

МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ И ИССЛЕДОВАНИЕ СЛОЖНЫХ УПРАВЛЯЕМЫХ СИСТЕМ

УДК 519.684.4

М.И. Горбийчук, Н.В. Сабат, М.А. Шуфнарович

ПОСТРОЕНИЕ ПОЛИГАРМОНИЧЕСКИХ МОДЕЛЕЙ С НЕКРАТНЫМИ ЧАСТОТАМИ НА ПРИНЦИПАХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ АЛГОРИТМОВ ДЛЯ ОПИСАНИЯ КОЛЕБАТЕЛЬНЫХ ПРОЦЕССОВ

Введение

Данные, полученные при исследовании целого ряда процессов, например экологических, обычно представляются в виде временных рядов. Визуальный анализ таких данных не всегда позволяет обнаружить скрытые закономерности. Для их выявления в современных задачах моделирования широко применяются методы, использующие линейные по параметрам функции [1], в частности методы индуктивного моделирования [2].

Они способны отобрать из заданного класса одночленов по выбранному внешнему критерию некоторое множество наилучших регрессов [3, 4].

В случае, когда требуется построение математической модели сложного объекта, обладающего скрытой колебательностью, в качестве регрессов используются одночлены функционального аддитивного тригонометрического ряда.

Для структурного синтеза оптимального по сложности тригонометрического ряда разработан алгоритм [5] с использованием метода группового учета аргументов (МГУА), в котором применяется многорядная селекция по критерию со свойством внешнего дополнения.

Суть метода в том, что на каждом ряду селекции выбирается определенное число гармоник, удовлетворяющих внешнему критерию. Число рядов селекции увеличивается до момента уменьшения внешнего критерия дополнения. В последнем ряду получают единственную полигармоническую модель с некратными частотами по критерию баланса ординат [6].

Алгоритм, построенный по МГУА, имеет ряд недостатков, отмеченных в работе [2]: возможность потери информативных или закрепление неинформативных аргументов, если они были включены в начале перебора; плохая обусловленность системы уравнений для оценивания параметров частных моделей с ростом числа рядов селекции. Кроме того, с увеличением числа рядов селекции возрастает вычислительная сложность алгоритма пропорционально квадрату отобранных гармоник на каждом ряду селекции [7].

В данной работе усовершенствован метод синтеза полигармонической модели с некратными частотами, в котором использован генетический механизм отбора

структуры лучшей модели. Для выбора такой модели на заданном множестве гармоник, как и в МГУА, использован критерий внешнего дополнения и свободы выбора, а также алгоритм определения частот гармоник, разработанный в [5].

Генетический механизм отбора дает возможность снизить размерность исходной задачи по сравнению с МГУА, а также предусматривает возможность управления общей структурой гармонического ряда, что в конечном итоге уменьшает вычислительные затраты времени, необходимые для построения оптимальной по сложности полигармонической модели с некратными частотами.

Гармоническая модель с некратными частотами сложного процесса

При изучении сложных процессов, аналитическое описание которых неизвестно, в распоряжении исследователя имеются наблюдаемые значения $g(t)$ в дискретные моменты времени t , которые могут содержать скрытые закономерности в виде гармонического ряда $G(t)$ с некратными частотами.

Гармонический ряд $G(t)$ будем описывать следующим выражением [5]:

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

где t — дискретные отсчеты времени, A_0, A_j, B_j — параметры гармонического ряда (1); ω_j — частоты гармоник ряда (1); $j = \overline{1, m}$.

В отличие от гармонического ряда Фурье, для которого $\omega_j = j\omega$, гармонический ряд с некратными частотами (1) ($\omega_j \neq j\omega$) может более точно аппроксимировать результаты наблюдений за физическим процессом, где периодичность не наблюдается [6].

Для того чтобы по данным наблюдений за процессом оценить параметры ряда (1), необходимо выполнение условия $N \geq 3m+1$, где N — количество наблюдаемых значений $g(t)$ в дискретные моменты времени [6].

Идентификация параметров модели (1) состоит из трех этапов [5].

Первый этап — вычисление балансовых коэффициентов α_p из условия

$$\sum_{p=0}^{m-1} \alpha_p (g(i+p) + g(i-p)) = g(i+m) + g(i-m), \quad i = \overline{m+1, N-m}, \quad (2)$$

где g — отсчеты реализации процесса в дискретные моменты времени, которые симметрично размещены относительно произвольной точки.

