

### **Висновок**

У роботі визначено, що для оцінювання функціональної придатності необхідно вирішувати як задачі аналізу, так і задачі синтезу РЕП. Вирішено розробити програмний комплекс, який би дозволив вирішувати поставлені задачі для будь-яких радіоелектронних пристроїв.

За поставленими вимогами до програмного продукту та сформульованих UML діаграм класів в середовищі Microsoft Visual Studio з використанням мови програмування C# розроблений програмний комплекс, деякі з діалогових вікон котрого представлені рисунками 4-5.

### **Список використаних джерел**

1. Слепова, С.В. Основы теории точности измерительных приборов/ Учебное пособие. – Челябинск: Изд-во ЮУрГУ, - 2008. – 192 с.
2. Буч, Г. Язык UML: Руководство пользователя/ Рамбо Дж., Якобсон А. // Москва: ДМК, 2000. – 740с.

УДК 659.1

## **НЕЧІТКИЙ АЛГОРИТМ ПРОГНОЗУВАННЯ ЗАХВОРЮВАННОСТІ**

**Кушпета І.І.**

*Тернопільський національний економічний університет, магістрант*

Зниження захворюваності з тимчасовою втратою працездатності представляють собою не лише важливу соціально-гігієнічну, але й економічну проблему. Тому виникає потреба більш детально розбиратися в методах зниження захворюваності.

За такими даними, які отримують, неможливо зовсім проаналізувати вплив на певний вид захворюваності місця проживання, професії та інших немало важливих факторів. Тому було запропоновано відповідний аналіз проводити не на підприємствах, де працюють робітники, а у відповідних медичних закладах.

Основна ідея, що закладена в алгоритмі прогнозування захворюваності є використання генетичного алгоритму. Генетичний алгоритм вирішує задачу, використовуючи процес, що подібний біологічному розвитку. Він працює як рекомбінація і мутація генетичних послідовностей. Рекомбінація та мутація - генетичні оператори, які управляють генами. Ген у нашому випадку - це послідовності кодів, які містять всю інформацію, що необхідна для того, щоб створити функціональний організм з визначеними характеристиками. Хромосома - послідовність генів.

Для генетичної оптимізації прогнозу моделі, яка використовується для вирішення задач, зв'язаних з прогнозуванням захворювань, послідовність кодів приймає форму ряду чисел. Як і в процесі біологічного відбору, менше придатні рішення видаляються. При цьому більш придатні рішення розмножуються, створюючи наступне покоління рішень, яке може містити декілька кращих рішень, ніж попередні.

Ідея використання нечіткого генетичного алгоритму при прогнозуванні захворюваності базується на наступних принципах:

1. Статистика процесів захворюваності залежить від дуже багатьох факторів, і вивести однозначну його формулу неможливо.
2. Не існує єдиної закономірності, яка б діяла на всьому протязі процесу.
3. На невеликих часових ділянках можуть спостерігатися деякі закономірності, які, проте, складно формалізувати.
4. Пропонується деякі прості правила, за якими можна зробити прогноз. Самі собою вони не гарантують успішного прогнозу.
5. Правила об'єднуються в групи, утворюючи так звані "хромосоми", за аналогією з біологією.
6. Кожна з хромосом тестується на наявній базі захворюваності. Із отриманих хромосом половину (які показали самі невдалі результати) відкидають.

7. До вдалих хромосом застосовують методики генетичних алгоритмів - рекомбінацію та мутацію. Мутація означає випадкову зміну якогось правила, рекомбінація – схрещення двох хромосом, які “обмінюються” своїми частинами.

8. Повторюють кроки 6-7 до тих пір, поки не залишаться тільки кращі хромосоми.

В ідеалі, після завершення всієї процедури, отримують декілька прогнозних стратегій розвитку захворюваності, які достатньо точно описують реальні показники.

Проте, на практиці, мають справу не з точними значеннями вхідних параметрів, а деякою їх нечіткою множиною, яка, також, не завжди піддається формалізації. У цьому випадку виникає необхідність застосувати апарат нечітких множин. В якості критерію оптимальності доцільно використати мінімальне значення середньої відносної похибки прогнозування.

Варто зауважити, що пошук мінімального значення функції похибки прогнозу класичними методами чисельної оптимізації є дуже важким, так як область допустимих розв’язків задачі визначається невідомими наперед межами зміни параметрів моделі прогнозування.

Таким чином, запропонований генетичний алгоритм прогнозування на основі апарату теорії нечітких множин дозволяє підвищити якість прогнозу за рахунок мінімізації функції придатності - середньої відносної похибки прогнозування.

#### **Список використаних джерел**

1. Hayflick L. «Anti-aging» is an oxymoron // J. Geront. Biol. Ser.—2004.—Vol. 59a. - P. 573–578.
2. Яшин А.И., Украинцева С.В. Новые идеи, методы и проблемы в моделировании демографических и эпидемио логических проявлений старения // Проблемы управления. -2004. -№ 4. -С.18–26.

УДК 519.876.5

## **СТРАТЕГІЯ ПРОВЕДЕННЯ ВИМІРЮВАНЬ ДЛЯ СТВОРЕННЯ МАТЕМАТИЧНОЇ МОДЕЛІ ЕЛЕКТРОПРОВІДНОСТІ ҐРУНТІВ**

**Мадюдя І.А.**

*Тернопільський національний економічний університет, стажист-дослідник*

### **І. Опис проблеми**

Встановлення електропровідності на великих ділянках пов’язане зі значними витратами. Одним із можливих рішень для зменшення цих витрат є вимірювання провідності в певних точках на ділянках і використання вимірених значень для встановлення електропровідності на усій ділянці засобами математичного моделювання. Проте, для побудови математичної моделі необхідно вибрати її структуру і на основі індуктивного підходу за вибірковими результатами вимірювань провести налаштування параметрів моделі для конкретної ділянки. Задача вибору структури (загального вигляду) математичної моделі є першочерговою. Для її розв’язування необхідно оцінити вплив інших властивостей ґрунтів на електропровідність; дослідити особливості процесу отримання вибірових даних про електропровідність ґрунтів та в кінцевому результаті запропонувати і обґрунтувати узагальнену структуру математичної моделі [1].

З викладеного вище виникає проблема організації вимірювання електропровідності ґрунтів та систематизування даних.

### **II. Стратегія вимірювання електропровідності на дослідній ділянці.**

Відбір проб проведений в межах поля, яке охоплює такі варіанти техноземів: дерново-літогенні ґрунти на лісах, на сіро-зелених глинах, на червоно-бурих глинах і педоземи з насипним шаром чорнозему потужністю 0,5 м на технічній суміші глин (географічні координати південно-західного кута полігону - 47 ° 38'55.24 " с.ш., 34 ° 08'33.30" п.д.).

Полігон представлений 8 трансектами, кожна з яких складається з 20 точок відбору проб. Трансекти розташовані в напрямку із заходу на схід з інтервалом 15 м між сусідніми трансектами. Точки відбору проб також знаходяться з інтервалом 15 м. Таким чином, експериментальний полігон являє собою