

МЕТОД СИНТЕЗУ МАТЕМАТИЧНИХ МОДЕЛЕЙ КОЛИВНИХ ПРОЦЕСІВ З НЕКРАТНИМИ ЧАСТОТАМИ

М.І.Горбійчук, М.А.Шуфнарівич

ІФНТУНГ, 76019, м. Івано-Франківськ, вул. Карпатська, 15, тел.(0342) 504521

e-mail: gorb@nuing.edu.ua

Розроблено метод синтезу математичних моделей коливних процесів з некротними частотами на засадах генетичних алгоритмів. Метод знайде застосування для підвищення точності прогнозів коливних процесів, наприклад, рівня ріки Бистриця Надвірнянська.

Ключові слова: синтез математичних моделей, генетичний алгоритм, критерій селекції, популяція, хромосома

Разработан метод синтеза математических моделей колебательных процессов с некротными частотами по принципу генетических алгоритмов. Метод найдет применение для повышения точности прогнозирования колебательных процессов, например, уровня реки Быстрица Надворнянская.

Ключевые слова: синтез математических моделей, генетический алгоритм, критерий селекции, популяция, хромосома

The method of the synthesis of mathematic models of oscillating processes with aliquant frequencies on basis of genetic algorithms is worked out. This method will find the application for increasing the accuracy of prognosis concerning the oscillating processes, for example the level of the river Bistrizia Naddvirnianska.

Keywords: synthesis of mathematical models, genetic algorithm, a criterion of selection, population, chromosome

Проблема створення математичних моделей складних техніко-екологічних процесів ґрунтовно розглянута у низці праць А.Г.Івахненком та його учнями [1, 2]. Ідейну сторону розв'язання даної проблеми складає теорема Геделя. Геделівський підхід до синтезу моделей дістав назву індуктивного методу самоорганізації моделей.

Реалізація індуктивного методу самоорганізації моделей здійснюється поетапно: перший етап – генерація моделей-претендентів (у певному порядку підвищення складності); другий етап – відбір найкращої моделі за критерієм селекції.

Розрізняють три способи генерації моделей-претендентів. Перший із них – комбінаторний метод, який вибирає моделі із певного виразу шляхом привінювання до нуля деяких його коефіцієнтів. Таким чином, отримуємо сукупність моделей. Вибір найкращої моделі здійснюється на основі одного із критеріїв селекції. Другий - порогів спосіб, відомий як метод групового врахування аргументів (МГУА), у якому генерація моделей здійснюється на основі багаторядної процедури. Третій метод подібний до другого. Різниця полягає лише у тому, що на кожному ряді селекції часткові моделі утворюють шляхом привінювання до нуля певного числа їх коефіцієнтів.

Недоліком комбінаторного методу селекції моделей є необхідність перебору великого числа моделей. Якщо вихідною моделлю вибраний повний поліном степені m , то загальне число моделей-претендентів складає $2^M - 1$, де M – загальне число членів повного полінома степеня m . Навіть сучасні ЕОМ не здатні реалізувати такі алгоритми при значному числі змін-

них і високому степені полінома. МГВА породжує моделі, у яких фігурують проміжні змінні кожного із рядів селекції, що значно ускладнює процес переходу до вхідних змінних системи, що моделюється. Сказане стосується і третього методу, оскільки він, по-суті, є модифікацією МГВА.

Із усіх трьох методів найпривабливішим є комбінаторний метод, оскільки він дає можливість отримати модель, де аргументами виступають вхідні величини системи. В даній роботі для зняття проблеми великої розмірності застосуємо генетичний підхід до побудови складних моделей екологічних процесів. Як приклад, розглянута методика побудови математичної моделі зміни рівня води у річці Бистриця.

Р. Бистриця невелика за довжиною (17 км) [3]. Вона утворюється від злиття трьох гілок: Р. Бистриці Надвірнянської, Бистриці Солотвинської і Ворони, устя яких знаходяться у Карпатах. Вздовж берегів р. Бистриця ведеться активна господарська діяльність. Як приклад, можна навести м. Надвірну, провідне місце у економіці якого займають видобуток нафти, деревообробна і легка промисловість. Тут знаходиться експедиція Прикарпатського управління бурових робіт, НВГУ «Надвірнафтогаз», нафтопереробний завод, нафтобаза та ін.

У басейні р. Бистриця руслоформуючі паводки характеризуються досить інтенсивними підйомами, що загалом відповідає режиму Українських Карпат. Такі паводки можуть бути значними і навіть катастрофічними, як це трапилось улітку 2008 р. Тому актуальною проблемою є прогнозування зміни рівня води у р. Бистриця на основі спостережень за паводковою ситуацією і з врахуванням погодних умов.

У 2007 р. протягом березня – серпня фіксувались погодні умови та рівень води р. Бистриця Надвірнянська поблизу с. Чернів. Спостереження здійснювались щоденно. Реєструвались такі показники: рівень води, середньодобові температура, кількість опадів, швидкість тиску і барометричний тиск.

Аналіз зміни рівня води у р. Бистриця Надвірнянська за вказаний період свідчить, що тут існує гармонічний тренд, тобто математичну модель такої зміни будемо шукати у вигляді

$$\tilde{H}_t = H_t + G(t), \quad (1)$$

де: \tilde{H}_t – поточний рівень води, см;

$G(t)$ – гармонічна складова рівня води, см.