Балансовые коэффициенты α_p находят [5, 7] из условия минимизации функции невязки

$$B = \sum_{i=m+1}^{N-m} b_i^2, \quad (3)$$

где $b_i = g(i+m) - \sum_{p=0}^{m-1} \alpha_p (g(i+p) + g(i-p)) + g(i-m)$, $i = \overline{m+1, N-m}$, которая с

учетом значения величины b_i примет следующий вид:

$$\min_{\bar{\alpha}} : J(\bar{\alpha}) = \sum_{i=m+1}^{N-m} \left(z_{i,m} - \sum_{p=0}^{m-1} \alpha_p g_{i,p} \right)^2. \quad (4)$$

Здесь $\bar{\alpha} = (\alpha_0, \alpha_1, \dots, \alpha_{m-1})^T$ — вектор весовых коэффициентов, $z_{i,m} = g(i+m) + g(i-m)$, $g_{i,p} = g(i+p) + g(i-p)$, T — транспонирование матриц.

Задачу (4) запишем в матрично-векторной форме

$$\min_{\bar{\alpha}} : J(\bar{\alpha}) = (\bar{z}_m - F_m \bar{\alpha})^T (\bar{z}_m - F_m \bar{\alpha}), \quad (5)$$

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

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

где $A = g(N-m+1) + g(N-m-1)$, $B = g(N-m+2) + \tilde{g}(N-m-2)$, $C = \tilde{g}(N-1) + g(N-2m+1)$.

Минимизация выражения (5) приводит к нормальному уравнению Гаусса, которое в матричной форме имеет следующий вид:

$$F_m^T F_m \bar{\alpha} = F_m^T \bar{z}_m. \quad (6)$$

Решая уравнение (6) одним из численных методов, например методом Гаусса с обратным ходом [8], определим балансовые коэффициенты $\bar{\alpha} = (\alpha_0, \alpha_1, \dots, \alpha_{m-1})^T$.

Второй этап — составляется уравнение

$$\alpha_0 + \sum_{p=1}^{m-1} \alpha_p \cos(p\omega) = \cos(m\omega)$$

для произвольной частоты ω , которое с помощью рекуррентного соотношения [5]

$$\cos(p\omega) = 2\cos((p-1)\omega)\cos\omega - \cos((p-2)\omega), \quad p = \overline{2, m},$$

приводится к алгебраическому уравнению m -й степени относительно $\cos\omega$:

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

где $z = \cos\omega$.

Для вычисления коэффициентов P_i , $i = \overline{0, m}$, уравнения (7) используется рекуррентная процедура [9], состоящая из таких шагов.

1. Инициализация. Сформировать нулевую матрицу T размерностью $m \times (m+1)$.

2. Положить $T_{12} = 1$, $T_{21} = -1$.

3. Вычислить элементы матрицы T : $T_{ij} = 2T_{i-1, j-1} - T_{i-2, j}$, $i = \overline{3, m}$, $j = \overline{2, i+1}$.

4. Положить $T_{i1} = T_{i-2, 1}$, $i = \overline{3, m}$.

5. Вычислить

$$T_{mj} = T_{mj} - T_{ij} \alpha_p^{(i+1)}, \quad i = \overline{1, m-1}, \quad j = \overline{1, m+1}; \quad T_{m1} := T_{m1} - \alpha_p^{(1)}.$$

6. Сформировать вектор коэффициентов уравнения (8): $P_j = T_{mj}$, $j = \overline{1, m+1}$.

Третий этап. Зная весовые коэффициенты α_p , можно составить уравнение (7), решение которого относительно z позволит однозначно определить частоты гармоник ω_j , $j = \overline{1, m}$. Для решения уравнения (7) можно воспользоваться встроенной функцией `roots` системы MATLAB.

По известным частотам ω_j , $j = \overline{1, m}$, методом наименьших квадратов определяются параметры A_0 , A_j и B_j , $j = \overline{1, m}$, линейно входящие в гармонический ряд (1).

Синтез модели гармонического ряда с некрратными частотами на принципах генетических алгоритмов

Решающее правило синтеза оптимальной структуры гармонического ряда с некрратными частотами можно представить таким образом:

$$DR = \langle Q, Se, Me, R \rangle,$$

где Q — количество членов ряда в модели (1), Se — правило отбора членов ряда из модели (1), Me — метод определения параметров модели (1), R — правило завершения работы алгоритма.

Известно два подхода [6] к построению решающего правила DR . Первый предполагает вычеркивание гармоник в различных комбинациях из полного ряда ω_j , $j = \overline{1, m}$. Второй метод основан на идеях многорядных алгоритмов МГУА. В соответствии с этим методом число гармоник, включаемых в модель, постоянно возрастает до момента уменьшения критерия селекции. Самым простым является алгоритм с последовательным выделением лучшей модели в каждом ряду. Но эффективнее тот алгоритм, в котором выделяется несколько гармоник в каждом ряду [6].

