g}_{m_s}^s\}. \quad (2.7)$$

Зауважимо, що представлений оператор дає можливість підвищити ступінь нелінійності ІДММ, шляхом використання мультиплікативних згорток.

Відомий порядок ДММ  $d$  дає можливість задати початкові умови у такому вигляді:

$$[\widehat{v}_0^-; \widehat{v}_0^+] \subseteq [v_0^-; v_0^+], \dots, [\widehat{v}_{d-1}^-; \widehat{v}_{d-1}^+] \subseteq [v_{d-1}^-; v_{d-1}^+], [\widehat{v}_d^-; \widehat{v}_d^+] \subseteq [v_d^-; v_d^+]. \quad (2.8)$$

Тоді з використанням оператора  $G(\lambda_s)$  та врахуванням початкових умов (3.7) отримуємо математичну модель об'єкта з розподіленими параметрами у вигляді ІДММ:

$$[\widehat{v}_k(\lambda_0)] = [f_1^S(\bullet)] \cdot \widehat{g}_1^S + [f_2^S(\bullet)] \cdot \widehat{g}_2^S + \dots + [f_{m_s}^S(\bullet)] \cdot \widehat{g}_{m_s}^S \quad (2.9)$$

де  $f_i^S([\widehat{v}_0], \dots, [\widehat{v}_{k-d}]) = [f_i^S(\bullet)]$ , а набір аргументів  $[\widehat{v}_0], \dots, [\widehat{v}_{k-d}]$  означає інтервальні оцінки модельованої характеристики, задані у вигляді початкових умов або спрогнозовані в попередніх точках простору та часу.

Підставивши початкові умови (2.8) у ІДММ (2.9) отримаємо прогнозовані значення модельованої характеристики. Вектор відомих параметрів ІДММ (2.9)  $\widehat{g}^S$  отримуємо у вигляді розв'язку ІСНАР, яку сформулюємо у такому загальному вигляді:

$$\left\{ \begin{array}{l} [\widehat{v}_0^-; \widehat{v}_0^+] \subseteq [v_0^-; v_0^+], \dots, [\widehat{v}_{d-1}^-; \widehat{v}_{d-1}^+] \subseteq [v_{d-1}^-; v_{d-1}^+] \\ [\widehat{v}_k] = \widehat{f}^T([\widehat{v}_0], \dots, [\widehat{v}_{d-1}]) \cdot \widehat{g} \\ v_k^- \leq \widehat{f}^T([\widehat{v}_0], \dots, [\widehat{v}_{d-1}]) \cdot \widehat{g} \leq v_k^+, \end{array} \right. , k = d, \dots, K \quad (2.10)$$

Поточна структура ІДММ  $\lambda_s$  із відомим вектором параметрів  $\bar{g}^s$  є одним із потенційних розв'язків задачі структурної ідентифікації. Якість поточної структури оцінюємо на основі виразу (2.7), початкових умов (2.8) та ІДММ (2.9), які дають можливість сформулювати ІСНАР (2.10), та деякого показника  $\delta(G(\lambda_s))$ , отриманого з системи (2.10) у такому вигляді:

$$\delta(G(\lambda_s)) = \max_{k=1, \dots, K} \{mid[\hat{v}_k] - mid[v_k]\} \quad (2.11)$$

якщо  $[\hat{v}_k] \cap [v_k] = \emptyset \exists k = 1, \dots, K$

$$\delta(G(\lambda_s)) = \max_{k=1, \dots, K} \{wid[\hat{v}_k] - wid[v_k]\} \quad (2.12)$$

якщо  $[\hat{v}_k] \cap [v_k] \neq \emptyset \forall k = 1, \dots, K$

При заданих початкових умовах (2.8) з ІДММ (2.9) отримуємо інтервальні оцінки модельованої характеристики  $[\hat{v}_k]$ . Формула (2.11) визначає віддаль між серединами інтервалів прогнозованого та виміряного значення модельованої характеристики  $[\hat{v}_k]$  у тому випадку, коли є такі точки, в яких прогнозований інтервал не перетинається з експериментальним. В іншому випадку показник  $\delta(G(\lambda_s))$  будемо обчислювати на основі формули (2.12) як різницю ширини інтервалу прогнозованого значення з шириною перетину інтервалів  $[\hat{v}_k]$ ,  $[v_k]$ .

Таким чином, запишемо функцію мети задачі структурної ідентифікації у вигляді складеної функції:

$$\delta(G(\lambda_s)) \xrightarrow{\lambda_s} \min, \quad (2.13)$$

$$m_s \in [I_{\min}; I_{\max}], \lambda_s = \{f_1^s(\bullet) \cdot g_1^s; f_2^s(\bullet) \cdot g_2^s; \dots; f_{m_s}^s(\bullet) \cdot g_{m_s}^s\} \in \Lambda_{m_s}$$

де  $m_s$  – номер ітерації реалізації методу структурної ідентифікації.

У праці [122] показано, що задача структурної ідентифікації у випадку застосування аналізу інтервальних даних зводиться до пошуку глобального мінімуму складеної цільової функції  $\delta(G(\lambda_s))$ , через знаходження глобального мінімуму цільової функції задачі параметричної ідентифікації  $\delta(\bar{g})$ . Для зручності далі складену функцію мети  $\delta(G(\lambda_s))$  позначатимемо  $\delta(\lambda_s)$ .

Цільова функція задачі структурної ідентифікації є достатньо складною, дискретною і має велику кількість локальних мінімумів [32]. Цільова функція (3.12) є дискретною, оскільки включає набори структурних елементів, крім того, у ній містяться підобласті параметрів, які можуть бути не перервними. Водночас, процес розв'язування задачі структурної ідентифікації вказує на надзвичайно високу обчислювальну навіть для простого прикладу, коли кількість структурних елементів є фіксованою та дорівнює двом, а набір усіх структурних елементів складається лише з десяти елементів [32]. Таким чином, сформульована задача структурної ідентифікації (2.13) забезпечує гарантовані прогностичні властивості математичної моделі у вигляді ІДММ. Зважаючи на встановлену складність та дискретність цільової функції (2.13), необхідно розробити процедуру розв'язування оптимізаційної задачі (2.13) у такий спосіб, щоб забезпечити перехід від  $\delta(\lambda_s)$  до  $\delta(\lambda_{s+1})$  при умові  $\delta(\lambda_s) > \delta(\lambda_{s+1})$ .

У роботі запропоновано використати метод структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії для побудови процедур реалізації ітераційної схеми розв'язування оптимізаційної задачі (2.10) за умов збіжності  $\delta(\lambda_s) > \delta(\lambda_{s+1})$  із зменшенням обчислювальної складності.

## 2.2 Метод структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії

Розглянемо детальніше метод структурної ідентифікації ІДММ на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії. Суть методу проілюструємо у вигляді блок-схеми, поданої у додатку А.

Реалізація цього методу забезпечує мінімізацію цільової функції (3.12) у спосіб перетворення послідовності структур  $\lambda_1, \dots, \lambda_s, \lambda_{s+1}, \dots, \lambda_0$  через застосування операторів  $P(\lambda_{mci}, F)$ ,  $P_\delta(\lambda_{mci}, F)$ ,  $P_N(F, I_{\min}, I_{\max})$ ,  $D_1(\lambda_s, \lambda'_s)$ ,  $D_2(\lambda_s, \lambda'_s)$ , які є аналогами відповідних процедур із поведінкової моделі бджолоїної колонії та із зменшенням обчислювальної складності [18].

Зазначені перетворення реалізують фази активності усіх груп бджіл із поведінкової моделі.

На блок-схемі, яка представлена у додатку А розкрито суть взаємодії та послідовність виконання компонентів поведінкової моделі у контексті розв'язування задачі структурної ідентифікації. Розглянемо кожен блок, що представлений на даній схемі.

«Блок 1» ініціалізує початкові параметри алгоритму. Для початку задаємо значення таких змінних:  $LIMIT$ ,  $S$ ,  $[I_{\min}; I_{\max}]$  та множина структурних елементів  $F$ , а далі формуємо початкову множину структур ІДММ  $\lambda_0$  (потужності  $S$ ). Варто зазначити, що початкову множину структур ІДММ  $\lambda_0$  формуємо випадковим чином із набору структурних елементів  $F$ .

«Блок 2» синтезує множини поточних структур ІДММ  $\lambda'_{mci}$ , здійснений шляхом перетворення множини структур  $\lambda_{mci}$  ( $mci$  – номер поточної ітерації) у множину структур ІДММ  $\lambda'_{mci}$ . Таке перетворення здійснюється за допомогою оператора  $P(\lambda_{mci}, F)$ . Далі проводиться попарна селекцію

структур ІДММ із застосуванням оператора  $D_1(\lambda_s, \lambda'_s)$  з отриманням множини найкращих структур  $\lambda^1_{mcs}$ .

«Блок 3» перетворює кожну структуру  $\lambda^1_s$  із множини структур  $\lambda^1_{mcs}$  у множину структур ІДММ  $\lambda'_s$  (де  $s=1\dots S$ ), шляхом заміни випадковим чином елементів кожної структури  $\lambda^1_s$  елементами із набору  $F$ . Тоді позначимо за  $\lambda''_{mcs}$  таке об'єднання множин  $\lambda''_{mcs} = \{\lambda^1_1 \cup \lambda^1_2 \dots \cup \dots \lambda^1_s \dots \cup \lambda^1_S\}$ ,  $s=1\dots S$ . Таким чином, із використанням оператора  $P_\delta(\lambda_{mcs}, F)$  отримуємо множину структур  $\lambda''_{mcs}$ . Далі проводиться погрупова селекцію поточних структур ІДММ із застосуванням оператора  $D_2(\lambda_s, \lambda'_s)$  із отриманням множини «найкращих» структур  $\lambda^2_{mcs}$  із поточних множин  $\lambda^1_{mcs}$  і  $\lambda''_{mcs}$ .

«Блок 4» перевіряє «вичерпаності» поточних структур ІДММ. Усі структури  $\lambda^2_s \in \lambda^2_{mcs}$ , для яких виконується умова  $Limit_s \geq LIMIT$ , вважаємо «вичерпаними». Якщо структура є «вичерпаною», то замінюємо її «новою», яку генеруємо на основі оператора  $P_N(F, I_{\min}, I_{\max})$ .

Якщо знайдено хоча б одну структуру, для якої  $\delta(\lambda^2_s) = 0$ , то завершуємо процедуру структурної ідентифікації, в іншому випадку повертаємося у «Блок 2» [28].

«Блок 5» переходить до кроку реалізації методу параметричної ідентифікації із знаходженням інтервальних оцінок параметрів.

Результати детального аналізу усіх операторів методу структурної ідентифікації ІДММ на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії показали, що зміна способу реалізації деяких із них дасть можливість знизити обчислювальну складність його застосування.

Розглянемо детальніше «Блок 3» із блок-схеми. За аналогією до поведінкової моделі бджолоїної колонії цей блок реалізує фазу активності бджіл-дослідників. Зазначена фаза означає наступне: після «бджолоїного танцю» в окіл кращих джерел їжі летять бджоли-дослідники із вулика, причому чим якісніше джерело їжі, тим більше туди летить бджіл [22].



