

ПРОГРАМНИЙ КОМПЛЕКС ДЛЯ МОДЕЛЮВАННЯ ПРОЦЕСІВ БРОДІННЯ В БІОГАЗОВИХ УСТАНОВКАХ

У статті розроблено програмний комплекс для моделювання на кожній стадії процесу анаеробного мікробіологічного бродіння в біогазових установках. Створено програмне забезпечення на конкретну область, що реалізує вузький спектр функціональних можливостей і тому він є унікальним. Водночас, цей програмний комплекс дозволяє на основі алгоритму бджолоїної колонії розв'язувати задачі структурної ідентифікації макромоделей у вигляді інтервальної дискретної динамічної моделі.

Ключові слова: анаеробне мікробіологічне бродіння, біогазова установка, інтервальна дискретна динамічна модель, структурна та параметрична ідентифікація, програмний комплекс.

I.V. HURAL, N.P. PORPLYTSYA
Ternopil National Economic University

SOFTWARE FOR MODELING FERMENTATION PROCESSES AT BIOGAS PLANTS

In the article software for modeling of anaerobic microbial fermentation process at each stage at biogas plants was developed. Software created for a specific area. It implements a narrow range of functionality and it is unique. However, this software package allows through bee colony algorithm to solve the problem of structural identification of macro-models in the form of interval discrete dynamic model.

Keywords: anaerobic microbial fermentation, biogas plant, interval discrete dynamic model, structure and parametric identification, the software.

Вступ

В сучасних умовах економічного розвитку України актуальною є задача утилізації твердих побутових органічних відходів за допомогою біогазових установок (БГУ), які дають змогу разом із розв'язанням екологічної проблеми отримувати високоефективні органічні добрива та енергію у вигляді біогазу [1].

В основних елементах БГУ проходять складні тепломасообмінні процеси на різних стадіях метанового бродіння. Такі процеси визначені і описані в працях [2, 3], проте в БГУ часто виникають проблеми недотримання технологічних вимог, при яких недотримується і баланс продуктів на кожній стадії процесу анаеробного мікробіологічного бродіння.

За таких умов актуальною є задача побудови моделей для різних стадій анаеробного мікробіологічного бродіння в біогазовій установці, які дозволять спрогнозувати концентрацію ацетату на початковій стадії бродіння (ацидогенезу), відсоток малої субоднини (МСО) рНК кислотоутворюючих бактерій на стадії ацетогенезу та відсоток МСО рНК метаноутворюючих бактерій на стадії метаногенезу, що дасть змогу забезпечити максимальний вихід біогазу.

Побудова зазначеного класу моделей забезпечить можливість підбору оптимальних технологічних чинників процесу бродіння у БГУ.

У працях [4, 5] запропоновано та обґрунтовано побудову зазначених моделей у вигляді інтервальних дискретних динамічних моделей (ІДДМ). Однак, при побудові ІДДМ будь яких об'єктів та процесів постає задача як структурної, так і параметричної ідентифікації [6]. Для розв'язання задачі структурної ідентифікації ІДДМ застосовують методи індуктивного моделювання, які ґрунтуються на аналогіях із поведінкової моделі бджолоїної колонії [7, 12], а для розв'язання задач параметричної ідентифікації ІДДМ – методи випадкового пошуку із застосуванням направляючого конуса Растрігіна [8, 13]. Зазначені методи характеризуються низькою часовою складністю при розв'язуванні зазначеного класу задач, що обґрунтовує доцільність їх використання при побудові моделей для прогнозування виходу основних продуктів на різних стадіях процесу анаеробного мікробіологічного бродіння в біогазовій установці.

Зазначимо, що у праці [9] розглянуто програмний комплекс для структурно параметричної ідентифікації ІДДМ у режимі реального часу із застосування зазначених методів. Однак зазначений комплекс передбачає побудову моделей у вигляді ІДДМ із врахуванням управляючих факторів із використанням методу структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолоїної колонії. У випадку ж побудови моделей для прогнозування виходу основних продуктів на різних стадіях процесу анаеробного мікробіологічного бродіння в БГУ врахування управляючих факторів є недоцільним, що унеможливує використання зазначеного програмного комплексу для розв'язування цієї задачі. Крім того, зазначене програмне забезпечення реалізує вузький спектр функціональних можливостей. В зв'язку з цим виникає задача створення програмного комплексу для моделювання цих процесів в біогазових установках. Водночас, при реалізації програмного продукту для моделювання процесів бродіння необхідно реалізувати функціонал не лише для структурної ідентифікації моделі для конкретного етапу бродіння, а й функціонал для застосування знайденої моделі для прогнозування, а також розробити модуль для графічного

Постановка задачі

Розглянемо математичне формування задачі структурної ідентифікації математичної моделі об'єкта з розподіленими параметрами у вигляді дискретної динамічної моделі:

$$v_k = \bar{f}^T(v_0, \dots, v_{k-1}) \cdot \bar{g}, \quad k = p, \dots, K, \quad (1)$$

де $\bar{f}^T(\bullet)$ - вектор невідомих базисних функцій (відомого класу), що визначає структуру дискретної динамічної моделі; символ (\bullet) означає набір базисних функцій в рівнянні (2); v_k – концентрація ацетату (у випадку моделювання на стадії ацидогенезу); відсоток малої субодиниці (МСО) рРНК кислотоутворюючих бактерій (у випадку моделювання на стадії ацетогенезу); відсоток МСО рРНК метаноутворюючих бактерій (у випадку моделювання на стадії метаногенезу) в часовій дискреті $k = p, \dots, K$; $\bar{g} = (g_1, \dots, g_i)^T$ – вектор невідомих параметрів дискретної динамічної моделі.