Недостаток первого подхода к решению поставленной задачи — необходимость перебора большого числа вариантов, количество которых составляет $S_v = 2^m - 1$. Например, для $m = 30$ необходимо взять 1073741823 вариантов, что требует значительных затрат машинного времени. Для второго подхода характерно то, что в результате реализации многорядного алгоритма МГУА невозможно получить математическую модель в явном виде, и это существенный недостаток такого метода.

Для снятия проблемы большой размерности и получения модели в явном виде предлагается использовать иной подход построения математических моделей гармонических процессов с некрратными частотами, основанный на идеях генетических алгоритмов.

Суть такого подхода в следующем [10]. Вся реализация последовательности $g(t)$ разбивается на две части (N_R и N_S) в определенной пропорции: в зависимости от критерия селекции [9]. Решение уравнения (7) относительно переменной z дает возможность найти частоты ω_j , $j = \overline{1, m}$. По известным частотам ω_j на множестве точек N_R определяются весовые коэффициенты A_0 , A_j и B_j модели (1) как решение линейного алгебраического уравнения (6) методом исключения Гаусса с выбором главного элемента [8].

Затем образуем бинарную последовательность длиной m , в которой на i -м месте будет стоять ноль или единица, в зависимости от того, будет частота ω_j изъ-

ята из избранного полного ряда m частот или оставлена. В теории генетических алгоритмов такая бинарная последовательность носит название хромосомы или особи, а атомарный элемент хромосомы (единица или ноль) — это ген. Набор хромосом образует популяцию. Важным понятием в теории генетических алгоритмов является функция приспособления (критерий селекции), позволяющая из всей популяции выбрать особи по минимальному значению критерия селекции.

В задаче синтеза моделей колебательных процессов функцией приспособления выступает комбинированный критерий селекции [9]

$$\rho = \sqrt{n_d^2 + B^2}, \quad (8)$$

где n_d^2 — критерий смещения, вычисляемый по формуле [3]

$$n_d^2 = \frac{\sum_{t=1}^N (G_t(R) - G_t(S))^2}{\sum_{t=1}^N g^2(t)}, \quad (9)$$

$$B = \sum_{i=m+1}^{N-m} b_i^2, \quad (10)$$

где $G_t(R)$, $G_t(S)$ — величины, значения которых вычислены на множестве точек N_R и N_S по формуле (1); коэффициенты A_0 , A_j и B_j модели (1) найдены соответственно на множествах N_R и N_S .

Для критерия смещения (8) множество значений $g(t)$ длиной N разбивают на две части в такой пропорции: $N_R = N_S = 0,5N$. В случае нечетного значения N количество точек дискретного множества $g(t)$ уменьшают на единицу.

Задачу синтеза модели колебательного процесса сформируем следующим образом: из начальной популяции хромосом путем эволюционного отбора нужно выбрать такую хромосому, которая обеспечит наилучшее значение функции приспособления (минимальное значение критерия селекции (9)).

Генетический алгоритм состоит из следующих шагов.

Шаг 1. Формирование начальной популяции (инициализация). На первом этапе работы алгоритма случайным образом формируется популяция из N_{ch} особей, каждая из которых является хромосомой длиной m .

Шаг 2. Оценка приспособленности хромосомы в популяции. Для каждой хромосомы исчисляется критерий селекции (8) по такой процедуре. В соответствии с моделью (1) формируется матрица

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

В сформированной хромосоме на шаге 1 удваиваем единицы и нули. Например, сгенерированная хромосома $Ch = [1001011]$ после операции удвоения приобретет следующий вид: $Ch_d = [11000011001111]$. Поскольку в модели (1) всегда

присутствует коэффициент A_0 , то в хромосому Ch_d на первую позицию добавляем единичный ген. В результате получаем $Ch_{d0} = [111000011001111]$. Необходимость операции удвоения объясняется тем, что каждой частоте ω_j соответствует пара коэффициентов: A_j и B_j .

В соответствии со сложившейся хромосомой Ch_{d0} на шаге 1 из матрицы F формируем новую матрицу F_{new} путем изъятия тех столбцов из матрицы F , которые ассоциированы с нулями хромосомы Ch_{d0} . Количество столбцов m_1 матрицы F_{new} будет равно числу единичных генов в хромосоме Ch_{d0} . Из полученной матрицы F_{new} образуем две матрицы (F_R и F_S) размерами $N_R \times m_1$ и $N_S \times m_1$. Матрицу F_R образуют N_R строки матрицы F_{new} , а вторую матрицу F_S — остальные $N_S = N - N_R$ строки матрицы F_{new} . На множествах точек N_R и N_S вычисляются ненулевые коэффициенты A_0 , A_j и B_j модели (1) путем решения нормальных уравнений Гаусса:

$$F_R^T F_R \bar{A}_R = F_R^T \bar{g}_R, \quad (11)$$

$$F_S^T F_S \bar{A}_S = F_S^T \bar{g}_S, \quad (12)$$

где $\bar{A}_R = (A_0^{(R)}, A_1^{(R)}, B_1^{(R)}, A_2^{(R)}, B_2^{(R)}, \dots, A_{m_1}^{(R)}, B_{m_1}^{(R)})$, $\bar{A}_S = (A_0^{(S)}, A_1^{(S)}, B_1^{(S)}, A_2^{(S)}, B_2^{(S)}, \dots, A_{m_1}^{(S)}, B_{m_1}^{(S)})$ — векторы параметров модели (1), ассоциированные с очередной хромосомой и вычисленные по формулам (11) и (12); $\bar{g}_R = (g(t_1), g(t_2), \dots, g(t_{N_R}))^T$, $\bar{g}_S = (g(t_{N_R+1}), g(t_{N_R+2}), \dots, g(t_N))^T$ — значения временного ряда на множествах N_R и N_S .

По известной совокупности коэффициентов \bar{A}_R и \bar{A}_S модели (1) на множестве точек N вычисляют

$$\bar{G}(R) = F_{\text{new}} \bar{A}_R, \quad (13)$$

$$\bar{G}(S) = F_{\text{new}} \bar{A}_S. \quad (14)$$

Для каждой хромосомы по формуле (8) определяем численное значение критерия селекции ρ . В результате получаем множество значений ρ_i , $i = \overline{1, K}$, где K — количество хромосом в популяции.

В настоящее время не существует теоретических предпосылок выбора количества хромосом K в популяции [11–13]. При малом числе хромосом в популяции алгоритм быстро заканчивает свою работу и существует опасность, что функция приспособления не достигнет своего минимального значения. Увеличение числа хромосом в популяции вызывает увеличение машинных затрат на реализацию генетического алгоритма. Поэтому значение K выбирают, исходя из интуиции исследователя и на основе машинных экспериментов.

Шаг 3. Проверка условия остановки алгоритма. Определяют

$$\rho_{\min} = \min_{i \in M} \rho_i. \quad (15)$$

Если минимальное значение (15) критерия селекции (8) не превышает некоторого положительного значения ε , то происходит остановка алгоритма. Она

также может произойти в случае, когда его выполнение не улучшает функцию приспособления или алгоритмом уже выполнено заданное число итераций.

После выполнения одного из трех условий из популяции выбирается хромосома Ch_{d0}^* , для которой выполняется условие (15). Эта хромосома определяет структуру модели оптимальной сложности и формирует матрицу F^* таким образом, что из исходной матрицы F изымаются столбцы, ассоциированные с нулевыми генами хромосомы Ch_{d0}^* . Перерасчет параметров модели (1) осуществляется на множестве всех точек исходного массива данных.

Шаг 4. Селекция хромосом. По рассчитанному на втором шаге значению функции приспособления осуществляется отбор хромосом, участвующих в создании потомков для следующей популяции. Такой процесс осуществляется в соответствии с принципом естественного отбора, когда наибольшие шансы в создании новой популяции имеют хромосомы с наилучшим значением функции приспособления (8).

Наиболее распространенными методами селекции [11] являются метод рулетки и метод турнирной селекции. Метод рулетки следует применять при положительной функции и только в задачах максимизации [11].

Турнирный метод можно использовать как в задачах максимизации, так и в задачах минимизации. При турнирной селекции все хромосомы разбиваются на подгруппы по z_o особей. Из каждой подгруппы извлекается наилучшая хромосома в соответствии с критерием селекции $\rho(Ch_{d0}^*) = \min_{i \in z_o} : \rho(Ch_{d0,i})$. В результате получаем новую популяцию хромосом, которая образует родительский пул $M(k)$. Количество особей в популяции N_{ch} остается неизменным. Подгруппы могут иметь произвольный размер, но чаще всего популяцию разделяют на подгруппы по 2–3 особи в каждой.

Количество хромосом N_{ch} , которое генерируется на шаге 1, должно быть кратным числу особей z_o в подгруппах.

В данном алгоритме использован турнирный метод.

Шаг 5. Формирование новой популяции потомков. Формирование новой популяции потомков осуществляется с помощью двух основных операторов: скрещивания и мутации. Вероятность скрещивания P_c выбирается из интервала $[0,5; 1]$, а вероятность мутации P_m лежит в пределах $[0;0,1]$.

Оператор мутации применяется к каждому отобранному гену на шаге 4. С этой целью генерируется случайное число, и если его вероятность не превышает P_m , то происходит изменение значения гена в хромосоме на противоположное: с 1 на 0 или с 0 на 1.