Складову $G(t)$ подамо у вигляді гармонічного ряду [6] з некрatними частотами

$$G(t) = A_0 + \sum_{j=1}^m (A_j \sin(t\omega_j) + B_j \cos(t\omega_j)), \quad (2)$$

де: t – такти відліку часу, $t = 1, 2, 3, \dots, N$;

A_0, A_j, B_j – параметри гармонічного ряду (2);

$\omega_j = \omega_{j-1} + \Delta\omega_j$ – некрatні частоти, $j = 1, 2, 3, \dots$.

Для того, щоб за спостереженнями можна було б оцінити параметри ряду (2), необхідне виконання умови [4] $N \geq 3m + 1$.

Суму декількох гармонік ряду (2), у якому коефіцієнти A_0, A_j, B_j визначені за методом найменших квадратів, а число гармонік і їх частоти вибрані так, щоб отримати мінімум деякого зовнішнього критерію селекції, називають [4] гармонічним трендом оптимальної складності.

Виберемо деяку фіксовану точку $t = i$ і довільне p . Знайдемо суму функцій $g(i+p)$ і $g(i-p)$, використовуючи відомі тригонометричні співвідношення [5],

$$\begin{aligned} g(i+p) + g(i-p) &= \quad (3) \\ &= 2 \sum_{j=1}^m (A_j \sin(i\omega_j) + B_j \cos(i\omega_j)) \cos(p\omega_j). \end{aligned}$$

Візьмемо суму за всіма $p = \overline{1, m-1}$ від лівої і правої частин рівняння (3) з ваговими коефіцієнтами α_p . Вагові коефіцієнти α_p виберемо таким чином [4], щоб задовольнялась умова

$$\alpha_0 + \sum_{p=1}^{m-1} \alpha_p \cos(p\omega_j) = \cos(m\omega_j), \quad j = \overline{1, m}. \quad (4)$$

Знайдемо

$$\begin{aligned} \sum_{p=0}^{m-1} \alpha_p (g(i+p) + g(i-p)) + g(i-m) &= \quad (5) \\ &= g(i+m) + g(i-m). \end{aligned}$$

Величина

$$b_i = g(i+m) - \sum_{p=0}^{m-1} \alpha_p (g(i+p) + g(i-p)) + g(i-m), \quad (6)$$

характеризує точність, з якою коливний процес виражається через задану суму гармонічних складових. Іншими словами, значення функції $g(t)$ у моменти часу, що симетрично розміщені відносно довільної точки i , повинні задовольняти отриманому рівнянню балансу (5). Якщо ця умова виконується, то $b_i = 0$.

Рівняння (4) для довільної частоти $\alpha_0 + \sum_{p=1}^{m-1} \alpha_p \cos(p\omega) = \cos(m\omega)$ за допомогою рекурентного співвідношення [4] $\cos(p\omega) = 2 \cos((p-1)\omega) \cos \omega - \cos((p-2)\omega)$, де $p = 2, m$ приводиться до алгебраїчного рівняння m -го степеня відносно $\cos \omega$

$$P_m z^m + P_{m-1} z^{m-1} + \dots + P_1 z + P_0 = 0, \quad (7)$$

де $z = \cos \omega$.

Рівняння (7) має m коренів, які однозначно визначають частоти $\omega_j, j = \overline{1, m}$.

Таким чином, для знаходження параметрів A_0, A_j, B_j і $\omega_j, j = \overline{1, m}$ гармонічного тренда необхідно спочатку визначити вагові коефіцієнти α_p . Балансові коефіцієнти знаходять [4] із умови мінімізації нев'язки

$$B = \sum_{i=m+1}^{N-m} b_i^2, \quad (8)$$

де b_i визначається рівнянням (6), у якому величини g відповідних дискретних аргументів замінені на \bar{g}_t .

Отже, будемо розв'язувати задачу

$$\min_{\bar{\alpha}} J(\bar{\alpha}) = \sum_{i=m+1}^{N-m} \left(z_{i,m} - \sum_{p=0}^{m-1} \alpha_p g_{i,p} \right)^2, \quad (9)$$

де: $\bar{\alpha} = (\alpha_0, \alpha_1, \dots, \alpha_{m-1})^T$ – вектор вагових коефіцієнтів;

$$z_{i,m} = \bar{g}(i+m) + \bar{g}(i-m);$$

$$g_{i,p} = \bar{g}(i+p) + \bar{g}(i-p);$$

T – символ транспонування матриць.

Задачу (9) запишемо у матрично-векторній формі

$$\min_{\bar{\alpha}} J(\bar{\alpha}) = (\bar{z}_m - F_m \bar{\alpha})^T (\bar{z}_m - F_m \bar{\alpha}), \quad (10)$$

де:

$$\bar{z}_m = \begin{bmatrix} \bar{g}(2m+1) + \bar{g}(1) \\ \bar{g}(2m+2) + \bar{g}(2) \\ \dots \\ \bar{g}(N) + \bar{g}(N-2m) \end{bmatrix};$$

$$F_m = \begin{bmatrix} 2\bar{g}(m+1) & \bar{g}(m+2) + \bar{g}(m) & \bar{g}(m+3) + \bar{g}(m-1) & \dots & \bar{g}(2m) + \bar{g}(2) \\ 2\bar{g}(m+2) & \bar{g}(m+3) + \bar{g}(m+1) & \bar{g}(m+4) + \bar{g}(m) & \dots & \bar{g}(2m+1) + \bar{g}(3) \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 2\bar{g}(N-m) & \bar{g}(N-m+1) + \bar{g}(N-m-1) & \bar{g}(N-m+2) + \bar{g}(N-m-2) & \dots & \bar{g}(N-1) + \bar{g}(N-2m+1) \end{bmatrix}.$$