У «Блоці 3» оператор  $P_{\delta}(\lambda_{mcn}, F)$  здійснює формування множини поточних структур ІДММ  $\lambda_{mcn}^*$  з урахуванням їх «якості»:

$$\lambda_{mcn}^* = P_{\delta}(\lambda_{mcn}^1, F), \quad (2.14)$$

Із математичної точки зору, оператор  $P_{\delta}(\lambda_{mcn}, F)$  означає перетворення кожної структури  $\lambda_s^1$  з множини структур  $\lambda_{mcn}^1$  першого ряду формування, згенерованих на ітерації алгоритму *mcn*, у множини структур ІДММ  $\lambda_s^1$  (де  $s = 1 \dots S$ ) заміною випадковим чином  $n_s$  елементів кожної структури  $\lambda_s^1$  елементами із множини структурних елементів  $F$ . Однак, оператор  $P_{\delta}(\lambda_{mcn}, F)$  здійснює заміну лише для тих структур  $\lambda_s^1 \in \lambda_{mcn}^1$ , для яких  $R_s > 0$ .

При цьому, значення показника  $R_s$  для кожної структури обчислюють за такою формулою:

$$R_s = \text{ToInt} \left( \frac{S \cdot (2 \cdot \max \{ \delta(\lambda_s^1) \mid s = 1 \dots S \} - \delta(\lambda_s^1) - \delta(\lambda_{s-1}^1))}{\sum_{s=1}^S (\max \{ \delta(\lambda_s^1) \mid s = 1 \dots S \} - \delta(\lambda_s^1))} - R_{s-1} \right), \quad s = 2 \dots S \quad (2.15)$$

де  $R_1 = 0$ , операція  $\text{ToInt}(\bullet)$  означає заокруглення до найближчого цілого значення.  $R_s$  - кількість структур, які будуть згенеровані на базі  $s$ -ї структури із множини  $\lambda_{mcn}^1$ , де елементи множини  $\lambda_{mcn}^1$  повинні попередньо бути упорядкованими відповідно до спадання значення показника якості  $\delta(\lambda_s^1)$ .

З математичної точки зору значення показника  $R_s$  означає кількість структур, які будуть згенеровані на основі  $s$ -ї структури із множини  $\lambda_{mcn}^1$  відповідно до процедури вибору відомого джерела нектару бджолами-

дослідниками. У контексті поведінкової моделі бджолоїної колонії зазначений показник  $R_s$  означає кількість бджіл-дослідників, які обрали відоме джерело-нектару з координатами  $\lambda_s^1$ .

У працях [36, 43], авторами зазначеного методу запропоновано обчислювати значення показник  $R_s$  на основі такого припущення: кількість бджіл-дослідників, що летить в окіл джерела нектару, про яке повідомила робоча бджола, прямо пропорційно залежить від його якості.

Біологічні механізми бджіл-дослідників недостатньо дослідженні, так як невідомо чим вона керуєтьсяна приймаючи рішення летіти за тою чи іншою робочою бджолою. Однак вважається, що кількість «завербованих» бджіл-дослідників з математичної точки зору завжди є функцією якості джерела нектару. Однак, формула (2.15) базується на припущенні, що зазначена функція виражається саме лінійною залежністю кількості «завербованих» бджіл-дослідників від якості джерела нектару. Проведений детальний аналіз літературних джерел показав, що інші види такої залежності (квадратичний, кубічний, логарифмічний тощо) раніше не досліджувалися.

Тому, зважаючи на той факт, що цільова функція задачі структурної ідентифікації є достатньо складною, дискретною, і має велику кількість локальних мінімумів та містить неперервні підобласті параметрів, доцільно дослідити інші способи реалізації обчислювальної процедури для визначення значення показника  $R_s$  [43].

Послідовність перетворень структур ІДММ, яка використовується у розглянутому методі структурної ідентифікації математичних моделей, дає можливість забезпечити швидке виявлення ділянок з локальними мінімумами цільової функції та пошук ділянок з глобальними екстремумами серед них.

Метод структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії забезпечує розширення покриття простору пошуку розв'язків задачі без підвищення обчислювальної складності реалізації методу структурної ідентифікації інтервальних математичних моделей

об'єктів з розподіленими параметрами. Таке розширення покриття забезпечують шляхом його неоднорідності [32].

За рахунок використання аналогій з фазою активності бджіл-дослідників із поведінкової моделі реалізується неоднорідне покриття простору розв'язків задачі структурної ідентифікації. Тобто інтенсивніше, ніж інші, будуть досліджуватися ділянки простору пошуку розв'язків, що характеризуються меншими значеннями цільової функції. Для цього проводиться процедура генерування «нових» структур ІДММ за допомогою оператора  $P_{\delta}(\lambda_{mch}, F)$  на основі лише однієї «структури-предка». Водночас кількість згенерованих на основі поточної структури ІДММ «структур-нащадків» прямо пропорційно залежить від значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ , яке обчислене для «структури-предка» та визначається значенням показника  $R_s$ . Тобто чим гірша «структура-предок», тим менше для неї генеруємо «структур-нащадків», а в протилежному випадку – навпаки [32].

Як відомо, методи структурної ідентифікації на основі генетичних алгоритмів покривають область розв'язків задачі рівномірно, а існуючий метод на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії – нерівномірно. Це забезпечує розширення покриття області розв'язків задачі структурної ідентифікації та формує ефективний механізм для виявлення локальних мінімумів цільової функції.

Тому пропонуємо підвищити степінь неоднорідності цього покриття шляхом підвищення степеня нелінійності виразу для обчислення показника  $R_s$ , який з точки зору поведінкової моделі бджолоїної колонії, кількісно визначає інтенсивність дослідження джерел нектару, а з точки зору задачі структурної ідентифікації ІДММ – кількість згенерованих «структур-нащадків».

Доцільно перевірити ефективність застосування зазначеного методу у випадку, якщо залежність кількості згенерованих на основі поточної структури ІДММ «структур-нащадків» нелінійно залежатиме від значення

цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ . Це дозволить змінити характер «неоднорідності» покриття простору пошуку розв'язків задачі структурної ідентифікації.

Підвищення степеня нелінійності виразу (2.15), забезпечить інтенсивніше дослідження ділянок простору пошуку розв'язків, що характеризуються меншими значеннями цільової функції. Звісно, з одного боку, застосування такого підходу забезпечує можливість швидшого знаходження глобального екстремуму цільової функції, а з іншого – існує ризик «обійти» перспективні ділянки цільової функції задачі структурної ідентифікації ІДММ, яка є багатоекстремальною [44].

Тому для досліджень пропонуємо використати вираз, який базується на квадратичній залежності кількості згенерованих на основі поточної структури ІДММ «структур-нащадків» від значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ :

$$R_s = ToInt \left( \frac{S \cdot (2 \cdot \max \{\delta^2(\lambda_s^1) | s = 1 \dots S\} - \delta^2(\lambda_s^1) - \delta^2(\lambda_{s-1}^1))}{\sum_{s=1}^S (\max \{\delta^2(\lambda_s^1) | s = 1 \dots S\} - \delta^2(\lambda_s^1))} - R_{s-1} \right), s = 2 \dots S, \quad (2.16)$$

та відповідно – кубічній:

$$R_s = ToInt \left( \frac{S \cdot (2 \cdot \max \{\delta^3(\lambda_s^1) | s = 1 \dots S\} - \delta^3(\lambda_s^1) - \delta^3(\lambda_{s-1}^1))}{\sum_{s=1}^S (\max \{\delta^3(\lambda_s^1) | s = 1 \dots S\} - \delta^3(\lambda_s^1))} - R_{s-1} \right), s = 2 \dots S, \quad (2.17)$$

Запропоновані залежності схематично зображено на рисунку 2.1.

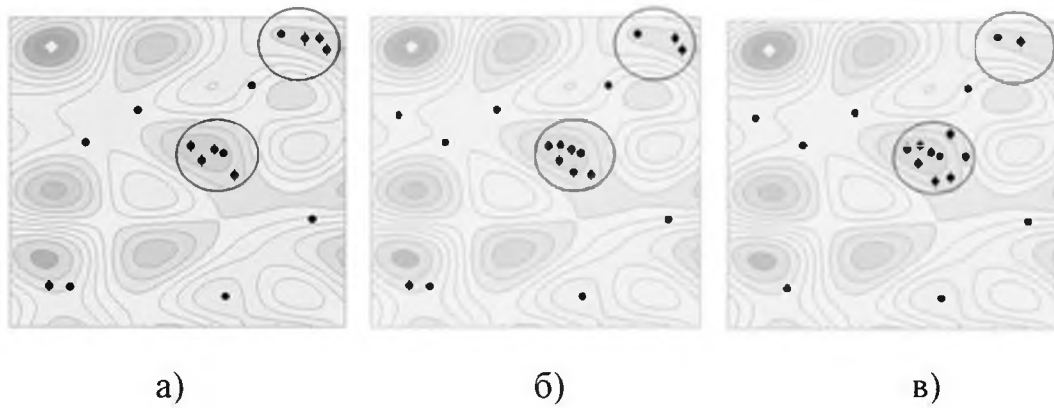







Рисунок 2.1 – Схематичне зображення покриття простору розв’язків задачі структурної ідентифікації після генерування «нових» потенційних розв’язків методом на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії із застосуванням певних залежностей: а) лінійної; б) квадратичної; в) кубічної

На рисунку 2.1 зображена зміна значень цільової функції за допомогою кольорових градацій, де  позначає найменші значення, а  – найбільші. Елемент  позначає глобальний мінімум цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ ; елемент  – поточна множина потенційних розв’язків задачі, що у випадку задачі структурної ідентифікації математичної моделі у вигляді ІДММ означає поточну структуру  $\lambda_s$ ;  – множина згенерованих на основі початкової популяції «нових» потенційних розв’язків.

У результаті експериментальних досліджень для перевірки ефективності застосування виразів (2.15), (2.16) та (2.17) при розв’язуванні задачі структурної ідентифікації ІДММ встановлено, що «найефективнішою» реалізацією фази активності бджіл-дослідників із поведінкової моделі у методі структурної ідентифікації є реалізація із застосуванням квадратичної залежності (2.16) кількості згенерованих на основі поточної структури ІДММ «структур-нащадків» від значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ .

Далі доцільно провести ґрунтовні експериментальні дослідження для перевірки ефективності застосування виразів (2.15), (2.16) та (2.17) при розв’язуванні задачі структурної ідентифікації ІДММ.

## 2.3 Реалізація методу структурної ідентифікації з нелінійним оператором інтенсивності пошуку джерел нектару

Розробка програмного комплексу для методу структурної ідентифікації забезпечить пошук структури математичної моделі біопроцесів анаеробної ферментації у вигляді ІДММ.

Провівши аналіз вимог до системи виділимо наступні варіанти використання, які зображено на рисунку 2.2.



Рисунок 2.2 – Функціональна модель розроблюваного програмного комплексу для моделювання біопроцесів анаеробної ферментації на будь-якій його стадії

Користувач за допомогою програмного продукту зможе побудувати модель для конкретної стадії біопроцесу анаеробної ферментації, а також провести прогнозування по вибраній стадії біопроцесу анаеробної ферментації на основі уже відомої конкретної ІДММ.

При побудові моделі для конкретної стадії біопроцесу користувач може легко ввести експериментальні дані, задати початкові параметри

налаштування, задати степінь полінома та порядок ІДММ. А далі, на основі введених параметрів реалізації методу відбувається структурна ідентифікація моделі, де функція «Формування набору структурних елементів» автоматично формуватиме масив усіх можливих структурних елементів. Тоді функція «Параметрична ідентифікація моделі» реалізує метод параметричної ідентифікації, а функція «Виведення та збереження структури моделі» забезпечує можливість зупинки програми у процесі роботи програми. Функція «Побудова коридору динаміки вихідної характеристики» будує коридор динаміки вихідної характеристики у вигляді графіка.