Оператор скрещивания применяется к каждой отобранной хромосоме на шаге 4, которая принадлежит родительскому пулу $M(k)$. Для этого из популяции особей $M(k)$ случайным образом выбирается пара хромосом. Генерируется случайное число P_z из интервала $[0; 1]$, и если его значение не превышает P_c , то над парой хромосом осуществляется скрещивание. В противоположном случае пара хромосом остается неизменной. Если хромосомы скрещиваются, то для каждой пары разыгрывается позиция гена (локус), которая определяет точку скрещивания. Если хромосома каждого из родителей имеет m генов, то точка скрещивания L_c — натуральное число, меньше m . Поэтому фиксация точки скрещивания сводится к случайному выбору целого числа из интервала $[1; m - 1]$.

Действие оператора скрещивания приводит к тому, что из пары родителей образуется новая пара потомков следующим образом: первый потомок в паре хромосом, который на позициях от 1 до L_c состоит из генов первого родителя, а на позициях $L_c + 1$ до m — из генов второго родителя; второй потомок в паре хромосом, стоящий на позициях от 1 до L_c , состоит из генов второго родителя, а на позициях от $L_c + 1$ до m — из генов первого родителя.

После выполнения оператора скрещивания осуществляется переход к шагу 2.

Тестирование алгоритма синтеза модели гармонического ряда с некрратными частотами на принципах генетических алгоритмов

Для проверки работоспособности и оценки точности разработанного алгоритма, представленного в виде итерационной процедуры шагами 1–5, использовался тест, позаимствованный из работы [14]. Он представляет собой числовой ряд, значения которого вычислены по формуле (1), и состоит из десяти гармоник с разными некрратными частотами и свободным членом. Были взяты дискретные значения времени $t_k = kh$, где $h = 1$, а $k = \overline{1, 200}$.

Развернутая запись ряда (1) с заданными амплитудами и частотами имеет следующий вид:

$$\begin{aligned}
 V(k) = & 45,16 - 7,73\cos(0,11 \cdot k) - 5,84\sin(0,11 \cdot k) + 5,21\cos(0,15 \cdot k) + \\
 & + 0,848\sin(0,15 \cdot k) - 9,44\cos(0,49 \cdot k) + 5,302\sin(0,49 \cdot k) + \\
 & + 3,64\cos(0,51 \cdot k) + 4,21\sin(0,51 \cdot k) - 4,66\cos(0,52 \cdot k) + 4,649\sin(0,52 \cdot k) + \\
 & + 1,06\cos(0,57 \cdot k) + 19,7\sin(0,57 \cdot k) + 6,70\cos(0,59 \cdot k) + 9,292\sin(0,59 \cdot k) + \\
 & + 11,4\cos(0,63 \cdot k) + 7,68\sin(0,63 \cdot k) - 3,19\cos(0,67 \cdot k) + 10,3\sin(0,67 \cdot k) - \\
 & - 1,71\cos(0,7 \cdot k) + 4,725\sin(0,7 \cdot k).
 \end{aligned} \tag{16}$$

Результат тестирования отражает табл. 1 и рис. 1, где + обозначает экспериментальные значения, а о — расчетные.

Таблица 1

Номер гармоники	Амплитуда		Частота	
	Задана	Рассчитана	Задана	Рассчитана
1	-7,73	-7,763173	0,11	0,1100
	-5,84	-5,855201		
2	5,21	5,227880	0,15	0,1500
	0,848	0,819638		
3	-9,44	-9,411256	0,49	0,4891
	5,302	4,921590		
4	3,64	3,150938	0,51	0,5102
	4,21	4,817379		
5	-4,66	-4,655201	0,52	0,5192
	4,649	4,564858		
6	1,06	1,054203	0,57	0,5690
	19,7	19,884233		
7	6,70	6,692251	0,59	0,5901
	9,292	9,344416		
8	11,4	11,300436	0,63	0,6301
	7,68	7,598225		
9	-3,19	-3,170234	0,67	0,6702
	10,3	10,355486		
10	1,71	1,730895	0,7	0,7000
	4,725	4,763173		
Свободный член	45,16	45,176406	-	-

