

Мережа розглядається як упорядкована множина сегментів, кожен з яких закінчується точкою розгалуження чи кінцем мережі. Вона характеризується низкою числових характеристик: довжинами сегментів, кутами між сегментами та різними ступенями приєднання вузлів мережі $P(k)$. Початковою точкою мережі вважається сервер, якому приписується z зв'язків, які визначають напрямки $I_0^{(z)}$ зростання мережі. До складу мережі входять два типи часток – світчі та споживачі. Кожному із n світчів випадковим чином приписується різна кількість k зв'язків, яка визначається кількістю портів світча та змінюється дискретно.

На основі розроблених алгоритмів реалізована програма, результатом роботи якої являється зображення динаміки росту локальної комп'ютерної мережі, виявлені та проаналізовані особливості роботи запропонованого алгоритму. Програма допускає коректування форми, розміру, орієнтування у просторі мережі та дозволяє прогнозувати ріст кількості споживачів мережі, які утворюють простір моделювання.

Список використаних джерел

1. Ю.Головач, О.Олемської, К.фон Фербер, Т.Головач, О.Мриглод, І.Олемської, В.Пальчиков Складні мережі. // Журнал фізичних досліджень. – 2006. – т.10, №4, с. 247-289.
2. Пасічник В.В., Іванушак Н.М. Дослідження та моделювання складних мереж // Східно-Європейський журнал передових технологій. – 2010. – 2/3 (44), с. 43-48.
3. Пасічник В.В., Іванушак Н.М. Структуризація та динамічні властивості складних комп'ютерних мереж. // Східно-Європейський журнал передових технологій. – 2010. – 4/9 (46), с. 16-21.
4. Watts D.J., Strogatz S.H. Collective dynamics of “small-world” networks. // Nature. - 1998. - Vol. 393. pp. 440-442.

УДК 519.24

ПАРАМЕТРИЧНА ІДЕНТИФІКАЦІЯ РЕАЛІЗАЦІЙ ПРОЦЕСУ ФЕРМЕНТАЦІЇ З ЗАДАНОЮ ТОЧНІСТЮ В УМОВАХ ОБМЕЖЕНОЇ СПОСТЕРЕЖУВАНОСТІ

Піговський Ю.Р., Гундерич О.Г.

Тернопільський національний економічний університет

І. Постановка проблеми

Проблема полягає у ідентифікації параметрів моделей різної структури, що з бажаною точністю описують реалізації процесу ферментації. Проблема ускладнюється неспостережуваністю концентрації мікроорганізмів та продукту, що виступають змінними стану в моделі. Отримані оцінки параметрів можна використати початковим наближенням для градієнтних методів.

II. Мета роботи

Метою дослідження є знаходження таких значень параметрів A_1, A_2, \dots, A_n , щоб прогноз моделі

$$\begin{cases} X'(t) = F_X(t, X(t), S(t), P(t), A_1, A_2, \dots, A_n), & S'(t) = F_S(t, X(t), S(t), P(t), A_1, A_2, \dots, A_n), \\ P'(t) = F_P(t, X(t), S(t), P(t), A_1, A_2, \dots, A_n), & X(0) = X_0, S(0) = S_0, P(0) = P_0, \end{cases} \quad (1)$$

потрапляв у заданий коридор точності $S^-(t) \leq S_{\min}(t) \leq S^+(t)$, де $X(t), S(t), P(t)$ – концентрації мікроорганізмів, субстрату та продукту, причому дві останні – неспостережувані, X_0, S_0, P_0 – початкові умови, F_X, F_S, F_P – функції, що задають структуру моделі [1], $S^-(t), S^+(t)$ – нижня та верхня межа вимірної в час t концентрації поживного середовища, причому точне значення цієї концентрації S^* невідоме, але відомо, що воно неодмінно входить у ці ж межі: $S^-(t) \leq S^*(t) \leq S^+(t)$. Оскільки дві змінні стану з трьох неспостережувані, то задача некоректна і для її реузляризації поставлено додаткову умову

