

НАЛАШТУВАННЯ РІЗНИЦЕВОЇ СХЕМИ ІЗ ЗАСТОСУВАННЯМ ГЕНЕТИЧНОГО АЛГОРИТМУ НА ОСНОВІ АНАЛІЗУ ІНТЕРВАЛЬНИХ ДАНИХ

Очеретнюк Н.П.

Тернопільський національний економічний університет, аспірант

I. Актуальність задачі

Широкий клас задач моделювання об'єктів з розподіленими параметрами розв'язують за допомогою макромоделі у вигляді деякої різницевої схеми (РС) лінійної за параметрами, структура якої обирається шляхом узгодження з експериментальними даними.

Важливою проблемою макромоделювання при розв'язанні такого класу задач є вибір загального вигляду різницевої схеми, що породжує задачі параметричної та структурної ідентифікації РС.

Задача параметричної ідентифікації РС відноситься до класу NP-повних задач, тоді як задача структурної ідентифікації РС є ще складнішою і розв'язується шляхом використання генетичного алгоритму (ГА) синтезу структури такої моделі [1]. Основний недолік ГА – відсутність підходу щодо вибору його параметрів, у такий спосіб щоб забезпечити мінімізацію обчислювальної складності методу структурної ідентифікації [1]. Саме цим обґрунтована актуальність наукового дослідження.

II. Постановка задачі

У задачі структурної ідентифікації РС представляють у такому загальному вигляді:

$$v_{i,j,h,k} = \vec{f}^T (v_{0,0,0,0}, \dots, v_{0,0,h-1,0}, v_{i-1,0,0,0}, \dots, v_{0,j-1,0,0}, \dots, v_{i-1,j-1,h-1,k-1}, \vec{u}_{i,j,h,0}, \dots, \vec{u}_{i,j,h,k}) \cdot \vec{g},$$

$$i = 1, \dots, I, \quad j = 1, \dots, J, \quad h = 1, \dots, H, \quad k = 1, \dots, K, \quad (1)$$

де $\vec{f}^T(\bullet)$ - вектор невідомих базисних функцій; $v_{i,j,h,k}$ - модельована характеристика у точці із заданими просторовими координатами $i = 1, \dots, I, \quad j = 1, \dots, J, \quad h = 1, \dots, H$ та на часовій дискреті $k = 1, \dots, K$; $\vec{u}_{i,j,h,0}, \dots, \vec{u}_{i,j,h,k}$ - вектори вхідних змінних у відповідних точках; \vec{g} - невідомий вектор параметрів різницевого оператора.

Умови узгодження експериментальних даних із результатом моделювання формують наступним чином:

$$[\hat{v}_{i,j,h,k}^-, \hat{v}_{i,j,h,k}^+] \subseteq [z_{i,j,h,k}^-, z_{i,j,h,k}^+], \quad \forall i = 1, \dots, I, \quad \forall j = 1, \dots, J, \quad \forall h = 1, \dots, H, \quad \forall k = 1, \dots, K \quad (2)$$

З урахуванням умов (2) для знаходження векторів \vec{g} та $\vec{f}^T(\bullet)$ потрібно розв'язати інтервальну систему нелінійних алгебричних рівнянь (ІСНАР):

$$\begin{cases} [\hat{v}_{0,0,0}^-, \hat{v}_{0,0,0}^+] \subseteq [z_{0,0,0}^-, z_{0,0,0}^+] \\ \vdots \\ [\hat{v}_{i-2,j-2,k-2}^-, \hat{v}_{i-2,j-2,k-2}^+] \subseteq [z_{i-2,j-2,k-2}^-, z_{i-2,j-2,k-2}^+] \\ [\hat{v}_{i-1,j-1,k-1}] = \vec{f}^T([\hat{v}_{0,0,0}], \dots, [\hat{v}_{i-2,j-2,k-2}], \vec{u}_0, \dots, \vec{u}_{k-1}) \cdot \vec{g} \\ z_{i,j,k}^- \leq \vec{f}^T([\hat{v}_{0,0,0}], \dots, [\hat{v}_{i-1,j-1,k-1}], \vec{u}_{i,j,0}, \dots, \vec{u}_{i,j,k}) \cdot \vec{g} \leq z_{i,j,k}^+ \\ z_{i+1,j,k}^- \leq \vec{f}^T(\vec{f}^T([\hat{v}_{0,0,0}], \dots, [\hat{v}_{i-1,j-1,k-1}], \vec{u}_{i,j,0}, \dots, \vec{u}_{i,j,k}) \cdot \vec{g}) \leq z_{i+1,j,k}^+ \\ i = 2, \dots, I, \quad j = 2, \dots, J, \quad k = 2, \dots, K \end{cases} \quad (3)$$

Для синтезу хоча б одного розв'язку отриманої ІСНАР необхідно буде реалізувати два етапи ідентифікації: структурну - для знаходження $\vec{f}^T(\bullet)$, та параметричну - для знаходження вектора \vec{g} .