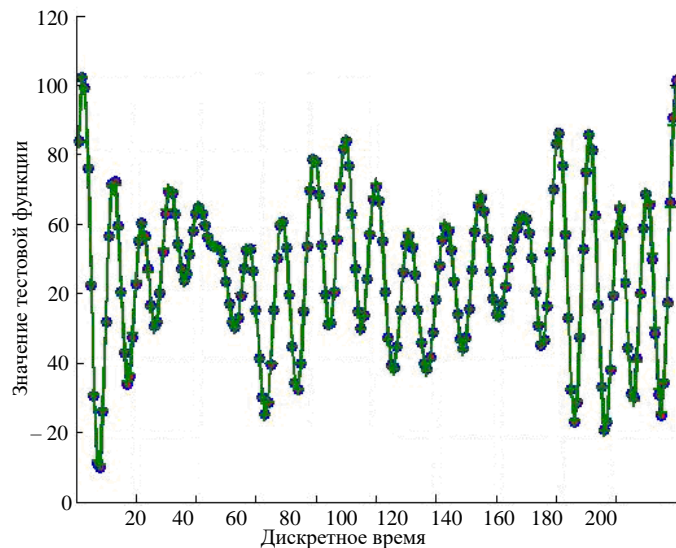


Рис. 1

Получены значения (см. рис. 1) и результат тестирования алгоритма построения модели гармонического процесса с некратными частотами (табл. 1). Они подтверждают работоспособность алгоритма, который с приемлемой точностью решает обратную задачу: по рассчитанным данным по формуле (16) воспроизводится значение амплитуд и частот и тем самым восстанавливается исходная функция $V(k)$.

Пример синтеза гармонической модели с некратными частотами сложного процесса на принципах генетических алгоритмов

Применение разработанного метода рассмотрим на примере анализа временного ряда наблюдений за уровнем воды р. Быстрица.

Река Быстрица небольшая по длине (17 км) [15]. Она образуется от слияния трех веток-рек: Быстрицы Надворнянской, Быстрицы Солотвинской и Вороны, истоки которых находятся в Карпатах. В бассейне р. Быстрица руслоформирующие паводки характеризуются достаточно интенсивными подъемами, что в целом соответствует режиму Украинских Карпат.

В 2007 г. с марта по август ежедневно фиксировался уровень воды р. Быстрица Надворнянская возле с. Черниев (Ивано-Франковская обл.). На рис. 2 показан график изменения уровня воды за указанный период.

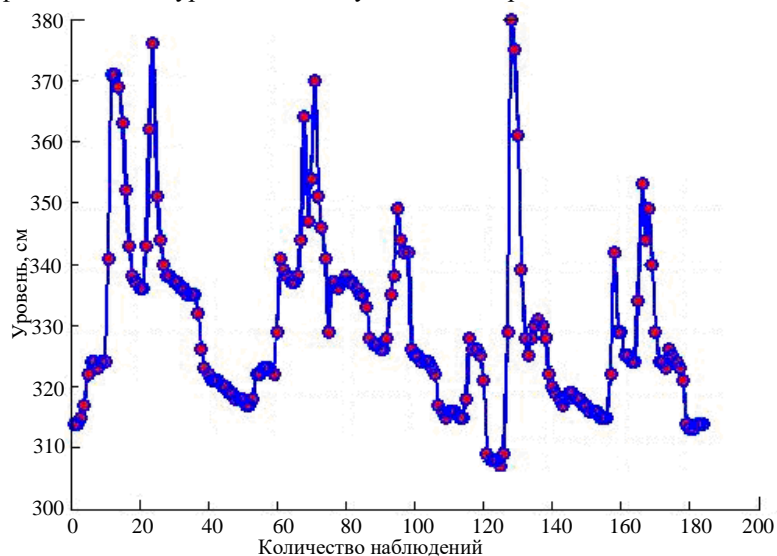


Рис. 2

Из числового ряда $g(t)$, образованного по данным наблюдений за уровнем воды р. Быстрица Надворнянская, выделим гармонический ряд, предварительно удалив из него постоянную составляющую.

Исходя из разработанного алгоритма, в среде MATLAB создана программа, в которой используется разделение исходного ряда на обучающую и проверочную выборки оценки качества моделирования по глубине минимума внешнего критерия (8).

Для обоснованного выбора граничного значения числа частот m был проведен компьютерный эксперимент. Начиная со значения $m = 5$, постепенно увеличивалось значение m с шагом 5. Для каждого значения m вычислялись параметры гармонического ряда амплитуды A_0, A_j, B_j и частоты ω_j . Качество модели (1) проверялось с помощью оценки дисперсии отклонения расчетных значений величины $G(t)$ от экспериментальных значений $g(t)$. Наилучшее значение такой оценки получено при $m = 25$. Итак, максимальное число частот составило $m = 25$; число точек наблюдений — $N = 184$. Вероятность скрещивания $P_c = 0,9$, а вероятность мутации $P_m = 0,1$. Время машинного счета при заданном числе точек наблюдений не превышало 2 мин.

Максимальное число коэффициентов модели (1) составило 51; из них 36 нулевые. Результат работы программы воспроизводит табл. 2 и рис. 3, на котором приведен выделенный гармонический ряд из данных измерений уровня воды р. Быстрица Надворнянская, знак о — экспериментальные данные, + — результат расчета по формуле (1).