Мінімізація виразу (10) приводить до нормального рівняння Гауса, яке у матричній формі матиме такий вигляд:

$$F_m^T F_m \bar{\alpha} = F_m^T \bar{z}_m. \quad (11)$$

Із останнього рівняння можна знайти

$$\bar{\alpha} = (F_m^T F_m)^{-1} F_m^T \bar{z}_m. \quad (12)$$

Використовувати формулу (12) можна лише тоді, коли розмірність вектора $\bar{\alpha}$ невелика і матриця $F_m^T F_m$ є добре обумовленою. Якщо така умова не виконується, то для знаходження $\bar{\alpha}$ слід розв'язувати рівняння (11) одним із числових методів, наприклад, методом Гауса зі зворотнім ходом [6].

Знаючи вагові коефіцієнти α_p , можемо скласти рівняння (7), розв'язок якого відносно z дає змогу однозначно визначити частоти гармонік ω_j , $j = \overline{1, m}$. Тепер задача полягає в оптимальному синтезі гармонічного ряду (2).

Відомі два підходи [4] до вирішення поставленої задачі. Перший з них передбачає викреслювання гармонік у різних комбінаціях із повного ряду ω_j , $j = \overline{1, m}$.

Другий метод ґрунтується на ідеях багаторядних алгоритмів групового урахування аргументів (МГУА). У відповідності з цим методом число гармонік, що включаються у модель, постійно зростає до тих пір поки це призводить до зменшення критерію селекції. Найпростішим є алгоритм з послідовним виділенням найкращої моделі у кожному ряду. Але ефективнішим є алгоритм, коли виділяється кілька гармонік у кожному ряду. Недоліком першого підходу до вирішення поставленої задачі є необхідність перебору великого числа варіантів, яке визна-

чається як сума $S_v = \sum_{i=1}^m C_m^i$. Відомо, що

$$(a+b)^n = \sum_{i=0}^n C_n^i a^{n-i} b^i = a^n + \sum_{i=1}^n C_n^i a^{n-i} b^i.$$

$$\text{Якщо } a = b = 1, \text{ то } \sum_{i=1}^m C_m^i = 2^m - 1.$$

$$\text{Отже, } S_v = 2^m - 1.$$

Наприклад, при $m = 20$ необхідно перебрати 1048575 варіантів, що потребує значних затрат машинного часу. Для другого підходу характерним є те, що у результаті реалізації багаторядного алгоритму МГУА неможливо отримати математичну модель у явному вигляді і це є суттєвим недоліком такого методу.

Нами запропонований інший підхід побудови математичних моделей коливних процесів,

який базується на ідеях генетичних алгоритмів. Суть такого підходу полягає у наступному.

Вся реалізація вихідної величини процесу або явища розбивається на три частини у такій пропорції [3]: $N_R = 0.7N$, $N_Q = 0.2N$ і

$N_R = 0.1N$. Для множини даних $N_R + N_Q$ визначаються вагові коефіцієнти α_p як розв'язок лінійного алгебраїчного рівняння (11) за методом виключення Гауса з вибором головного елемента [6]. Розв'язок рівняння (7) відносно змінної z дає можливість знайти частоти ω_j ,

$j = \overline{1, m}$. За відомими частотами ω_j на множині точок $N_R + N_Q$ необхідно знайти параметри моделі (2) A_0, A_j, B_j . Поставлену задачу будемо розв'язувати, використовуючи генетичні алгоритми [7]. Утворимо упорядковану структуру довжиною m , в якій на i -тому місці буде стояти нуль або одиниця в залежності від того чи частота ω_j вилучена із вибраного повного ряду m , чи залишена. У теорії генетичних алгоритмів така упорядкована послідовність має назву хромосоми або особи, а атомарний елемент хромосоми (одиниця або нуль) – це ген.

Набір хромосом утворює популяцію. Важливим поняттям у теорії генетичних алгоритмів є функція пристосування, яка визначає ступінь пристосування окремих осіб у популяції. Вона дає змогу із всієї популяції вибрати особи, які є найбільш пристосованими, тобто ті, що мають найбільше (найменше) значення функції пристосування. У задачі синтезу моделей коливних процесів функцією пристосованості виступає комбінований критерій селекції [2]

$$\rho = \sqrt{n_d^2 + B^2}, \quad (13)$$

де: n_d^2 – критерій зміщення, який обчислюється за такою формулою:

$$n_d^2 = \frac{\sum_{i=1}^N (g_i(R) - g_i(S))^2}{\sum_{i=1}^N \bar{g}_i^2}; \quad (14)$$

B – функція нев'язки, що визначається як (8);

$g_i(R), g_i(S)$ – величини, значення яких обчислені відповідно на множині точок N за формулою (2), а коефіцієнти моделі (2) знайдені відповідно на множинах $N_R + N_Q$ і N_S .