При прогнозуванні по вибраній стадії біопроцесу анаеробної ферментації користувач може обрати модель, ввести початкові дані, а функція «Побудова коридору прогнозованих інтервальних значень вихідної характеристики» дає змогу зобразити прогнозовані інтервальні значення вихідної характеристики графічно.

Програмний комплекс створений для автоматизації побудови моделі для конкретної стадії біопроцесу анаеробної ферментації, а також для прогнозування по вибраній стадії процесу бродіння ІДММ розроблено із використанням об'єктно-орієнтованого підходу.

Для реалізації програмного комплексу було застосовано мову програмування C# , технологію .NET, а також використано інтегроване середовище розробки програмних продуктів Microsoft Visual Studio.

На рисунку 2.3 показано діаграму класів програмного комплексу для структурної ідентифікації ІДММ на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії та для параметричної ідентифікації на основі методу випадкового пошуку.

Для зручності використання програмного комплексу розроблено графічний інтерфейс для введення даних та виведення структур ІДММ для біопроцесу анаеробної ферментації, а також для візуалізації результатів прогнозування та моделювання, який представлено на рисунках 2.4-2.10 Розглянемо детальніше особливості реалізації інтерфейсу програмного

комплексу на прикладі задачі структурної ідентифікації моделі ферментації твердих органічних продуктів у біогазових установках на стадії ацетогенезу.

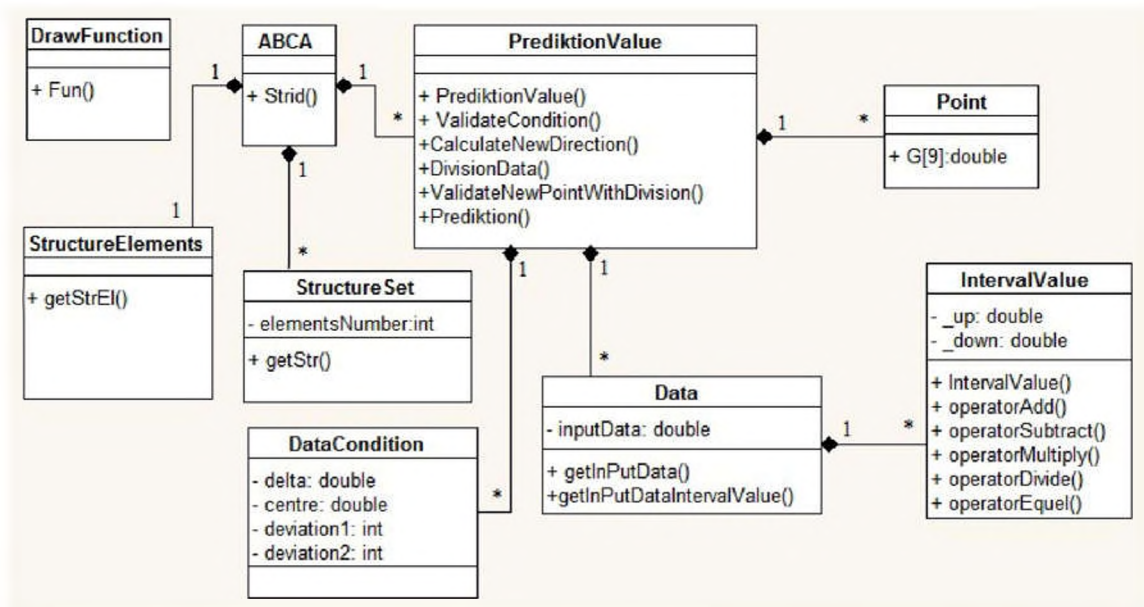


Рисунок 2.3 – Діаграма класів програмного комплексу для моделювання та прогнозування вихідних продуктів ферментації в біогазовій установці

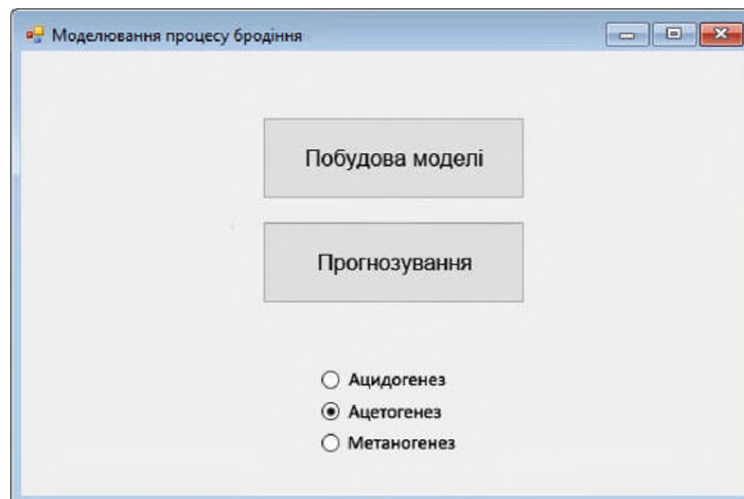


Рисунок 2.4 – Елемент програмного інтерфейсу для моделювання біопроцесу ферментації

На рисунку 2.4 зображено вікно вибору подальшої операції для конкретної стадії біопроцесу анаеробної ферментації. Для початку користувачу потрібно вибрати стадію біопроцесу ферментації (в даному



випадку обираємо стадію ацетогенезу), а тоді він може вибрати подальшу дію програми: побудувати модель чи спрогнозувати дані по вибраній стадії. Якщо користувач обирає функцію «Побудова моделі» програма завантажить вікно введення експериментальних даних та початкових параметрів налаштування. Спочатку вводимо похибку відхилення даних, яка визначає величину похибки вимірювань істинних значень прогнозованої характеристики (від 0 до 1), та умову відхилення похибки, що визначає величину похибки для задання початкових умов (значення повинно лежати в межах від 0 до 1) та кількість днів спостереження. Далі у вікні динамічно генеруються задана кількість комірок, які необхідно заповнити експериментальними даними (рисунок 2.5).

Побудова моделі

Введіть похибку відхилення даних:

Введіть умову відхилення похибки:

Введіть кількість днів спостереження:

Введіть експериментальні дані:

88	85	84	81	78	81	82	84	86	89	91
90	88	88	87	88	88	89	90	91	92	91
91	90	89	87	83	80	76	78	80	79	79
78	76	77	78	79	80	81	82	82	82	80
77	75	75	75	75	75	74	74	73	73	72

Далі

Рисунок 2.5 – Елемент програмного інтерфейсу для введення експериментальних даних та початкових параметрів налаштування

Після цього, натиснувши «Далі» програма завантажить наступне вікно (рисунок 2.6), де користувачу потрібно ввести степінь полінома та порядок ІДММ, який визначає початкові умови для реалізації методу структурної ідентифікації ІДММ. Також у цьому вікні нам потрібно ввести початкові параметри реалізації методу структурної ідентифікації ІДММ, заповнивши усі поля: початкову кількість структур ІДММ –  $S$ , кількість структурних елементів у структурі ІДММ –  $[I_{\min}; I_{\max}]$ , максимальну кількість ітерацій

алгоритму – $MCN$ , максимальну можливу кількість ітерацій «незмінності» структури –  $LIMIT$ .

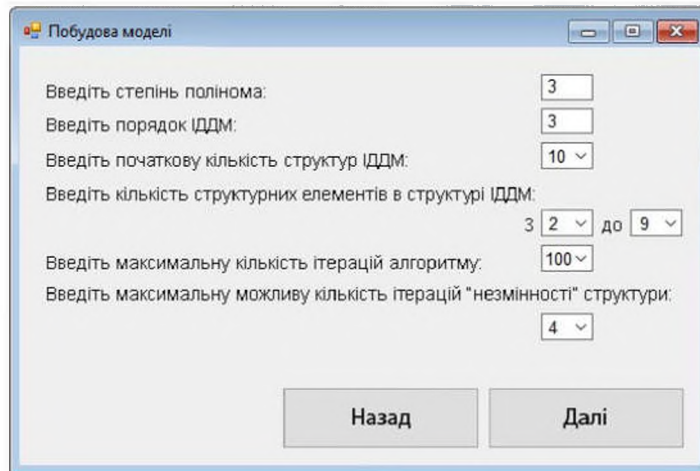


Рисунок 2.6 – Елемент програмного інтерфейсу для введення початкових параметрів реалізації методу структурної ідентифікації ІДММ

Ввівши усі необхідні дані та натиснувши на кнопку «Далі», запустивши при цьому функцію “Структурна ідентифікація моделі”, програма здійснює процес етапу структурної ідентифікації ІДММ. Через деякий проміжок часу, як тільки буде знайдено результат, який задовольняє умови (2.3), користувачу завантажиться вікно з вказаною структурою та із знайденими її параметрами (рисунок 2.7).

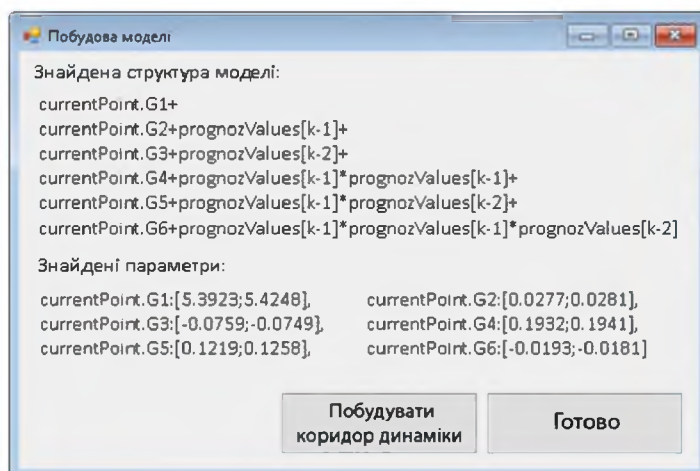


Рисунок 2.7 – Елемент програмного інтерфейсу програми з результатами моделювання

Програма також надає можливість побудувати коридор динаміки відсотку МСО рНК кислотоутворюючих бактерій. Користувачу потрібно натиснути на кнопку «Побудувати коридор динаміки» і програма завантажить вікно, де буде зображено коридор динаміки відсотку МСО рНК кислотоутворюючих бактерій (рисунок 2.8). В іншому випадку можна закрити програму натиснувши кнопку «Готово».

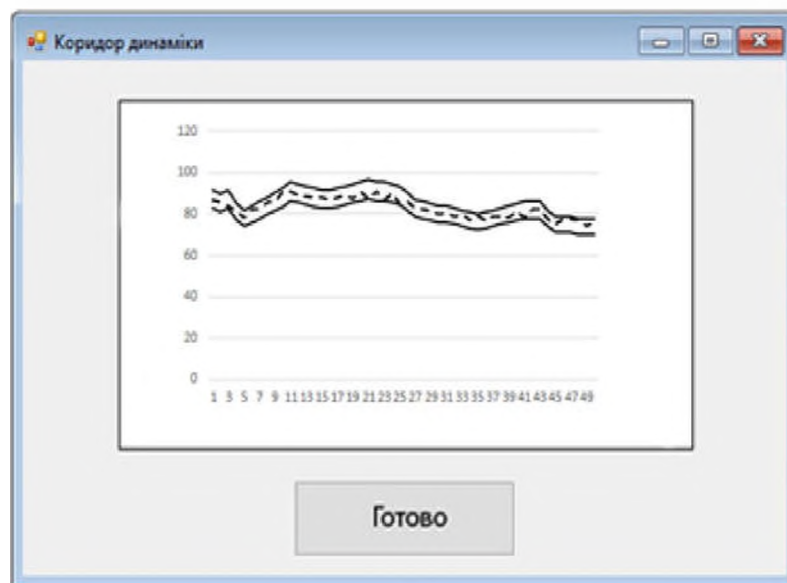


Рисунок 2.8 – Елемент програмного інтерфейсу коридору динаміки відсотку МСО рНК кислотоутворюючих бактерій

Повернемося до рисунку 2.4, де користувач вибирає функцію «Прогнозування». Тоді ж програма завантажить вікно прогнозування по вибраній стадії біопроцесу ферментації (в даному випадку – ацетогенезу), де обравши модель для прогнозування на цій стадії та ввівши початкові дані, користувач може розпочати прогнозування натиснувши кнопку «Розпочати прогнозування» (рисунок 2.9).