III. Особливості структурної ідентифікації РС із використання ГА

Відповідно до постановки задачі для побудови макромоделі необхідно сформулювати ІСНАР (3) і знайти хоча б один її розв'язок. Для розв'язку задачі (3) використовуємо генетичний алгоритм. Введемо наступні позначення: ген – структурний елемент; хромосома – структура РС; популяція – множина структур на поточній ітерації ГА.

Крок 1. Генерування набору F структурних елементів (генів), ймовірних компонент вектора базисних функцій $\vec{f}^T(\bullet)$. На цьому кроці параметром ГА є потужність L множини структурних елементів F. При цьому множина F повинна гарантовано включати всі елементи шуканої структури РС, тому базисні функції та порядок РС задаються емпірично виходячи з природи розв'язуваної задачі. Однак, варто зазначити, що усі комбінації з множини елементів $\{v_{0,0,0,0}, \dots, v_{0,0,h-1,0}, v_{i-1,0,0,0}, \dots, v_{0,j-1,0,0}, \dots, v_{i-1,j-1,h-1,k-1}\}$ формуємо комбінаторно у відповідності до порядку РС, тоді як комбінації з множини елементів $\{\vec{u}_{i,j,h,0}, \dots, \vec{u}_{i,j,h,k}\}$ потрібно генерувати виходячи з фізичного аналізу модельованого реального процесу, для забезпечення умови зменшення обчислювальної складності зазначеної задачі.

Крок 2. Випадкове генерування хромосом, що задають відповідні структури РС - λ_s , де $s = 1, \dots, S$. На цьому кроці параметром ГА виступає потужність множини S. Потужність множини S лінійно залежна від кількості елементів у кожній структурі, як наслідок того факту, що згенерований набір структур повинен включати усі елементи множини F. Кількість елементів у поточній структурі задається випадковим числом I, де $I \in [I_{\min}; I_{\max}]$.

$$L = I_{\min} \cdot k_0 + \dots + (I_{\min} + n) \cdot k_n + \dots + I_{\max} \cdot k_{I_{\max} - I_{\min}} \quad (4)$$

$$S = \sum_{i=0}^{I_{\max} - I_{\min}} k_i \quad (5)$$

де k_n - кількість структур з $I_{\min} + n$ елементами, де $n \in [0; I_{\max} - I_{\min}]$.

Отже, потужність множини S можна обчислити за виразом (5). Варто зазначити, що виходячи з природи самого алгоритму потрібно відмовитись від повторювання елементів у структурах, адже це призводить до підвищення обчислювальної складності задачі.

Крок 3. Синтез компонент вектора параметрів \vec{g}_s для кожної поточної структури λ_s , після цього оцінюємо якість для усіх поточних структур у вигляді показника якості структури $\delta(\lambda_s)$. Для цього використовуємо метод, що базується на процедурах випадкового пошуку [2].

Якщо на цьому кроці отримано хоча б одну структуру РС, для якої $\delta(\lambda_s) = 0$, то - завершення процедури структурної ідентифікації. В протилежному випадку формуємо упорядкований набір структур відповідно до збільшення значення функції мети $\delta(\lambda_s)$.

Крок 4. Серед упорядкованого набору структур відбираємо m, де $m \in [30\%; 50\%]$.

Крок 5. Проводимо схрещування відібраних особин популяції, що здійснюється випадковим чином. Після завершення даної процедури повертаємося на третій крок.

Оскільки, після проведення 5 кроку ГА для реалізації кожної наступної $i+1$ ітерації беруться не лише отримані в результаті схрещування нові особини популяції, а і їх предки, тому параметр ГА m рекомендується обирати з діапазону від 30% до 50% усієї популяції отриманої на i -й операції. У протилежному випадку: якщо $m > 50\%$ то з кожною наступною ітерацією параметр S буде збільшуватись, що призведе до суттєвого підвищення обчислювальної складності ГА; якщо $m < 30\%$ - то можуть бути втрачені «значущі» компоненти шуканої структури РС.

Висновки

У праці запропоновано гіпотези щодо налаштування параметрів ГА для задачі структурної ідентифікації РС на основі аналізу інтервальних даних. На відміну від існуючого підходу запропоновано спосіб схрещування відібраних особин популяції без використання однакових генів, що забезпечить зменшення обчислювальної складності розв'язання задачі структурної ідентифікації.

Список використаних джерел

1. Ocheretnyuk N. Features of Structure Identification the Macromodels for Nonstationary Fields of Air Pollutions from Vehicles/ N. Ocheretnyuk, M. Dyvak, I. Voytyuk, Ye. Martsenyuk// Proceedings of the XIth International Conference TCSET'2012 – Lviv-Slavske, Ukraine. – February 21–24, 2012. – P.444.
2. Дивак М.П., Ідентифікація параметрів різницевого оператора в задачах моделювання процесів поширення шкідливих речовин методами аналізу інтервальних даних/ М. П. Дивак, А. В. Пукас, Т. М. Дивак / / Збірник наукових праць Донецького національного технічного університету серії „Інформатика, кібернетика та обчислювальна техніка“. - 2009. - Вип. 10 (153). - С. 224-229.