Таким чином, задачу синтезу моделі коливного процесу сформуємо так: із початкової популяції хромосом шляхом еволюційного відбору вибрати таку, хромосому, яка забезпечує

$$F = \begin{bmatrix} 1 & \sin \omega_1 & \cos \omega_1 & \sin \omega_2 & \cos \omega_2 & \dots & \sin \omega_m & \cos \omega_m \\ 1 & \sin(2\omega_1) & \cos(2\omega_1) & \sin(2\omega_2) & \cos(2\omega_2) & \dots & \sin(2\omega_m) & \cos(2\omega_m) \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 1 & \sin(N\omega_1) & \cos(N\omega_1) & \sin(N\omega_2) & \cos(N\omega_2) & \dots & \sin(N\omega_m) & \cos(N\omega_m) \end{bmatrix}. \quad (15)$$

найкраще значення функції пристосування (мінімальне значення критерію селекції (14).

Генетичний алгоритм складається із таких кроків [7].

К1. Формування початкової популяції (ініціалізація). На першому кроці роботи алгоритму випадковим чином формується популяція із I осіб, кожна із яких є хромосомою довжиною m .

К2. Оцінка пристосованості хромосоми у популяції. Для кожної хромосоми обчислюється критерій селекції (14). Здійснюється така процедура так. У відповідності з моделлю (2) формується матриця (15).

У сформованій хромосомі подвоюємо одиниці і нулі. Наприклад, якщо згенерована на першому кроці хромосома була такою: $Ch = [1001011]$, то після виконання операції подвоєння вона набуде такого вигляду:

$$Ch_d = [11000011001111].$$

Оскільки у моделі (2) завжди присутній коефіцієнт A_0 , то до хромосоми Ch_d на першу позицію додаємо одиничний ген. У результаті отримаємо $Ch_{d0} = [111000011001111]$.

Необхідність операції подвоєння пояснюється тим, що кожній частоті ω_j відповідає пара коефіцієнтів A_j, B_j . У відповідності до сформованої хромосоми Ch_{d0} із матриці F формуємо нову матрицю F_{new} шляхом вилучення тих стовпців із матриці F , які асоційовані із нулями хромосоми Ch_{d0} . Із отриманої матриці утворимо дві матриці F_A і F_B розмірами $(N_R + N_Q) \times m_1$ і $N_S \times m_1$. Матрицю F_R утворюють перші $N_R + N_Q$ стовпці матриці F_{new} , а другу – останні N_S стовпці матриці F_{new} . На множинах точок $N_R + N_Q$ і N_S обчислюються ненульові коефіцієнти A_0, A_j, B_j моделі (2) шляхом розв'язання нормального рівняння Гаусса

$$F_R^T F_R \bar{A}_R = F_R^T \bar{g}_R, \quad (16)$$

$$F_S^T F_S \bar{A}_S = F_S^T \bar{g}_S, \quad (17)$$

де: $\bar{A}_R = (A_0^{(R)}, A_1^{(R)}, B_1^{(R)}, A_2^{(R)}, B_2^{(R)}, \dots, A_{m_1}^{(R)}, B_{m_1}^{(R)})^T$,

$$\bar{A}_S = (A_0^{(S)}, A_1^{(S)}, B_1^{(S)}, A_2^{(S)}, B_2^{(S)}, \dots, A_{m_1}^{(S)}, B_{m_1}^{(S)})^T$$

– вектори параметрів моделі, яка асоційована з черговою хромосомою із початкової популяції і обчислені за формулами (16) і (17);

$$\bar{g}_R = (\bar{g}^{(1)}, \bar{g}^{(2)}, \dots, \bar{g}^{(N_R + N_Q)})^T,$$

$\bar{g}_S = (\bar{g}^{(1)}, \bar{g}^{(2)}, \dots, \bar{g}^{(N_S)})^T$ – вектори експериментальних даних на множині точок $N_R + N_Q$ і N_S .

За відомою сукупністю коефіцієнтів \bar{A}_R і \bar{A}_S моделі (2) на множині точок N обчислюють так

$$g(R) = F_{new} \bar{A}_R,$$

$$g(S) = F_{new} \bar{A}_S.$$

За формулою (13) обчислюють критерій селекції, де B знаходять у відповідності з (6) і (8). Значення критерію селекції обчислюють для кожної хромосоми, і в результаті отримують множину значень $\rho_i, i = \overline{1, M}$, де M – кількість хромосом у популяції.

К3. Перевірка умови зупинки алгоритму. Визначають

$$\rho_{min} = \min_{i \in M} \rho_i. \quad (18)$$

Якщо мінімальне значення (18) критерію селекції (13) не перевищує деякого додатного значення ε , то відбувається зупинка алгоритму. Зупинка алгоритму також може відбутися у випадку, коли його виконання не призводить до покращення функції пристосування або у тому випадку, коли алгоритмом уже виконано задане число ітерацій.

Після виконання однієї із трьох умов із популяції вибирається хромосома Ch^* , для якої виконується умова (18). Після операції подвоєння і приєднання одиничного гену до хромосоми Ch_d^* отримуємо Ch_{d0}^* . Ця хромосома задає структуру моделі оптимальної складності і формує матрицю F^* таким чином, що із початкової матриці F вилучаються стовпці, які асоційовані з нульовими генами хромосоми Ch_{d0}^* . Перерахунок параметрів моделі (2) здійснюється на множині всіх точок початкового масиву даних.