Тоді програма побудує коридор прогнозованих інтервальних значень відсотку МСО рНК кислотоутворюючих бактерій (рисунок 2.10).

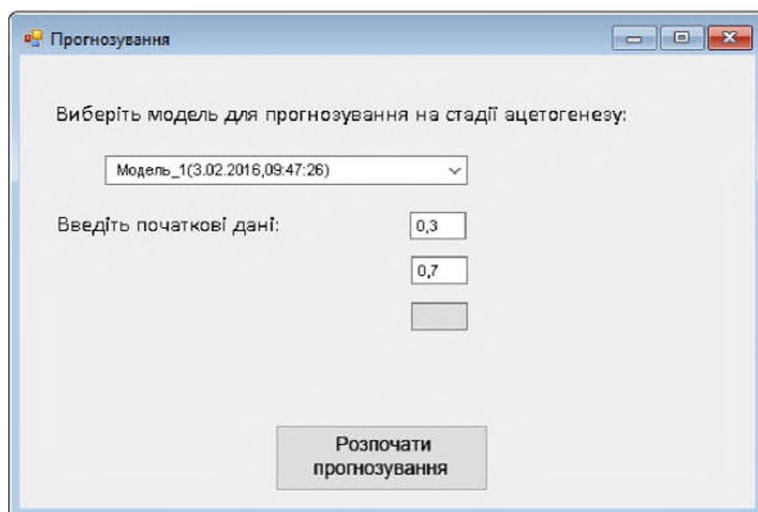


Рисунок 2.9 – Елемент програмного інтерфейсу для прогнозування по вибраній стадії процесу бродіння

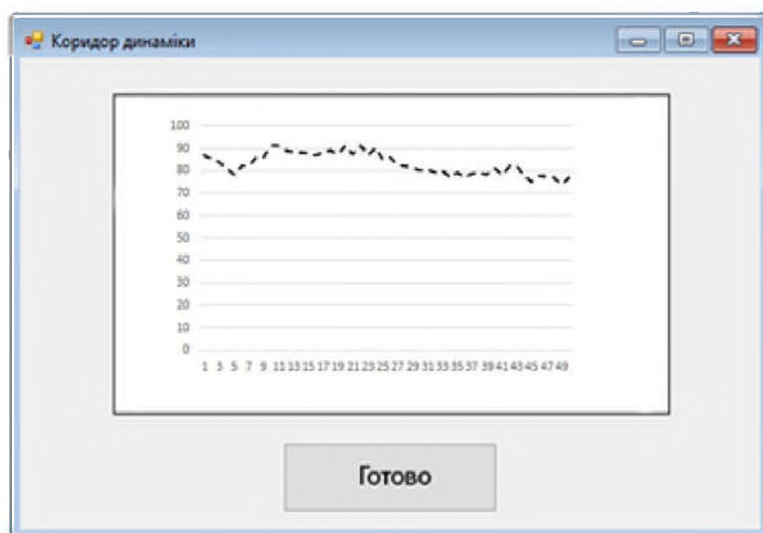


Рисунок 2.10 – Коридор прогнозованих інтервальних значень відсотку МСО рРНК кислоутворюючих бактерій

Створений програмний комплекс призначений для автоматизації побудови математичної моделі на будь-якій стадії біопроесу ферментації, а також для прогнозування ІДММ по вибраній стадії процесу у біогазових установках.

### 3 РОЗРОБКА ІНТЕРВАЛЬНИХ ДИСКРЕТНИХ МАТЕМАТИЧНИХ МОДЕЛЕЙ БІОПРОЦЕСІВ ФЕРМЕНТАЦІЇ ІЗ ЗАСТОСУВАННЯМ МЕТОДУ СТРУКТУРНОЇ ІДЕНТИФІКАЦІЇ

#### 3.1 Особливості задач математичного моделювання в умовах структурної невизначеності

Одним із найрезультативніших наукових та інженерних методів є метод математичного моделювання [45]. А найважливішим інструментом математичного моделювання є математична модель об'єкта чи процесу. Застосування математичних моделей дає можливість забезпечити отримання інформації про характеристики та властивості реального об'єкта чи процесу без проведення складних і високовартісних експериментів [46].

Для ефективного управління процесами у біогазових установках необхідно створити математичні моделі, які б описували стадії ацетогенезу, ацидогенезу та метаногенезу. Існуючі моделі біопроецесу ферментації, описано в працях J Monod, H. Moser, Y. Chen, A.G. Hashimoto, F. Bergter, R. Mitsdörffer, ґрунтуються на біохімічних перетвореннях та є детермінованими. Водночас, біопроецесу ферментації є не детермінованими. Як вже зазначалось у першому розділі одним із альтернативних підходів до моделювання біопроецесів ферментації, є використання математичних моделей у вигляді ДММ, побудованих на основі спостережень за вхідними змінними та характеристиками процесів. Такі математичні моделі описано у багатьох працях, а саме: Matt E. Griffin, Lutgarde Raskin, Н.Б. Голуб, О.А. Козловець. Вони ураховують стохастичність процесів бродіння. Однак існуючі математичні моделі не враховують можливості зміни проходження процесу на будь-якій його стадії, а також технологічних відхилень змінних біопроецесу ферментації, через неоднорідність та різну структуру біосировини, температуру чи кислотність середовища. Розкид технологічних параметрів процесу та похибки, наприклад вимірювань, у результатах

спостережень призводять до потреби застосування методів інтервального аналізу [47, 48].

Особливістю цих методів є представлення характеристик процесу за результатами експерименту числовими інтервалами з подальшою структурною ідентифікацією математичних моделей цього процесу.

Задачі структурної ідентифікації математичної моделі розв'язують методами індуктивного моделювання, які ґрунтуються на аналогіях із поведінковими моделями бджолоїної колонії [36, 32].

Результати експериментальних даних, отриманих за допомогою кількісного та якісного аналізу біопроесу ферментації, відзначаються похибкою вимірювальних пристроїв. Тому на основі цих даних, в процесі ідентифікації моделі доцільно використовувати методи інтервального аналізу.

У цьому випадку ДММ є дискретними аналогами диференціальних рівнянь у частинних похідних. На основі даних спостережень, отриманих у процесі експерименту в умовах невизначеності синтезують загальний вигляд ДММ [49-52]. В результаті застосування індуктивних методів знижуються часові затрати на синтез математичних моделей та їх спрощення через автоматизацію процесу синтезу.

Розглянемо математичне формування задачі структурної ідентифікації математичної моделі для автономної системи у вигляді дискретної математичної моделі:

$$v_k = \vec{f}^T(v_0, \dots, v_{k-1}) \cdot \vec{g}, \quad k = p, \dots, K, \quad (3.1)$$

де  $\vec{f}^T(\bullet)$  – вектор невідомих базисних функцій (відомого класу), що визначає структуру ДММ; символ  $(\bullet)$  означає набір аргументів базисних функцій в рівнянні (3.1);  $v_k$  – модельована характеристика на часовій

дискреті  $k = p, \dots, K$ ;  $\vec{g} = (g_1, \dots, g_i)^T$  – вектор невідомих параметрів дискретної моделі.

ДММ для кожного із етапів біопроектів анаеробної ферментації отримуватимемо у вигляді (3.1) на основі аналізу експериментальних даних, які представлено в інтервальному вигляді у зв'язку з похибками вимірювання. Вектор оцінок параметрів  $\hat{g}$  та вектор базисних функцій  $\vec{f}^T(\bullet)$  у виразі (3.1) отримуватимемо у такий спосіб, щоб забезпечити виконання умов:

$$[\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+] \subseteq [v_k^-; v_k^+], \forall k = 1 \dots N, \quad (3.2)$$

де  $[v_k^-; v_k^+]$  - інтервал можливих значень модельованої характеристики на часовій дискреті  $k = p, \dots, K$ ,  $[\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+]$  – інтервальні оцінки прогнозованої характеристики, які отримуватимемо на основі інтервальної дискретної моделі (ІДММ) у такому загальному вигляді:

$$[\hat{v}_k] = [\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+] = \vec{f}^T([\hat{v}_0^-; \hat{v}_0^+], \dots, [\hat{v}_{k-1}^-; \hat{v}_{k-1}^+]) \cdot \hat{g}. \quad (3.3)$$

Враховавши умови (3.2) та вираз для дискретної математичної моделі автономної системи у загальному випадку (3.1), запишемо інтервальні оцінки прогнозованої характеристики  $[\hat{v}_k]$  у ІСНАР [53]:

$$\begin{cases} [\hat{v}_0^-; \hat{v}_0^+] \subseteq [v_0^-; v_0^+], [\hat{v}_1^-; \hat{v}_1^+] \subseteq [v_1^-; v_1^+], \dots, [\hat{v}_p^-; \hat{v}_p^+] \subseteq [v_p^-; v_p^+], \\ [\hat{v}_k] = [\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+] = \vec{f}^T([\hat{v}_0^-; \hat{v}_0^+], \dots, [\hat{v}_{k-1}^-; \hat{v}_{k-1}^+]) \cdot \hat{g}, \\ v_k^- \leq \vec{f}^T([\hat{v}_0^-; \hat{v}_0^+], \dots, [\hat{v}_{k-1}^-; \hat{v}_{k-1}^+]) \cdot \hat{g}(\vec{u}) \leq v_k^+, k = p, \dots, K. \end{cases} \quad (3.4)$$

де  $[\widehat{v}_0^-; \widehat{v}_0^+]$ ,  $[\widehat{v}_p^-; \widehat{v}_p^+]$  – інтервальні оцінки модельованої характеристики на часовій дискреті  $k=0$  та  $k=p$  відповідно.

Задача ідентифікації параметрів ІДММ для математичних моделей на різних стадіях біопроецесу анаеробної ферментації, зокрема на стадіях ацидогенезу та метаногенезу є задачею розв'язування ІСНАР (3.4). Проте в загальному випадку базисні функції  $\bar{f}^T(\bullet)$  є невідомими, що призводить до задачі структурної ідентифікації ІДММ. Алгоритм розв'язування цієї задачі полягає у послідовному формуванні множини структур ІДММ та отримання «нових» ІДММ, шляхом модифікації попередньо отриманих. Цей процес відбувається доти, поки не буде сформовано таку структуру ІДММ, яка забезпечує побудову сумісної ІСНАР у вигляді (3.4) [54].

Таким чином, отриманий розв'язок сумісної ІСНАР (3.4) дає можливість побудови ІДММ у вигляді (3.3).

Для розв'язання задачі структурної ідентифікації ІДММ, у праці [55] запропоновано метод, який побудовано на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії.

Поведінкові моделі бджолоїної колонії відтворюють природну поведінку колонії медоносних бджіл у процесі пошуку їжі [56]. Вищезгаданий метод структурної ідентифікації ІДММ побудовано на аналогіях із поняттями та процедурами цієї поведінкової моделі і зорієнтовано на знаходження хоча б одного розв'язку ІСНАР (3.4).