Таблица 2

Коэффициенты, см	Значения коэффициентов	Коэффициенты W_j , см	Частоты, сут^{-1}	Фаза, рад
A_0	-0,402427	—	—	—
A_1	6,865856	8,9906	0,1144	-0,7018
B_1	-5,804403			
A_2	1,858734	3,9234	0,1652	-1,0773
B_2	-3,455160			
A_3	2,121013	2,1402	0,6394	0,1339
B_3	0,285768			
A_4	1,069154	1,2059	0,7611	-0,4807
B_4	-0,557623			
A_5	-0,188582	0,4520	1,0822	-1,1404
B_5	0,410824			
A_6	-0,074516	0,1926	1,4402	1,1736
B_6	-0,177564			
A_7	-0,074736	0,0755	2,6722	-0,1501
B_7	0,011301			

Проведем анализ полученных результатов для выявления распределения амплитуд модели (1) по частотам. Формулу (1) представим в следующем виде [16]:

$$G(t) = A_0 + \sum_{j=1}^{m_1} W_j \sin(\omega_j t + \theta_j), \quad (17)$$

где $W_j = \sqrt{A_j^2 + B_j^2}$; $\text{tg}\theta_j = \frac{B_j}{A_j}$.

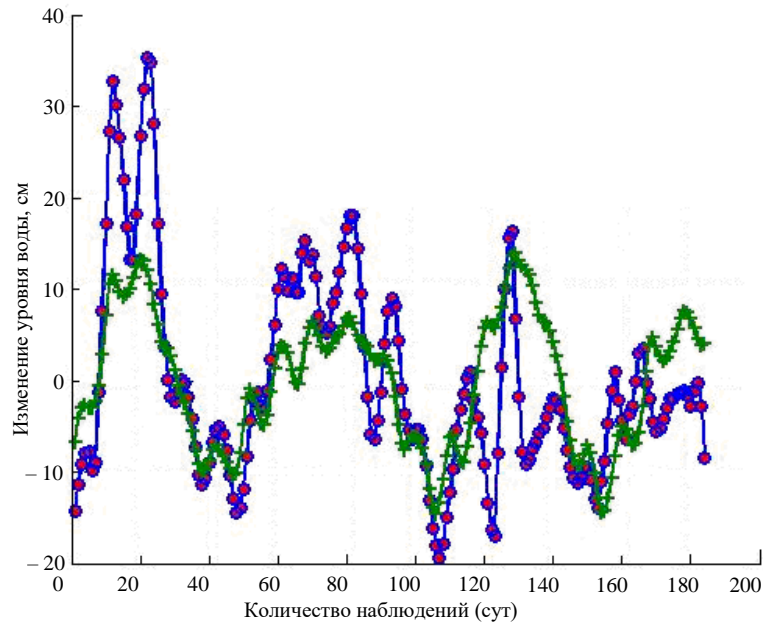


Рис. 3

На рис. 4 показан спектр гармонического ряда, который представлен формулой (17).

Наибольший вклад в колебательный процесс вносят первая и вторая гармоники с амплитудами W_1 и W_2 . Процесс изменения уровня воды р. Быстрица Надворнянская имеет сравнительно небольшую инерцию, о чем свидетельствуют периоды колебаний первой и второй гармоник, которые составляют 54,92 и 38,03 сут. Периоды последующих гармоник убывают до значения 2,35 сут, что обусловлено уменьшением периодичности осадков на протяжении интервала наблюдений (см. рис. 2). Последняя, седьмая гармоника, которая характеризуется наибольшей частотой, имеет незначительную амплитуду, и ее можно удалить без существенной потери точности при выделении гармонического ряда из данных измерений уровня воды р. Быстрица Надворнянская.

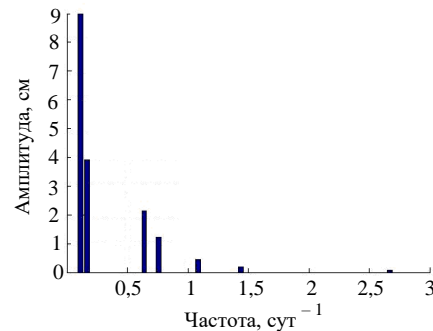


Рис. 4

Заключение

Усовершенствован метод построения полигармонических моделей с некрратными частотами для описания колебательных процессов, в котором использован генетический механизм отбора лучшей модели по критерию внешнего дополнения, что уменьшает затраты машинного времени на его реализацию по сравнению с МГУА. Последовательный отбор частных моделей происходит в направлении их усложнения.