К4. Селекція хромосом. За розрахованими на другому кроці значеннями функції пристосування здійснюється відбір тих хромосом, які будуть брати участь в створенні нащадків для наступної популяції. Такий вибір проводиться у відповідності з принципом природного відбору, коли найбільші шанси у створенні нової популяції мають хромосоми з найкращим значенням функції пристосування, тобто такі, що забезпечують мінімальне значення критеріїв селекції (13). Найбільш поширеними методами селекції [4] є метод рулетки і метод турнірної селекції.

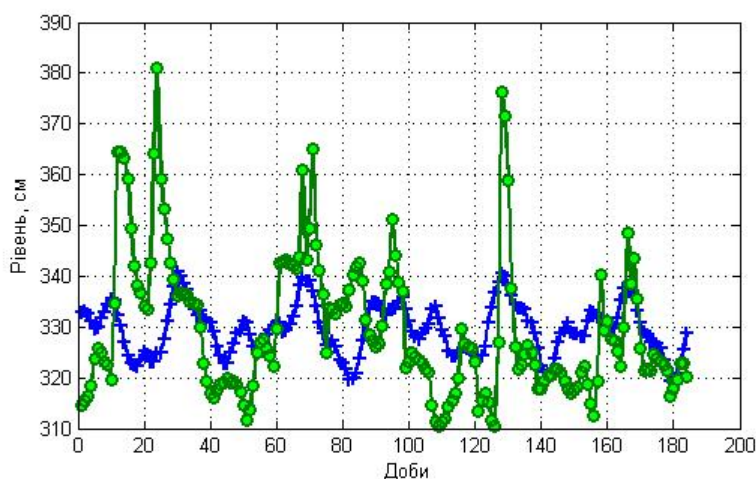


Рисунок 1 – Гармонічний тренд коливного процесу (р. Бистриця Надвірнянська)

Турнірний метод можна використовувати як у задачах максимізації, так і у задачах мінімізації функцій. При турнірній селекції всі хромосоми розбиваються на підгрупи з подальшим вибором із кожної утвореної підгрупи хромосоми з найкращою пристосованістю. Підгрупи можуть мати довільний розмір, але найчастіше популяції ділять на підгрупи по 2–3 особи у кожній.

К5. Формування нової популяції потомків здійснюється за допомогою двох основних операторів: схрещування і мутації. Слід зауважити, що оператор мутації відіграє другорядну роль у порівнянні з оператором схрещування. Це означає, що у генетичному алгоритмі схрещування проводиться майже завжди, а мутація – досить рідко. Вірогідність схрещування досить велика ($0.5 \leq P_c \leq 1$), тоді як ймовірність мутації вибирається досить малою ($0 \leq P_m \leq 0.1$).

Оператор мутації з ймовірністю P_m змінює значення гена в хромосомі на протилежне, тобто з 1 на 0 чи з 0 на 1. Ймовірність мутації P_m може емалюватись випадковим чином випадковим вибором числа із інтервалу $[0;1]$ для кожного гена і відбором для виконання цієї операції тих генів, для яких розігране число виявиться меншим або рівним P_m . Мутація може здійснюватись як над пулом родичів, так і над пулом нащадків.

Оператор схрещування складається із двох етапів. На першому етапі формуються підгрупи із z осіб, звідки вибирається найкраща хромосома за критерієм селекції $R(Ch_{d0}^*) = \min_i R(Ch_{d0,i})$. У результаті отримуємо нову популяцію хромосом, до якої застосовують оператор другого етапу.

На другому етапі здійснюється схрещування. Для цього із пулу родичів $M(k)$ випадковим чином з ймовірністю P_c утворюють пари у такий спосіб. Із популяції осіб випадковим чином вибирається пара хромосом. Генерується випадкове число P_z із інтервалу $[0; 1]$ і якщо його значення не більше, ніж P_c , то над парою

хромосом здійснюється схрещування. У протилежному випадку пара хромосом залишається без зміни. Потім для кожної пари родичів розігрується позиція гена (локус) в хромосомі, яка визначає точку схрещування. Якщо хромосома кожного із родичів включає у себе m генів, то точка схрещування L_c – це натуральне число, менше m . Тому фіксація точки схрещування зводиться до випадкового вибору цілого числа із інтервалу $[1; L_c - 1]$. Дія оператора схрещування призводить до того, що із пари родичів утворюється нова пара нащадків у такий спосіб: перший нащадок у парі, хромосома якого на позиціях від 1 до L_c складається із ген першого родича, а на позиції від $L_c + 1$ до m – із ген другого родича; другий нащадок у парі, хромосома якого на позиціях від 1 до L_c складається із ген другого родича, а на позиції від $L_c + 1$ – до m із ген першого родича.

Після виконання оператора схрещування відбувається перехід до К2.

Із числового ряду \tilde{H}_t виділяємо стаціонарну складову коливного процесу (рис. 1). З використанням розробленого методу у середовищі MatLab написана програма виділення гармонічного тренду з некротними частотами. Було вибрано максимальне число частот $m = 20$; число точок спостережень $N = 184$. Ймовірність схрещування $P_c = 0.9$, а ймовірність мутації складала $P_m = 0.1$. Таким чином, максимальне число коефіцієнтів моделі (2), які визначались, складало $2m + 1 = 41$; із них – 16 нульові. Результат роботи програми відтворює рис. 1, на якому знаком «o» відмічені експериментальні дані, а «+» – результат розрахунку за формулою (2).