Нехай  $\lambda_s$  поточна структура інтервальної дискретної математичної моделі [57]:

$$\lambda_s = \{f_1^s(\bullet) \cdot g_1^s; f_2^s(\bullet) \cdot g_2^s; \dots; f_{m_s}^s(\bullet) \cdot g_{m_s}^s\} \subset \Lambda, \quad (3.5)$$

де  $\bar{f}^s = \{f_1^s(\bullet); f_2^s(\bullet); \dots; f_{m_s}^s(\bullet)\} \subset F$  набір структурних елементів, що задає поточну  $s$ -ту структуру ІДММ;  $m_s \in [I_{\min}; I_{\max}]$  – кількість елементів у поточній структурі  $\lambda_s$ ;  $F$  – множина усіх структурних елементів,



$F = \{f_1(\bar{v}_{k-1}); \dots; f_l(\bar{v}_{k-1}); \dots; f_L(\bar{v}_{k-1})\}$ , де  $|F| = L$  (потужність множини  $F$ );  
 $\bar{g}^s = \{g_1^s; g_2^s; \dots; g_{m_s}^s\}$  – вектор невідомих значень параметрів.

Тоді задача структурної ідентифікації полягає у пошуку структури  $\lambda_0$  ІДММ у вигляді (3.5) у такий спосіб щоб забезпечити виконання умов (3.2), тобто забезпечувати належність інтервальних оцінок прогнозованого значення модельованої характеристики до інтервалів допустимих значень на множині усіх дискрет.

Опираючись на результати праці [58], задачу структурної ідентифікації ІДММ формально зобразимо цільова функція у вигляді задачі знаходження мінімуму цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ .

$$\delta(\lambda_s) \xrightarrow{\bar{g}^s, \bar{f}^s(\bullet)} \min, m_s \in [I_{\min}; I_{\max}], \bar{f}^s(\bullet) \in F. \quad (3.6)$$

Значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$  для конкретної структури ІДММ кількісно визначає наближеність поточної структури до задовільної в сенсі умов (3.2) [57]. У випадку, якщо значення цільової функції обчислене для конкретної структури ІДММ дорівнює нулю, то структура ІДММ дає можливість побудувати адекватну модель для конкретної стадії біопроесу анаеробної ферментації.

Отже, якість поточної структури ІДММ оцінюватимемо за значенням цільової функції  $\delta(\lambda_s)$ , яке кількісно визначає наближеність поточної структури до задовільної в сенсі забезпечення умов (3.3). Значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$  обчислюватимемо за допомогою виразів, отриманих у праці [53], вигляд яких для фіксованої структури такий:

$$\delta(\lambda_s) = \max_{k=1, \dots, K} \left\{ \text{mid}(\bar{f}^{Ts}([\bar{v}_0], \dots, [\bar{v}_{k-1}]) \cdot \bar{g}^s), -\text{mid}([v_k]) \right\}, \quad (3.7)$$

якщо  $[\bar{v}_k] \cap [v_k] = \emptyset, \exists k = 1, \dots, K;$

$$\delta(\lambda_s) = \max_{k=1, \dots, K} \{ | \text{wid}(\vec{f}^{Ts}([\hat{v}_0], \dots, [\hat{v}_{k-1}]) \cdot \hat{g}^s) - \text{wid}((\vec{f}^{Ts}([\hat{v}_0], \dots, [\hat{v}_{k-1}]) \cdot \hat{g}^s) \cap [v_k]) | \}, \quad (3.8)$$

якщо  $[\hat{v}_k] \cap [v_k] = \emptyset, \forall k = 1, \dots, K$ ;

де  $\text{mid}(\bullet), \text{wid}(\bullet)$ - операції визначення центру та ширини інтервалів, відповідно.

Вираз (3.7) описує «наближеність» поточної структури до задовільної на початкових ітераціях, тим часом як вираз (3.8) у випадку  $\delta(\lambda_s)=0$  забезпечує виконання умови (3.3).

Із виразів (3.7) та (3.8) бачимо, що для обчисленого значення цільової функції  $\delta(\lambda_s)$  для фіксованої структури  $\lambda_s$  ІДММ за будь-яких умов справедливою буде нерівність  $\delta(\lambda_s) \geq 0$ . Таким чином, можна стверджувати, що цільова функція  $\delta(\lambda_s)$  має глобальний екстремум лише у тих точках, для яких виконується наступна рівність:  $\delta(\lambda_s) = 0$ .

Чим менше значення  $\delta(\lambda_s)$ , тим «краща» поточна структура ІДММ. Якщо  $\delta(\lambda_s) = 0$ , то поточна структура ІДММ дає можливість побудувати адекватну модель, для якої інтервальні оцінки прогнозованої характеристики належать до інтервалів можливих значень модельованої характеристики.

### 3.2 Математичні моделі біопроцесів ферментації органічних продуктів у біогазових установках

Розглянемо процес виробництва біогазу на двох етапах (ацидогенез та метаногенез) ферментації. Як уже зазначалось основним вихідним продуктом на етапі ацидогенезу є ацетат, з якого за участю кислотоутворюючих бактерій відбувається подальше розкладання з утворенням органічних кислот

і їх солей, а також спиртів та альдегідів [59]. Ці кислоти окислюються і утворюється оцтова кислота, яка взаємодіє з метаноутворюючими бактеріями на етапі метаногенезу та перетворює органічні речовини в метан і воду [60].

У прикладі, наведеному у праці [61], розглянуто біопроцеси анаеробної ферментації органічних продуктів. Усі експериментальні дані отримано авторами за умови використання 5-літрового реактора з періодичним завантаженням із початковим об'ємом субстрату 3 дм<sup>3</sup>.

Посівний матеріал для варильного котла сформували з 500 мл суміші анаеробного мулу (75%) та гною великої рогатої худоби (25%). В реактор, разом з посівним матеріалом, також було додано відходи продуктів харчування, подрібнена макулатура, 150 мл дистильованої води,  $\text{NaHCO}_3$ , масою 3 г і  $\text{NaOH}$ , в об'ємі 2 мл для контролю і підвищення рН середовища до 7.2, так як при завантаженні субстрату рівень рН був не достатній для біопроцесу анаеробної ферментації. У кінцевому результаті, робочий об'єм субстрату склав 3 л.

Процес бродіння досліджувався від початку завантаження органічних відходів протягом 50 діб при температурі  $T_0=[35;37]^{\circ}\text{C}$ .

Мірою для визначення відносних концентрацій трьох доменів (Bacteria, Archaea і Eucarya) було обрано малу субодиницю (МСО) рибосомної РНК (рРНК) (вид РНК, який є центральним компонентом рибосоми, комплексу, що збирає білки у клітині) цільових олігонуклеотидних зондів. Сума відносних кількостей Bacteria, Archaea і Eucarya (представлені у вигляді відсотка від загального МСО рРНК) повинна дорівнювати 100%, так як всі відомі організми містяться в межах цих трьох областей. Bacteria становили більшість мікроорганізмів в реакторах, Archaea присутні в менших кількостях (менше 10% в більшості випадків), і Eucarya присутні на дуже низькому рівні [62].

На етапі метаногенезу в процесі задіяні метаноутворюючі бактерії, які входять до типів Archaea і Eucarya.

Відсоток МСО рРНК метаноутворюючих бактерій  $[v_k^-, v_k^+]$  вираховувався щодня. Результати експериментальних даних вимірювання відзначаються точністю в межах 5% відносної похибки. Тому в процесі ідентифікації моделі необхідним є виконання умови, щоб інтервальні оцінки прогнозованого значення відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій ацетату були в межах цієї похибки.

Принцип вимірювання концентрації ацетату в субстраті має таку властивість, що для малих значень концентрацій похибка вимірювання є великою, а для великих концентрацій – малою. Тому для представлення таких експериментальних даних вибрана максимальна абсолютна похибка на всьому діапазоні, яка складає  $\pm 0,25$  мг/л.

Результати вимірювань концентрації ацетату та відсоток МСО рРНК метаноутворюючих бактерій наведено у таблиці 3.1.

Таблиця 3.1 – Експериментальні дані динаміки концентрації ацетату та відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій протягом 30 діб в інтервальному вигляді

$k$	діб	$v_k^-$ , $\frac{\text{мг}}{\text{л}}$	$v_k^+$ , $\frac{\text{мг}}{\text{л}}$	$v_k^-$ , % МСО рРНК	$v_k^+$ , % МСО рРНК
1	2	3	4	5	6
0	1	0,05	0,55	9,5	10,5
1	2	0,375	0,875	9	9,95
2	3	0,7	1,2	8,55	9,45
3	4	1	1,5	8,7	9,6
4	5	1,3	1,8	7,44	8,56
5	6	1,725	2,225	7,67	8,91
6	7	2,15	2,65	7,89	9,23
7	8	2,5	3	8,37	9,7
8	9	2,85	3,35	8,835	10,165
9	10	3,25	3,75	8,37	9,7
10	11	3,65	4,15	7,89	9,23
11	12	3,95	4,45	7,11	8,29
12	13	4,25	4,75	6,324	7,346
13	14	4,5	5	5,62	6,48

Продовження таблиці 3.1

1	2	3	4	5	6
14	15	4,75	5,25	4,8825	5,6175
15	16	4,15	4,65	5	5,75
16	17	3,55	4,05	5,115	5,885
17	18	2,95	3,45	5,45	6,28
18	19	2,35	2,85	5,8125	6,68
19	20	1,8	2,3	6,39	7,35
20	21	1,25	1,75	6,975	8,025
21	22	0,7	1,2	7,47	8,53
22	23	0,25	0,58	7,975	9,025
23	24	0,2	0,53	7,92	8,86
24	25	0,19	0,48	7,875	8,925
25	26	0,14	0,47	7,42	8,63
26	27	0,13	0,46	7,068	8,284
27	28	0,12	0,45	6,51	7,54
28	29	0,11	0,44	5,9125	6,98
29	30	0,12	0,41	5,63	6,76
30	31	0,09	0,38	5,4525	6,5475

Тепер перейдемо до практичної реалізації задачі структурної ідентифікації математичної моделі відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій у біогазових установках.

Для розв'язання задачі структурної ідентифікації ІДММ скористаємося відомим методом структурної ідентифікації, що базується на поведінкових моделях бджолиної колонії, згаданим вище [55].

Спершу спираючись на відомі особливості процесу метаногенезу згенеруємо набір структурних елементів. Результати цієї процедури наведено в таблиці 3.2.

Як показано в таблиці 3.2, для побудови ІДММ процесу формування метаноутворюючих бактерій необхідно задати початкові умови у вигляді вимірних значення відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій у початкових дискретах:  $[\widehat{v}_k^-; \widehat{v}_k^+] = [v_{k=0} - v_{k=0} \cdot 0,01; v_{k=0} + v_{k=0} \cdot 0,01]$ ,  $\{k=0, \dots, 15\}$ .