На основе усовершенствованного метода разработан алгоритм и соответствующее программное обеспечение, работоспособность которого подтверждена тестовым и конкретным примерами выделения гармонического ряда при исследовании изменения уровня воды р. Быстрица Надворнянская.

М.І. Горбійчук, Н.В. Сабат, М.А. Шуфнарівч

ПОБУДОВА ПОЛІГАРМОНІЧНИХ МОДЕЛЕЙ З НЕКРАТНИМИ ЧАСТОТАМИ НА ПРИНЦИПАХ ГЕНЕТИЧНИХ АЛГОРИТМІВ ДЛЯ ОПИСУ КОЛИВАЛЬНИХ ПРОЦЕСІВ

Вдосконалено метод побудови гармонічних моделей з некротними частотами складних процесів на базі генетичних алгоритмів, який порівняно з індуктивним методом самоорганізації моделей вимагає менших затрат машинного часу на їх реалізацію. На конкретному прикладі показано, що розроблений метод дає змогу виділити гармонічну складову із часового ряду, отриманого в результаті спостережень за складним процесом.

М.І. Gorbiychuk, N.V. Sabat, M.A. Shufnarovich

CONSTRUCTION OF POLYGARMONIC MODELS WITH NONMULTIPLE FREQUENCIES ON THE PRINCIPLES OF GENETIC ALGORITHMS FOR DESCRIPTION OF VIBRATIONAL PROCESSES

The method of constructing harmonic models with nonmultiple unpredictable frequencies of complex processes based on genetic algorithms is developed, which, in comparison with the inductive method of selforganization of models, allows to reduce significantly the cost of machine time for their implementation. It is shown that the developed method makes it possible to isolate the harmonic component from the time series obtained as a result of observations of a complex process based on the concrete example.

1. Себер Дж. Линейный регрессионный анализ. — М.: Мир, — 1980. — 456 с.
2. Степаико В.С., Булгакова А.С. Обобщенный итерационный алгоритм метода группового учета аргументов // Управляющие системы и машины. — 2013. — № 2. — С. 5–17.
3. Ивахненко А.Г., Степаико В.С. Помехоустойчивость моделирования. — Киев: Наук. думка, — 1985. — 216 с.
4. Ивахненко А.Г., Юрачковский Ю.П. Моделирование сложных систем по экспериментальным данным. — М.: Радио и связь, — 1987. — 120 с.
5. Висоцький В.М., Ивахненко О.Г., Чеберкус В.І. Довгострокове прогнозування коливальних процесів за допомогою виділення гармонічного тренду оптимальної складності за критерієм балансу змінних // Автоматика. — 1975. — № 1. — С. 23–31.
6. Ивахненко А.Г. Индуктивный метод самоорганизации моделей сложных систем. — Киев: Наук. думка, — 1981. — 286 с.
7. Ивахненко А.Г. Долгосрочное прогнозирование и управление сложными системами. — Киев: Техніка, 1975. — 312 с.
8. Вержбицкий В.М. Основы численных методов. — М.: Высш. шк., 2002. — 840 с.
9. Справочник по типовым программам моделирования / А.Г. Ивахненко, Ю.В. Коппа, В.С. Степашко и др. — Киев: Техніка, 1980. — 184 с.
10. Горбійчук М.І., Шуфнарівч М.А. Метод побудови математичних моделей складних процесів на засадах генетичних алгоритмів // Інформаційні проблеми комп'ютерних систем, юриспруденції, енергетики, економіки, моделювання та управління: матеріали міжнародної проблемно-наукової міжгалузевої конференції, м. Бучач, 01–04 червня 2010 р. — Бучач, 2010. — С. 328–332.
11. Рутковская Д., Пилиньский М., Рутковский Л. Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечеткие системы. — М.: Горячая линия-Телеком, 2004. — 452 с.
12. Богатырев М.Ю. Инварианты и симметрии в генетических алгоритмах. — http://www.raai.org/conference/cai-08/files/cai-08_paper_287.pdf.
13. Гладков Л.А., Купрейчик В.В., Купрейчик В.М. Генетические алгоритмы. — М.: Физматлит, 2006. — 320 с.
14. Кошулько А.А., Кошулько А.И. Тестирование полигармонического алгоритма МГУА // Управляющие системы и машины. — 2003. — № 2. — С. 87–92.
15. Паланичко О.В. Особливості руслоформування річок басейну р. Бистриці. — http://www.nbuv.gov.ua/portal/Soc_Gum/Nzvdp/geo/2008_15/osoblvosti%20rusloformyvannya.pdf
16. Корн Г., Корн Т. Справочник по математике для научных работников и инженеров. — М.: Наука, 1970. — 720 с.

*Получено 16.03.2017
После доработки 07.06.2018*