Будемо розглядати ділянку ріки, за якою ведеться спостереження разом зі спостерігачем, як деяку систему, що характеризується сукупністю вхідних величин $\bar{x} = (x_1, x_2, \dots, x_k)^T$ і вихідною величиною y (рис. 2). У нашому випадку $x_1 = T_t$, $x_2 = f_t$, $x_3 = f_{t-1}$, $x_4 = f_{t-2}$, $x_5 = f_{t-3}$, $x_6 = v_t$, $x_7 = p_t$, $y = H_t$.

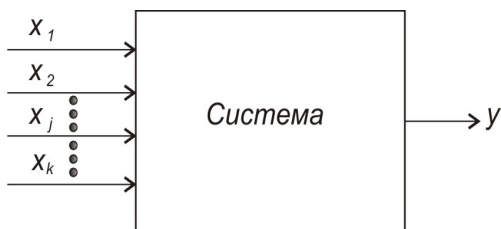


Рисунок 2 – Структурна схема системи «ділянка ріки – спостерігач»

Величину H_t , яка є функцією параметрів, що визначають погодні умови у районі спостережень, будемо шукати у вигляді полінома

$$y = \sum_{i=0}^{M-1} a_i \prod_{j=1}^k x_j^{s_{ji}}, \quad (19)$$

де: M – кількість членів полінома; a_i – коефіцієнти полінома; s_{ji} – степені аргументів, які

повинні задовольняти обмеженню – $\sum_{j=1}^k s_{ji} \leq m$.

Число членів M полінома (19) визначають за формулою [8]:

$$M = \frac{(m+n)!}{m!n!}. \quad (20)$$

Значення величини $Y_t = H_t$ визначені у дискретні моменти часу $t = \overline{1, N}$. Вхідні величини $x_j, j = \overline{1, k}$, які є аргументами виходу системи y , у кожному спостереженні t приймають певне значення так, що їх сукупність утворює матрицю X .

Припустимо, що нам відомі параметри $a_i, i = \overline{1, M-1}$ моделі (19). Тоді за відомими значеннями величин $x_j^{(t)}$ можна обчислити

$$y_t = \sum_{i=0}^{M-1} a_i \prod_{j=1}^k (x_j^{(t)})^{s_{ji}}, \quad t = \overline{1, N}. \quad (21)$$

Систему рівнянь (21) зручно подати у матрично-векторній формі

$$\bar{y} = F\bar{a}, \quad (22)$$

де: $\bar{y} = (y_1, y_2, \dots, y_N)^T$ – обчислене значення виходу моделі (19) у кожній точці спостережень;

F – матриця розміром $N \times M$, елементи якої добутки аргументів для параметрів a_i ;

$\bar{a} = (a_0, a_1, \dots, a_{M-1})^T$ – вектор параметрів моделі (19).

За відомими Y_t і $y_t, i = \overline{1, N}$ можна обчислити критерій апроксимації

$$J(\bar{a}) = \sum_{t=1}^N (Y_t - y_t)^2. \quad (23)$$

Мінімізація критерію (23) призводить до співвідношення

$$F^T F \bar{a} = F^T \bar{Y}, \quad (24)$$

яке називають нормальним рівнянням методу найменших квадратів (МНК).

Безпосередньо із рівняння (24) можна знайти

$$\bar{a} = (F^T F)^{-1} F^T \bar{Y}. \quad (25)$$

Використовувати формулу (25) можна лише тоді, коли розмірність вектора параметрів \bar{a} невелика, і матриця $F^T F$ є добре обумовленою [9]. Якщо така умова не виконується, то для розв'язання рівняння (25) слід використовувати один із числових методів, наприклад, метод Гауса з вибором головного елемента [6].

У більшості випадків на вихід системи y накладається перешкода e , так що спостерігачу доступна тільки величина $Y = y + e$. Якщо допустити, що e адитивна і має нормальний закон розподілу, то оцінки параметрів моделі (25) є незміщеними і ефективними [4].

На практиці, як правило, структура моделі (21) невідома, що призводить до необхідності довільного вибору як числа функцій, так і вигляду самих функцій у моделі (21). Критерій (23), який використовується для визначення параметрів моделі (21) за формулою (25) є внутрішнім критерієм [4], і його використання призводить до помилкового правила: чим складніша модель, тим вона точніша. Складність моделі, наприклад поліноміальної, визначається числом членів і найвищим ступенем полінома: чим більше членів полінома, тим менше значення критерію апроксимації (23).

Тому для вибору структури моделі (21) був запропонований індуктивний метод самоорганізації моделей [4], ідейний бік якого визначає теорема Геделя. У відповідності з цією теоремою жодна система аксіом не може бути логічно замкнутою: завжди можна знайти таку теорему, для доведення якої необхідне зовнішнє доповнення – розширення початкової системи аксіом. Стосовно задачі визначення структури моделі (21), геделівський підхід означає застосування зовнішнього критерію, який уможливає однозначний вибір єдиної моделі із заданого класу моделей. Критерій називають зовнішнім, якщо його визначення засновано на застосуванні нових даних, які не використовувались під час синтезу моделі (21). Це означає, що всі дані, отримані у результаті експерименту, розбиваються на дві частини N_R і N_Q . Перша із них – навчальна, а друга – перевірна.