Таблиця 3.2 – Множина структурних елементів  $F$  моделей процесу формування метаноутворюючих бактерій на стадії метаногенезу

№пп	Структурний елемент	№пп	Структурний елемент
1	$v_{k-1}$	167	$v_{k-1} \cdot v_{k-3} \cdot v_{k-5}$
2	$v_{k-2}$	...	...
...	...	177	$v_{k-1} \cdot v_{k-3} \cdot v_{k-16}$
16	$v_{k-16}$	...	...
17	$v_{k-1} \cdot v_{k-1}$	236	$v_{k-2} \cdot v_{k-3} \cdot v_{k-4}$
18	$v_{k-1} \cdot v_{k-2}$	...	...
...	...	367	$v_{k-9} \cdot v_{k-12} \cdot v_{15}$
32	$v_{k-1} \cdot v_{k-16}$	...	...
33	$v_{k-2} \cdot v_{k-2}$	560	$v_{k-14} \cdot v_{k-15} \cdot v_{k-16}$
34	$v_{k-2} \cdot v_{k-3}$	561	$v_{k-1} / v_{k-2}$
...	...	562	$v_{k-1} / v_{k-3}$
47	$v_{k-2} \cdot v_{k-16}$	...	...
...	...	575	$v_{k-1} / v_{k-16}$
152	$v_{k-16} \cdot v_{k-16}$	...	...
153	$v_{k-1} \cdot v_{k-2} \cdot v_{k-3}$	802	$v_{k-16} / v_{k-1}$
154	$v_{k-1} \cdot v_{k-2} \cdot v_{k-4}$	803	$v_{k-16} / v_{k-2}$
...	...	...	...
166	$v_{k-1} \cdot v_{k-3} \cdot v_{k-4}$	816	$v_{k-16} / v_{k-15}$

Для синтезу структури ІДММ за допомогою методу структурної ідентифікації згенеровано множину структурних елементів  $F$  з потужністю  $L=816$ . Множина структурних елементів містить поліноміальні функції не вищі третього степеня.

Для реалізації методу структурної ідентифікації задаємо такі параметри алгоритму:  $MCN=100$  (максимальне кількість ітерацій алгоритму);  $LIMIT=5$  (максимальну можливу кількість ітерацій «незмінності» структури, тобто якщо структура ІДММ не покращувалася в процесі її перетворення  $LIMIT$  разів, то вона вважається «вичерпаною»);  $S=20$  (початкову кількість структур

ІДМ),  $[I_{\min}; I_{\max}] = [4; 7]$  (інтервал, межі якого задають відповідно мінімальне  $I_{\min}$  та максимальне  $I_{\max}$  значення потенційної кількості структурних елементів у структурі ІДММ  $\lambda_s$ ) та множину структурних елементів  $F$ .

Далі формуємо початкову множину структур ІДММ  $\Lambda_0$  (потужністю  $S=20$ ).

Спираючись на поведінкову модель бджолоїної колонії, з набору структурних елементів послідовно формуємо «нові» структури ІДММ. Для їх оцінки кожен раз мінімізуємо функцію мети задачі параметричної ідентифікації для поточної структури моделі.

Таблиця 3.3 – Початкова множина структур ІДММ процесу формування метаноутворюючих бактерій на стадії метаногенезу

№	Порядкові номери структурних елементів із множини $F$ , що задають структури $\lambda_s$ , $s = 1 \dots S$ .	Значення цільової функція $\delta(\lambda_s)$
1	111, 187, 216, 400	13,654
2	4, 56, 309, 522, 679	8,006
3	54, 405, 516, 527, 714, 802	11,543
4	119, 214, 298, 468, 588, 635, 698	13,883
5	77, 504, 616, 634	12,46
6	1, 5, 211, 611	4,675
7	67, 88, 315, 442, 721	9,34
8	223, 344, 614, 645, 811	12,831
9	14, 45, 568, 697, 719, 803	8,192
10	9, 14, 98, 318, 488, 586, 708	10,047
11	25, 105, 216, 339, 561, 734	11,6
12	59, 146, 287, 538, 588, 735, 804	7,896
13	377, 568, 590, 734	9,533
14	412, 458, 600, 722, 779	11,315
15	34, 67, 98, 125, 488, 735, 779	10,678
16	7, 12, 105, 737	12,005
17	4, 12, 567, 600, 624, 755	13,972
18	9, 111, 149, 346, 590, 815	6,817
19	611, 623, 744, 787, 794, 810	9,211
20	4, 604, 616, 812	8,995

Ураховуючи заданий початковий набір структурних елементів, на кожній ітерації з використанням операторів алгоритму бджолоїної колонії отримуємо послідовність структур, які в кінцевому випадку забезпечують виконання умов гарантованої точності ІДММ для усіх дискретних значень.

У результаті проведення етапу структурної ідентифікації, після 28 ітерацій модифікацій ІСНАР, отримали ІДММ, яка дозволяє оцінити та спрогнозувати відсоток МСО рРНК метаноутворюючих бактерій у біогазових установках:

$$\begin{aligned}
 [\hat{v}_k^-, \hat{v}_k^+] = & 0.853 + 0.00291 \cdot [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+] \cdot [\hat{v}_{k-9}^-, \hat{v}_{k-9}^+] \cdot [\hat{v}_{k-16}^-, \hat{v}_{k-16}^+] - \\
 & - 0.10097 \cdot [\hat{v}_{k-8}^-, \hat{v}_{k-8}^+] / [\hat{v}_{k-2}^-, \hat{v}_{k-2}^+] + 0.8617 \cdot [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+] - \\
 & - 0.1278 \cdot [\hat{v}_{k-5}^-, \hat{v}_{k-5}^+] - 0.03421 \cdot [\hat{v}_{k-2}^-, \hat{v}_{k-2}^+] / [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+], k=16 \dots 49.
 \end{aligned}
 \tag{3.9}$$

Результати прогнозування в порівнянні з експериментальними даними відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій у біогазових установках на стадії метаногенезу наведено на рисунку 3.1.

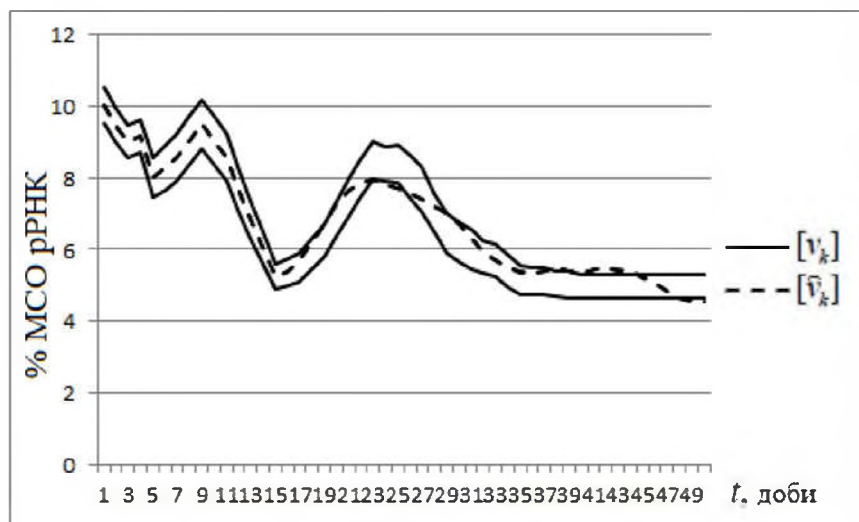


Рисунок 3.1 – Коридор динаміки відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій у біогазових установках



Структура інтервальної дискретної математичної моделі і параметри, як бачимо, адекватно відображають процес метаногенезу. Тобто, коридор динаміки концентрації ацетату органічних продуктів знаходиться в межах коридору експериментальних даних.

Далі перейдемо до практичної реалізації задачі структурної ідентифікації макромоделі динаміки концентрації ацетату органічних продуктів на стадії ацидогенезу.

Спочатку спираючись на відомі особливості процесу ацидогенезу згенеруємо набір структурних елементів. Результати цієї процедури наведено в таблиці 3.4.

Таблиця 3.4 – Множина структурних елементів  $F$  моделей динаміки концентрації ацетату органічних продуктів на стадії ацидогенезу

№пп	Структурний елемент	№пп	Структурний елемент
1	$v_{k-1}$	99	$v_{k-1} \cdot v_{k-3} \cdot v_{k-5}$
2	$v_{k-2}$	...	...
...	...	126	$v_{k-1} \cdot v_{k-3} \cdot v_{k-9}$
9	$v_{k-9}$	...	...
10	$v_{k-1} \cdot v_{k-1}$	137	$v_{k-2} \cdot v_{k-3} \cdot v_{k-4}$
11	$v_{k-1} \cdot v_{k-2}$	...	...
...	...	154	$v_{k-4} \cdot v_{k-5} \cdot v_{k-9}$
18	$v_{k-1} \cdot v_{k-9}$	...	...
19	$v_{k-2} \cdot v_{k-2}$	174	$v_{k-7} \cdot v_{k-8} \cdot v_{k-9}$
20	$v_{k-2} \cdot v_{k-3}$	175	$v_{k-1}^3$
...	...	...	...
27	$v_{k-2} \cdot v_{k-9}$	184	$v_{k-1}^4$
...	...	...	...
90	$v_{k-9} \cdot v_{k-9}$	193	$v_{k-1} \cdot v_{k-1} \cdot v_{k-1} \cdot v_{k-2}$
91	$v_{k-1} \cdot v_{k-2} \cdot v_{k-3}$	...	...
93	$v_{k-1} \cdot v_{k-2} \cdot v_{k-4}$	201	$v_{k-1} \cdot v_{k-1} \cdot v_{k-2} \cdot v_{k-3}$
...	...	...	...
98	$v_{k-1} \cdot v_{k-3} \cdot v_{k-4}$	390	$v_{k-9} \cdot v_{k-9} \cdot v_{k-9} \cdot v_{k-8}$

Для побудови ІДММ процесу формування концентрацій ацетату необхідно задати початкові умови у вигляді вимірних значень концентрацій ацетату у початкових дискретах:  $[\hat{v}_k^-, \hat{v}_k^+] = [v_{k=0} - v_{k=0} \cdot 0,0; v_{k=0} + v_{k=0} \cdot 0,0]$ ,  $\{k=0, \dots, 9\}$ .

Для синтезу структури ІДММ за допомогою методу структурної ідентифікації згенеровано множину структурних елементів  $F$  з потужністю  $L=390$ . Множина структурних елементів містить поліноміальні функції не вищі четвертого степеня.

Для реалізації методу структурної ідентифікації задаємо такі параметри алгоритму:  $MCN=100$ ;  $LIMIT=5$ ;  $S=15$ ,  $[I_{\min}; I_{\max}] = [4; 7]$  та множину структурних елементів  $F$  (див. таблиця 3.4).

Далі формуємо початкову множину структур ІДММ  $\Lambda_0, S=15$ .

Ураховуючи заданий початковий набір структурних елементів, на кожній ітерації з використанням операторів поведінкової моделі бджолої колонії отримуємо послідовність структур, які в кінцевому випадку забезпечують виконання умов гарантованої точності ІДММ для усіх дискретних значень.

У результаті проведення етапу структурної ідентифікації, у результаті проведення 22 ітерацій модифікацій ІСНАР отримали ІДММ, яка дозволяє оцінити та спрогнозувати динаміку концентрації ацетату органічних продуктів на стадії ацидогенезу:

$$[\hat{v}_k^-, \hat{v}_k^+] = 0.0642 + 0.76 \cdot [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+] + 0.17886 \cdot [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+] \cdot [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+] - 0.092916 \cdot [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+] \cdot [\hat{v}_{k-9}^-, \hat{v}_{k-9}^+] - 0.00176 \cdot [\hat{v}_{k-9}^-, \hat{v}_{k-9}^+] \cdot [\hat{v}_{k-5}^-, \hat{v}_{k-5}^+] - (3.10) - 0.00689 \cdot [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+] \cdot [\hat{v}_{k-1}^-, \hat{v}_{k-1}^+] \cdot [\hat{v}_{k-3}^-, \hat{v}_{k-3}^+] \cdot [\hat{v}_{k-5}^-, \hat{v}_{k-5}^+], k=9 \dots 49.$$

Таблиця 3.5 – Початкова множина структур ІДММ динаміки концентрації ацетату ТПОВ на стадії ацидогенезу

№	Порядкові номери структурних елементів із множини $F$ , що задають структури $\lambda_s$ , $s = 1 \dots S$ .	Значення цільової функція $\delta(\lambda_s)$
1	4, 56, 86, 215, 286	9,43
2	12, 156, 209, 329	6,566
3	22, 27, 106, 127, 294	2,314
4	113, 200, 233, 256, 312	7,003
5	7, 46, 79, 104, 216, 334, 351	2,906
6	9, 15, 211, 300	5,715
7	98, 108, 205, 222, 321	6,304
8	3, 87, 156, 198	8,381
9	34, 49, 99, 107, 303	8,507
10	9, 15, 38, 388	7,406
11	24, 109, 116, 334, 380	4,632
12	5, 67, 90, 238, 288	3,96
13	77, 168, 170, 234	2,133
14	32, 48, 100, 222, 379	6,54
15	29, 77, 139, 211, 255, 258, 361	5,314

Результати прогнозування в порівнянні з експериментальними даними концентрації ацетату у біогазових установках на стадії ацидогенезу наведено на рисунку 3.2.