$$X_{\max}^- \leq X_{\text{sim}, \max} \leq X_{\max}^+ \quad (2)$$

III. Особливості параметричної ідентифікації

Генетичний алгоритм для розв'язування поставленої задачі використовує дві функції мети, що побудовані з використанням досвіду, що описаний у праці [2]:

$$\{f_S(A_1, A_2, \dots, A_n) \xrightarrow{A_1, \dots, A_n} \min, f_X(A_1, A_2, \dots, A_n) \xrightarrow{A_1, \dots, A_n} \min, \quad (3)$$

$$f_S(A_1, A_2, \dots, A_n) = \sum_{\forall t} \begin{cases} 0, \text{ якщо } S^-(t) \leq S_{sim}(t, A_1, A_2, \dots, A_n) \leq S^+(t), \\ (0,5[S^+(t) - S^-(t)] - S_{sim}(t, A_1, A_2, \dots, A_n))^2, \text{ інакше,} \end{cases} \quad (4)$$

$$f_X(A_1, A_2, \dots, A_n) = \begin{cases} 0, \text{ якщо } X_{max}^-(t) \leq X_{sim,max}(A_1, A_2, \dots, A_n) \leq X_{max}^+, \\ (0,5(X_{max}^+ - X_{max}^-) - X_{sim,max}(A_1, A_2, \dots, A_n))^2, \text{ інакше,} \end{cases} \quad (5)$$

де $S_{sim}(t, A_1, A_2, \dots, A_n)$ - концентрація субстрату, $X_{sim,max}(A_1, A_2, \dots, A_n)$ - пікова концентрація мікроорганізмів, що наближено обчислені чисельним методом за системою (1).

Новизна отриманих результатів

Отримали подальший розвиток методи наближеного розв'язання задач параметричної ідентифікації моделей процесу ферментації в умовах неповної спостережуваності змінних стану, результати якої виступають початковим наближенням для градієнтних методів.

Список використаних джерел

1. Пасічник Р. М. Ідентифікація моделі броварного бродиння в умовах невизначеності / Р. М. Пасічник, Ю. Р. Піговський // Вісник Вінницького політехнічного інституту. – Вінниця, 2007. – № 1. – С. 10–15.
2. Дивак М.П. Ідентифікація дискретних динамічних моделей процесів з інтервальною невизначеністю у біогазових установках переробки органічного сміття / М.П. Дивак, Є.О. Марценюк, Ю.Р. Піговський, Т.М. Дивак // Наукові праці Донецького національного технічного університету. Серія "Інформатика, кібернетика та обчислювальна техніка.- 2010. Вип 11 (164).- С.181-188.

УДК 004.021

ПОРІВНЯЛЬНИЙ АНАЛІЗ ЕВОЛЮЦІЙНОЇ СТРАТЕГІЇ ТА ГЕНЕТИЧНИХ АЛГОРИТМІВ

Теслюк В.М., Гатала М.Я.

Національний університет «Львівська політехніка»

I. Постановка проблеми

У статті проведено аналіз методів розв'язку задач, що ґрунтуються на принципах дарвінівської еволюції, а саме генетичні алгоритми та еволюційні методи. Визначено їхні переваги та недоліки, сформувано призначення кожного методу.

II. Мета роботи

Метою дослідження є аналіз генетичних алгоритмів та еволюційної стратегії, а також пошук схожих і відмінних рис цих двох напрямків.

III. Особливості еволюційних обчислень

Історія еволюційних обчислень почалася з розробки ряду різних незалежних моделей еволюційного процесу. Серед цих моделей можна виокремити дві основні парадигми:

- 1) генетичні алгоритми [4];
- 2) еволюційні методи [3].

Пошук множини рішень деякої проблеми за допомогою генетичних алгоритмів або еволюційної стратегії можна поділити на етапи, які наведено в таблиці 1.

Таблиця 1

Співставлення етапів парадигм еволюційних обчислень

Етапи	Послідовність кроків	Еволюційна стратегія	Генетичний Алгоритм
1	Утворення популяції	Ініціалізація	Генерація хромосом випадковим чином
2	Декодування кожної хромосоми для отримання індивідів	-	+