У більшості випадків для вибору структури моделі використовують критерії регулярності

$$\Delta^2(Q) = \frac{\sum_{i=1}^{N_Q} (Y_i - y_i)^2}{\sum_{i=1}^{N_Q} Y_i^2} \quad (26)$$

і мінімуму зміщення

$$\Delta^2(R, Q) = \frac{\sum_{i=1}^N (y_i(R) - y_i(Q))^2}{\sum_{i=1}^N Y_i^2}. \quad (27)$$

Якщо вибраний критерій регулярності (26), то вибирають такий розподіл даних експерименту [1]: $N_R = 0.7N$ і $N_Q = 0.3N$, а при виборі критерію (27) – $N_R = 0.5N$ і $N_Q = 0.5N$.

Реалізація індуктивного методу самоорганізації моделей здійснюється поетапно: перший етап – генерація моделей-претендентів (у певному порядку підвищення складності); другий етап – відбір найкращої моделі за критерієм селекції (26) або (27).

Розрізняють три способи генерації моделей-претендентів.

Перший із них – комбінаторний метод, який вибирає моделі із виразу (21) шляхом порівнювання до нуля деяких його коефіцієнтів. Таким чином, отримуємо сукупність моделей. Вибір найкращої моделі здійснюється на основі одного із критеріїв селекції.

Другий пороговий спосіб відомий як метод групового урахування аргументів (МГУА), у якому генерація моделей здійснюється на основі багаторядної процедури.

Третій метод подібний до другого. Різниця полягає лише у тому, що на кожному ряді селекції часткові моделі утворюють шляхом порівнювання до нуля певного числа їх коефіцієнтів.

Недоліком комбінаторного методу селекції моделей є необхідність перебору великого числа моделей. Якщо вихідною моделлю вибраний повний поліном степені m , то загальне число моделей-претендентів складає $2^M - 1$, де M – загальне число членів повного полінома степені m . Навіть сучасні ЕОМ не здатні реалізувати такі алгоритми за значного числа змінних і високої степені полінома. МГУА породжує моделі, у яких фігурують проміжні змінні кожного із рядів селекції, що значно ускладнює процес переходу до вхідних змінних системи, що моделюється. Сказане відноситься і до третього методу, оскільки він, по-суті, є модифікацією МГУА.

Із усіх трьох методів найпривабливішим є комбінаторний метод, оскільки він дає можливість отримати модель, де аргументами виступають вхідні величини системи.

Як і раніше, для зняття проблеми великої розмірності застосуємо генетичний підхід. Як емпіричну модель будемо розглядати поліном (21) степеня m . При комбінаторному методі синтезу моделі із повного полінома (21) отримують емпіричну модель, де частина параметрів приймає значення нуль. Параметри, що залишилися, не дорівнюватимуть нулеві. Утворимо упорядковану структуру довжиною M , в якій на i -тому місці буде стояти одиниця або нуль залежно від того, чи параметр a_i , $i = \overline{1, M}$ моделі (21) відмінний від нуля, чи нульовий.

Таким чином, задачу синтезу емпіричної моделі сформуємо так: із початкової популяції хромосом шляхом еволюційного відбору вибрати таку хромосому, що забезпечує найкраще значення функції пристосування (мінімальне значення критерію селекції (26) або (27)).

Алгоритм розв'язку поставленої задачі аналогічний раніше розробленому для виділення гармонічного тренду з тією лише різницею, що не здійснюється операція подвоєння генів у хромосомах.

На основі розробленого алгоритму була написана програма у середовищі MatLab для побудови математичної моделі залишку, який отримали після вилучення лінійного і гармонічного трендів. Було вибрано $m = 4$. З використанням розробленої програми синтезована модель, яка вміщує 177 ненульових і $330 - 177 = 153$ нульових параметрів a_i , $i = \overline{0, M - 1}$ полінома (21). Результати роботи програми відтворено на рис. 3, де через «○» позначені експериментальні дані, а через «+» – значення y , які обчислені як вихід синтезованої моделі.

Зауважимо, якщо б модель будували комбінаторним методом, то довелось би перебрати $2^M - 1$ моделей. У відповідності з формулою (19) для $n = 7$ і $m = 4$, $M = 330$. Тоді $2^M - 1 = 2.1873 \cdot 10^{99}$ варіантів, що практично неможливо реалізувати за допомогою сучасних персональних комп'ютерів.

Адекватність моделі перевірялась за допомогою коефіцієнта кореляції K_{Yy} між значеннями Y_i та її виходом $y^{(i)}$. Було отримано: $K_{Yy} = 0,98746$, що свідчить про високий ступінь кореляції між величинами Y_i і $y^{(i)}$.

Залежності $G(t)$ і y_t дають можливість знайти

$$\hat{y}_t = G(t) + y_t, \quad (28)$$

де $G(t)$ і y_t – обчислювались відповідно за формулами (2) і (22).

Графік залежності (28) зображений на рис. 4, де «+» позначені обчислені значення за формулою (28), а значком «○» відмічені експериментальні значення рівня води у р. Бистриця Надвірнянська. Із графіка видно, що існують досить задовільні збіги між розрахунковими і експериментальними даними.

Таким чином, застосування ідей генетичних алгоритмів до побудови математичної моделі зміни рівня води у р. Бистриця Надвірнянська дало змогу отримати адекватну модель і значно зменшити об'єм обчислень. Остання обставина відкриває широкі можливості для побудови складних моделей як фізичних явищ, так і технологічних процесів.