Як бачимо, коридор динаміки вимірної концентрації у біогазових установках на стадії ацидогенезу включає інтервал прогнозованих значень концентрації, що підтверджує адекватність моделі.

У даній роботі не наведено модель на стадії ацетогенезу, оскільки вона є достатньо простою і не передбачає використання важливих чинників, які би впливали на хід процесу виробництва біогазу.

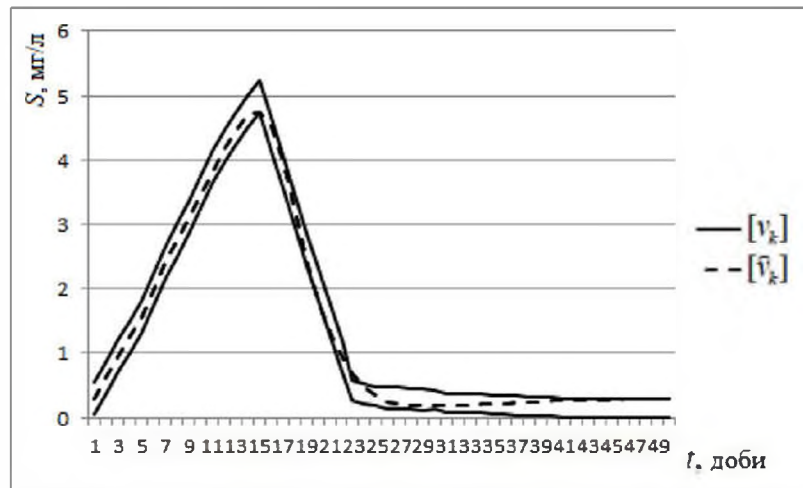


Рисунок 3.2 – Коридор динаміки концентрації ацетату у біогазових установках на стадії ацидогенезу

Отримані моделі дають можливість спрогнозувати коридор динаміки концентрації ацетату органічних продуктів на стадії ацидогенезу та відсоток МСО рРНК метаноутворюючих бактерій на стадії метаногенезу.

Розроблені математичні моделі біопроцесу ферментації на стадіях ацидогенезу та метаногенезу розроблено вперше і можуть бути використані для моделювання процесів у біогазових установках при відповідному налаштуванні їх параметрів. А саме, визначення об'єму біогазових установок, режимів біопроцесу ферментації і вибору початкових умов.

### 3.3 Порівняльний аналіз ефективності методів структурної ідентифікації з модифікованими операторами

Розглянувши математичне формування задачі структурної ідентифікації математичної моделі біопроцесу ферментації, значення цільової функція  $\delta(\lambda_s)$  для конкретної структури ІДММ  $\delta(\lambda_s)$  кількісно визначає наближеність поточної структури до задовільної в сенсі умов (2.3). У випадку, якщо значення цільової функція, обчисленої для конкретної

структури ІДММ, дорівнює нулю, то це означає, що така структура ІДММ уможлиблює побудову адекватної моделі для конкретної стадії ферментації у біогазових установках.

Дослідження ефективності застосування запропонованих виразів (2.15), (2.16) та відомого (2.17) проводилися на прикладі побудови моделі концентрації ацетату на стадії біопроецесу анаеробної ферментації.

У біореактор в якості речовин для отримання біогазу завантажувалися органічні продукти. Процес бродіння досліджувався від початку завантаження органічних продуктів протягом 30 діб при температурі  $T_0=[35;37]^{\circ}\text{C}$ . Концентрація ацетату  $[v_k^-; v_k^+]$  вимірювалась щодня. Відомо, що прилади для вимірювання концентрації відзначаються точністю в межах 5%. Тому в процесі ідентифікації моделі необхідним є виконання умови, щоб інтервальні оцінки прогнозованого значення концентрації ацетату були в межах цієї похибки [43].

Результати вимірювань концентрації ацетату для заданих технологічних чинників взято з таблиці 3.1.

Для синтезу структури ІДММ за допомогою методу структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолиної колонії було згенеровано множину структурних елементів  $F$  з потужністю  $L=9$ . У результаті отримано таблицю 3.3 – упорядковану множину структурних елементів.

Вхідні параметри обчислювальної схеми методу задаємо наступним чином:  $MCN=100$ ,  $Limit=3$ ,  $S=15$ ,  $[I_{\min}; I_{\max}]=[3; 7]$ .

У процесі досліджень було проведено 5 обчислювальних експериментів із однаковими заданими початковими умовами. Зауважимо, що у кожному з них дослідження проводилися паралельно із застосуванням формул (2.15), (2.16) та (2.17).

Зауважимо, що найскладнішою процедурою в методі структурної ідентифікації є процедура обчислення значення цільової функція –  $\delta(\lambda_s)$ .

Саме тому ефективність використання виразів (2.15), (2.16) та (2.17) при розв'язуванні задачі структурної ідентифікації ІДММ оцінюватимемо на основі необхідної кількості обчислень значень показника  $\delta(\lambda_s)$  для знаходження адекватної структури ІДММ.

Порівняння обчислювальної складності реалізації методу структурної ідентифікації, що базуються на поведінкових моделях бджолоїної колонії із застосуванням виразів (2.15), (2.16) та (2.17) при розв'язуванні задачі структурної ідентифікації моделі концентрації ацетату на стадії ацидогенезу біопроеку анаеробної ферментації подано у таблиці 3.6.

Таблиця 3.6 – Порівняння ефективності застосування операторів для обчислення показника  $R_s$

Номер обчислювальн ого експерименту	Кількість обчислень значень цільової функція, при реалізації відомого методу (із використанням лінійної залежності (8))	Кількість обчислень значень цільової функція, при реалізації відомого методу (із використанням квадратичної залежності (9))	Кількість обчислень значень цільової функція, при реалізації відомого методу (із використанням кубічної залежності (10))
1	4 564 016	4 251 322	5 741 124
2	3 897 144	3 703 571	4 008 522
3	4 700 102	4 398 780	4 561 098
4	5 204 320	4 823 119	5 321 632
5	4 112 864	3 826 193	4 678 561

Як видно із таблиці 3.6, найефективніше виявлення ділянок простору розв'язків задачі структурної ідентифікації ІДММ з глобальними мінімумами відбувається при реалізації методу структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії, із використанням квадратичної залежності – кількості згенерованих на основі поточної структури ІДММ

«структур-нашадків» від значення цільової функція  $\delta(\lambda_s)$  (2.15). На тестових прикладах показано зниження обчислювальної складності мінімум на 5% для простих моделей та до 50% – для більш складних.

## ВИСНОВКИ

1. Обґрунтовано особливості застосування відновлюваних джерел енергетики та встановлено, що основним сегментом світового ринку альтернативної енергетики є біогаз.

2. Проведено аналіз процесів ферментації у біогазових установках, в результаті чого доведено, що для управління і контролю процесами бродіння потрібно побудувати математичні моделі на різних стадіях метанової ферментації, а саме на стадіях: ацитогенезу та метаногенезу.

3. Проаналізовано методи та алгоритми структурної ідентифікації дискретної моделі та встановлено недоліки цих методів.

4. Обґрунтовано для розв'язування задачі структурної ідентифікації інтервальних дискретних математичних моделей використання методів, що ґрунтуються на поведінкових моделях бджолиної колонії.

5. Розширено можливості програмного комплексу для ідентифікації інтервальних дискретних математичних моделей біопроцесів та проведено його апробацію для побудови математичних моделей біопроцесів ферментації.

6. Побудовано математичні моделі на стадіях ацидогенезу та метаногенезу біопроцесу ферментації на основі інтервальних дискретних математичних моделей, яка забезпечує гарантовані прогностичні властивості для різних умов анаеробної ферментації.



## СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Гураль І.В., Гураль Д.В., Чечет П.П. Макромодель динаміки процесів у біогазових установках на стадії ацетогенезу \ \ Матеріали VIII Всеукраїнської школи-семінару молодих вчених і студентів «Комп'ютерні науки в інформаційних технологіях» (CSIT'2018). Тернопіль, 2018. С.23-24.
2. Гураль Д.В., Гураль І.В. Алгоритм реалізації методу структурної ідентифікації інтервальних дискретних математичних моделей із застосуванням алгоритму бджолоїної колонії \ \ Матеріали науково-практичної конференції молодих вчених і студентів «Інтелектуальні комп'ютерні системи та мережі» (ІКСМ-2019). Тернопіль, 2019. С. 32.
3. Методичні рекомендації до виконання дипломного проекту з освітньо-кваліфікаційного рівня «Бакалавр» напряму підготовки 6.050102 «Комп'ютерна інженерія» фахового спрямування «Комп'ютерні системи та мережі» / О.М. Березький, Л.О. Дубчак, Р.Б. Трембач, Г.М. Мельник, Ю.М. Батько, С.В. Івасьєв / Під ред. О.М. Березького. Тернопіль: ТНЕУ, 2016. 60 с.
4. Методичні вказівки до оформлення курсових проектів, звітів про проходження практики, випускних кваліфікаційних робіт для студентів спеціальності «Комп'ютерна інженерія» / І.В. Гураль, Л.О. Дубчак / Під ред. О.М. Березького. Тернопіль: ТНЕУ, 2019. 33 с.
5. Григораш О.В., Степура Ю.П., Сулейманов Р.А. Возобновляемые источники электроэнергии. Краснодар: КубГАУ. 2012. 272 с.
6. Григораш О.В., Стрелков Ю.П. Нетрадиционные автономные источники электроэнергии // Промышленная энергетика. 2001. № 4. С.37-40.
7. Григораш О.В., Пугачев Ю.Г., Военцов Д.В. Возобновляемые источники электроэнергии: состояние и перспективы // Механизация и электрификация сельского хозяйства. 2007. № 8. С. 24-25.

8. Биогаз: делаем деньги из отходов производства. URL: <http://ecosmena.com/ekologichnyy-transport/elektromobili-gibridnye-avtomobili/biogaz-delaem-dengi-iz-otkhodov-proizvodstva.html> (дата звернення: 27.05.2019).

9. Руководство по биогазу от получения до использования. Leipzig, «Fachagentur Nachwachsende Rohstoffe e. V. (FNR)». 2010. 215 с.

10. Lebuhn M., Bauer C., Gronauer A. Problem o der Bio-gasproduktion aus nachwachsenden Rohstoffen im Langzeitbetrieb und molekularbiologische Analytlk. VDLUFASchriftenrBihe. 2008. P. 118-125.

11. Demirel B., Neumann L., Scherer P. Microbial community dynamics of a continuous mesophilic anaerobic biogas digester fed with sugar beet silage. Eng. Life Sci. 2006. №4. P. 390-398.