Отримана модель зміни рівня води у р. Бистриця Надвірнянська залежно від погодних умов може бути використана для прогнозування повеней, що, як засвідчили події 2008 р., є досить актуальним завданням для Прикарпатського регіону.

Література

1 Ивахненко А.Г. Справочник по типовым программам моделирования / А.Г.Ивахненко, Ю.В.Коппа, В.С.Степашко и др.; под ред. А.Г.Ивахненко. – К.: Техніка, 1980. – 180 с.

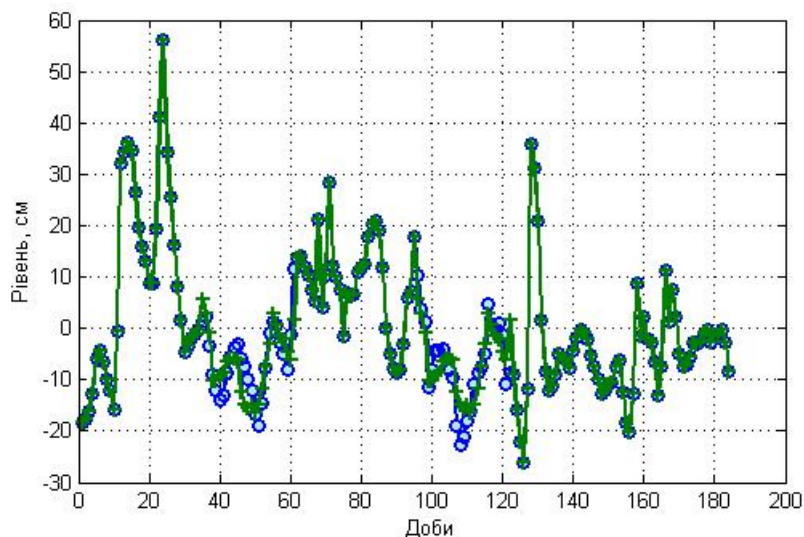


Рисунок 3 – Залежності рівня води від параметрів погодних умов (після вилучення гармонічного тренду)

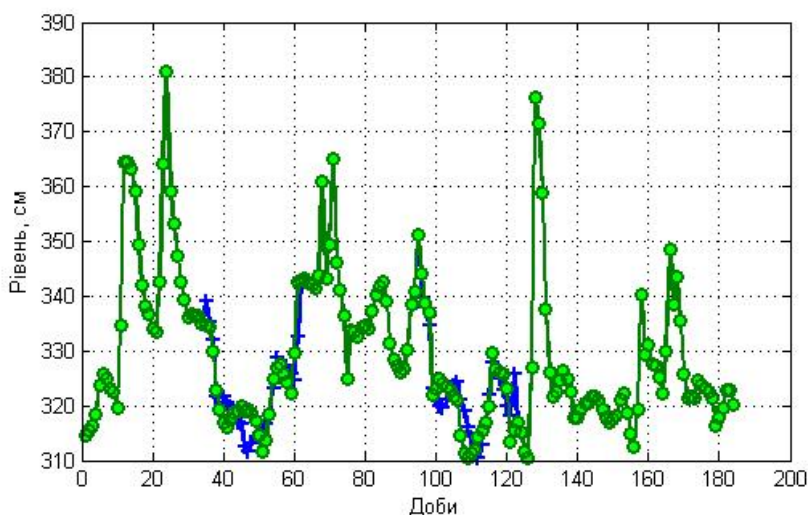


Рисунок 4 – Залежність рівня води у р. Бистриця Надвірнянська від погодних умов

2 Ивахненко А.Г. Помехоустойчивость моделирования: монография / А.Г.Ивахненко, В.С.Степашко. – К.: Наук. думка, 1985. – 216 с.

3 Паланичко О.В. Особливості руслоформування річок басейну р. Бистриці / О.В.Паланичко.

Електронний ресурс http://www.nbuu.gov.ua/portal/Soc_Gum/_Nzvdpu/_geograf/2008_15/osoblivosti%20rysloformyvannya.pdf

4 Ивахненко А.Г. Индуктивный метод самоорганизации моделей сложных систем: монография / А.Г.Ивахненко. – К.: Наук. думка, 1981. – 296 с.

5 Корн Г. Справочник по математике для научных работников и инженеров / Г. Корн, Т. Корн; пер с англ. И.Г.Абрамовича, А.М.Березмана, И.А.Вайнштейна и др.; под ред. И.Г.Абрамовича. – М.: Наука, 1970. – 720 с.

6 Вержбицкий В.М. Основы численных методов: учебник для вузов / В.М.Вержбицкий. – М.: Высшая школа, 2002. – 840 с.

7 Рутковская Д. Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечеткие системы / Д. Рутковская, М. Пилинский, Л. Рутковский; пер. с польск. И. Д. Рудинского. – М.: Горячая линия-Телеком, 2004. – 452 с.

8 Горбійчук М. І. Індуктивний метод побудови математичних моделей газоперекачувальних агрегатів природного газу / М. І. Горбійчук, М. І. Когутяк, Я. І. Заячук // Нафтова і газова промисловість. – 2008. – № 5. – С. 32-35.

9 Ермаков С. М. Математическая теория оптимального эксперимента: учеб. пособие / С. М. Ермаков, А. А. Жиглявский. – М.: Наука, 1987. – 320 с.

Стаття поступила в редакційну колегію
20.01.10

Рекомендована до друку професором
В.М.Юрчишиним