12. Bauer C., Korthals M., Granauer A., Lebuhn M. MeUianogens in biogas production from renewable resources – a novel molecular papulation analysis approach. WalerSci. Tech. 2008. №7. P. 1433-1439.

13. Porplytsya N., Dyvak M., Spivak I., Dyvak T. Features of structure identification of models of distributed parameters objects based on the artificial bee colony algorithm // Modern Problems of Radio Engineering, Telecommunications, and Computer Science (TCSET'2014) : Proc. of the XIIth Intern. Conf. Lviv-Slavske, 2014. P. 419-420.

14. Гроп Д. Методы идентификации систем. М.: Мир, 1979. 302 с.

15. Дивак М.П., Войтюк І.Ф., Манжула В.І. Структурна ідентифікація інтервальних різницевих операторів // Вісник Тернопільського державного технічного університету. Тернопіль, 2010. Т. 15, № 4. С. 154-160.

16. Степашко В.С., Булгакова О.С. Обобщенный итерационный алгоритм метода группового учета аргументов / Управляющие системы и машины. 2013. № 2. С. 5-17.

17. Aiba S., Shoda M., Nagatani M. Kinetics of product inhibition in alcohol fermentation // Biotechnology and Bioengineering, 1968. Vol. 10, No. 6. P. 845- 864.

18. Дивак М. П. Обчислювальні аспекти методів локалізації розв'язків задач параметричного оцінювання в умовах обмежених похибок // Відбір та обробка інформації. 2002. №16 (92) С. 43–47.
19. Ивахненко А.Г., Мюллер Й.А. Самоорганизация прогнозирующих моделей. К.: Техника. 1985; Берлин: ФЭБ Ферлаг Техник. 1984. 223 с.
20. Blum Ch., Aguilera M.J.B., Roli A. Hybrid metaheuristics. An emerging approach to optimization. Berlin: Springer-Verlag, 2008. 289 p.
21. Camazine S., Sneyd J. A model of collective nectar source by honey bees: Selforganization through simple rules // Journal of Theoretical Biology. 1991. № 149. P. 547–571.
22. Chen Y., Hashimoto A.G. Kinetic of Methane Fermentation // Biotechnology and Bioengineering. 1978. Vol. 8. P. 269-282.
23. Alefeld G., Mayer G. Interval analysis: theory and applications // Journal of Computational and Applied Mathematics. 2000. № 121. P. 421-464.
24. Мороз О.Г., Степашко В.С. Огляд гібридних структур МГУА-подібних нейронних мереж та генетичних алгоритмів // Індуктивне моделювання складних систем. 2015. Вип.7. С. 75-93.
25. Дивак М.П., Стахів П.Г. Ідентифікація моделей об'єктів в умовах інтервальної невизначеності на основі методів аналізу інтервальних даних // Пр. міжн. конф. з управління “АВТОМАТИКА – 2000”, Львів 11–15 вересня 2000: В 7–ми томах. Львів: Держ. НДІ інформ. інфраструкт., 2000. Т. 2. С. 90–97.
26. Mitsdörffer R. Charakteristika der zweistufigen thermophilen / Mesophilen schlammfaulung unter berücksichtigung kinetischer ansätze. Berichte aus wassergüte- und abfallwirtschaft, Technische Universität München, 1991. No. 109.
27. Вороновский Г.К., Махотило К.В., Петрашев С.Н., Сергеев С.А. Генетические алгоритмы, искусственные нейронные сети и проблемы виртуальной реальности. Харьков: Основа, 1997. 111 с.

28. Вошинин А.П. Решение задач оптимизации по интервальным оценкам критерия // Заводская лаборатория. 1987. №7. С. 68–71.
29. Порплиця Н.П., Гураль І.В., Дивак М.П. Метод структурної ідентифікації моделей процесу бродіння у біогазових установках із застосуванням алгоритму бджолоїної колонії // Науковий вісник НЛТУ України, 2017, т. 27, № 1 С.215-221.
30. Растрингін Л.А. Адаптація складних систем. Рига: Зинатне, 1981. 359 с.
31. Налимов В. В. Теория эксперимента. М.: Наука, 1971. 207 с.
32. Фриш К. Из жизни пчёл / Халифман И. А. (отв.ред.). Москва: Мир, 1980. 216 с.
33. Rohn J. Input-output model with interval data // *Econometrica*. 1980. Vol. 48. P. 767–769.
34. Коддингтон Э.А., Левинсон Н. Теория обыкновенных дифференциальных уравнений // Пер. с англ., Изд. 2. – 2007. 472 с.
35. Порплиця Н.П. Ідентифікація інтервальних моделей об'єктів з розподіленими параметрами на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії: дис. канд. техн. наук: 01.05.02 / Порплиця Наталія Петрівна. Т., 2016. 159 с.
36. Riley J.R. The flight paths of honeybees recruited by the waggle dance // *NATURE: International weekly journal of science*. 2005. Vol. 435. P. 205-207.
37. Kinghtes C.D., Peters C.A. Statistical analysis of nonlinear parameter estimation for Monod biodegradation kinetics using bivariate data // *Biotechnology and Bioengineering*. 2000. Vol. 69, № 2. P. 160–170.
38. Дивак М.П., Кобернюк В.П., Франко Ю.П., Пітух І.Р., Цимбалій В.П. Проблеми ідентифікації динамічних систем в умовах інтервальної невизначеності // *Вимірювання та обчислювальна техніка в технологічних процесах: Зб. наук. праць*. 2001. Вип. 8. С. 307–310.
39. Дивак М.П. Задачі математичного моделювання статичних систем з інтервальними даними. Тернопіль. Економічна думка, 2011. 216 с.

40. Порплиця Н.П., Дивак Т.М. Особливості програмної реалізації методу структурної ідентифікації інтервальних різницевих операторів на основі алгоритму бджолоїної колонії / Сучасні комп'ютерні інформаційні технології (АСІТ'2015) : Матеріали V Всеукраїнської школи-семінару молодих вчених і студентів. Тернопіль : ТНЕУ, 2015. С. 32-35.
41. Порплиця Н.П., Дивак М.П. Реалізація методу структурної ідентифікації інтервальних різницевих операторів на основі алгоритму поведінки бджолоїної колонії // Вісник Кременчуцького національного університету імені Михайла Остроградського. 2015. Вип. 4(93). С. 34-40.
42. Порплиця Н.П., Дивак М.П. Синтез структури інтервального різницевого оператора з використанням алгоритму бджолоїної колонії // Індуктивне моделювання складних систем. 2013. Вип. 5. С. 256-269.
43. Hadjihassan S., Walter E., Pronzato L. Quality improvement via optimization of tolerance intervals during the design stage // Applications of Interval Computations // Kearfott R. B., Kreinovich V., eds. Dordrecht: Kluwer, 1996. P.91–131.
44. Степашко В.С., Булгакова О.С. Обобщенный итерационный алгоритм метода группового учета аргументов/ Управляющие системы и машины. 2013. № 2. С. 5-17.
45. Опейда Й. Швайка О. Глосарій термінів з хімії // Інститут фізико-органічної хімії та вуглехімії ім. Л. М. Литвиненка НАН України, Донецький національний університет Донецьк: «Вебер», 2008. 758 с.
46. Дивак М.П., Марценюк Є.О., Піговський Ю.Р., Дивак Т.М. Ідентифікація дискретних динамічних моделей процесів з інтервальною невизначеністю у біогазових установках переробки органічного сміття // Наукові праці Донецького національного технічного університету. Серія "Інформатика, кібернетика та обчислювальна техніка. 2010. Вип 11 (164). С.181-188.

47. Бочков А.Ф., Вошинин А.П., Сотиров Г.Р. Интервальный анализ как альтернатива регрессионному анализу // Заводская лаборатория. 1990. №7. С. 76–81.
48. Бочков А.Ф., Милевский М.В. Оценивание параметров модели для объектов с интервальной неопределенностью в выходных параметрах. Москва, 1988. 23 с. Деп. в ВИНТИ, № 926. С. 88.
49. Волосов В.В. Калита А.С., Нижниченко Е.А. Исследование одного вида нестохастических алгоритмов идентификации с помощью прямого метода Ляпунова // Автоматика. 1989. № 3. С. 34 –42.
50. Вошинин А.П., Дывак Н.П. Планирование оптимального насыщенного эксперимента в задачах построения интервальных моделей // Заводская лаборатория. 1993. №1. С. 56–59.
51. Дивак М.П., Дивак Т.М. Особливості побудови інтервальної системи алгебричних рівнянь та методу її розв'язку в задачах ідентифікації лінійного інтервального різницевого оператора // Індуктивне моделювання складних систем: Зб. наук. пр. К.: МННЦ ІТС НАН та МОН України, 2009. Вип. 1. С. 35-43.
52. Льюнг Л. О точности модели в идентификации систем. Известия АН. Техническая кибернетика, №6. М.: Наука, 1992. С. 55–64.
53. Порплиця Н. П. Порівняльний аналіз ефективності генетичного та "бджолиного" алгоритмів у задачі структурної ідентифікації інтервального різницевого оператора // Інформаційні технології та комп'ютерна інженерія. 2015. № 1. С. 55-67.
54. Порплиця Н.П., Дивак М.П. Синтез структури інтервального різницевого оператора з використанням алгоритму бджолиної колонії // Індуктивне моделювання складних систем. 2013. Вип. 5. С. 256-269.
55. Porplytsya N. Dyvak M., Dyvak T. Method of structure identification for interval difference operator based on the principles of honey bee colony functioning // Computational Problems of Electrical Engineering. 2014. Vol. 4, №2. P. 57-68.

56. Karaboga D. Basturk B. A powerful and efficient algorithm for numerical function optimization: artificial bee colony (ABC) algorithm // Journal of Global Optimization. 2007. Vol. 39. P. 459–471.

57. Порплиця Н.П., Дивак М.П. Реалізація методу структурної ідентифікації інтерваль-них різницевих операторів на основі алгоритму поведінки бджолоїної колонії // Вісник Кременчуцького національного університету імені Михайла Остроградського. 2015. Вип. 4(93). С. 34-40.

58. Porplytsya N., Dyvak M. Interval difference operator for the task of identification recurrent laryngeal nerve // Computational Problems of Electrical Engineering: Proceedings of the 16th International Conference (CPEE' 2015). Lviv, 2015. P. 156-158.

59. Hural I., Dyvak M., Stakhiv P. Macromodelling of fermentation process of municipal solid organic waste at biogas plants on the acidogenesis stage // Journal of Applied Computer Science, 2016. P.17-35.

60. Гураль І.В. Макромодельовання стадії метаногенезу зброджування твердих побутових органічних відходів у біогазових установках // Вісник національного технічного університету «ХПІ». Серія «Математичне моделювання в техніці і технологіях» 2016. С.23-30.

61. Гураль І.В., Дивак М.П. Біохімічний аналіз процесів в біогазових установках та його застосування в задачі макромодельовання процесів виробництва біогазу // Міжнародний науково-технічний журнал «Вимірювальна та обчислювальна техніка в технологічних процесах». Хмельницький, 2014. С.152-158.

62. Hural I., Dyvak M., Pigovsky Yu., Spilchuk V. Autonomous Systems Modification of Mono`s Differential Equations to Non-autonomous Systems in the Tasks of Modeling Processes Problems at Biogas Plants // 13-th International Conference “The Experience Of Designing And Application Of CAD Systems in Microelectronics” Polyana Svalyava (Zakarpattya) UKRAINE 24-27 February 2015. P. 93-96.