Дискретні динамічні моделі для кожного із етапів ... отримуватимемо у вигляді (1) на основі аналізу експериментальних даних, які представлено в інтервальному вигляді. Вектор оцінок параметрів $\hat{\bar{g}}$ та вектор базисних функцій $\bar{f}^T(\bullet)$ у виразі (1) отримуватимемо у такий спосіб, щоб забезпечити виконання умов [5]:

$$[\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+] \subseteq [v_k^-; v_k^+], \quad \forall k = 1 \dots N, \quad (2)$$

де $[v_k^-; v_k^+]$ - інтервал можливих значень концентрації ацетату (на стадії ацидогенезу); відсотку МСО рРНК кислотоутворюючих бактерій (на стадії ацетогенезу); відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій (на стадії метаногенезу) в часовій дискреті $k = p, \dots, K$, $[\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+]$ - інтервальні оцінки прогнозованої характеристики, які отримуватимемо на основі інтервальної дискретної динамічної моделі (ІДДМ) у такому загальному вигляді:

$$[\hat{v}_k] = [\hat{v}_k^-; \hat{v}_k^+] = \bar{f}^T([\hat{v}_0^-; \hat{v}_0^+], \dots, [\hat{v}_{k-1}^-; \hat{v}_{k-1}^+]) \cdot \hat{\bar{g}}. \quad (3)$$

Виконання умов (2) забезпечує можливість знаходження ІДДМ у вигляді (1) із гарантованими прогностичними властивостями [5].

Нехай λ_s поточна структура інтервальної дискретної динамічної моделі [7]:

$$\lambda_s = \{f_1^s(\bullet) \cdot g_1^s; f_2^s(\bullet) \cdot g_2^s; \dots; f_{m_s}^s(\bullet) \cdot g_{m_s}^s\} \subset \Lambda, \quad (4)$$

де $\bar{f}^s = \{f_1^s(\bullet); f_2^s(\bullet); \dots; f_{m_s}^s(\bullet)\} \subset F$ набір структурних елементів, що задає поточну s -ту структуру ІДДМ; $m_s \in [I_{\min}; I_{\max}]$ – кількість елементів у поточній структурі λ_s ; F – множина усіх структурних елементів, $F = \{f_1(\bar{v}_{k-1}); \dots; f_l(\bar{v}_{k-1}); \dots; f_L(\bar{v}_{k-1})\}$, де $|F| = L$ (потужність множини F); $\bar{g}^s = \{g_1^s; g_2^s; \dots; g_{m_s}^s\}$ – вектор невідомих значень параметрів.

Тоді задача структурної ідентифікації полягає у пошуку структури λ_0 ІДДМ у вигляді (4) у такий спосіб щоб забезпечити виконання умов (3), тобто забезпечувати належність інтервальних оцінок прогнозованого значення концентрації ацетату до інтервалів допустимих значень концентрації ацетату (на стадії ацидогенезу); прогнозованого значення відсотку МСО рРНК кислотоутворюючих бактерій до інтервалів допустимих значень відсотку МСО рРНК кислотоутворюючих бактерій (на стадії ацетогенезу); прогнозованого значення відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій до інтервалів допустимих значень відсотку МСО рРНК метаноутворюючих бактерій (на стадії метаногенезу) на множині усіх дискрет.

Тепер задачу структурної ідентифікації ІДДМ можна подати формально у вигляді задачі знаходження мінімуму функції мети $\delta(\lambda_s)$ [12]:

$$\delta(\lambda_s) \xrightarrow{\hat{\bar{g}}^s, \bar{f}^s(\bullet)} \min, \quad m_s \in [I_{\min}; I_{\max}], \quad \bar{f}^s(\bullet) \in F. \quad (5)$$

Значення функції мети $\delta(\lambda_s)$ для конкретної структури ІДДМ $\delta(\lambda_s)$ кількісно визначає наближеність поточної структури до задовільної в сенсі умов (3) [7]. У випадку, якщо значення функції мети обчислене для конкретної структури ІДДМ дорівнює нулю, то структура ІДДМ дає можливість побудувати адекватну модель для конкретної стадії процесу анаеробного мікробіологічного бродіння.

Методи ідентифікації

Структурна ідентифікація ІДДМ

Як уже зазначалося раніше, для розв'язування задачі структурної ідентифікації ІДДМ використовуватимемо відомий метод індуктивного моделювання, що ґрунтуються на аналогіях із

поведінкової моделі бджолиної колонії [7]. Вказаний метод структурної ідентифікації забезпечує можливість знаходження простих моделей із гарантованими прогностичними властивостями та водночас характеризується нижчою обчислювальною складністю у порівнянні з іншими відомими методами [11].

Як зазначено в праці [12], для налаштування методу структурної ідентифікації ІДДМ необхідно налаштувати такі параметри: M_{CN} (максимальна кількість ітерацій), $LIMIT$ (значення «критерію вичерпаності»), S (початкову кількість структур ІДДМ), $[I_{\min}; I_{\max}]$ (мінімальне I_{\min} та максимальне I_{\max} значення кількості структурних елементів у структурі ІДДМ λ_s) та множину структурних елементів F .

Після цього, використовуючи процедури-аналоги основних кроків алгоритму бджолиної колонії, з початкового набору структур ІДДМ послідовно формують «нові» структури моделей, при цьому для кожної з них будують функцію мети і розв'язують задачу мінімізації [7]. Таке формування «нових» моделей-претендентів здійснюють враховуючи заданий початковий набір структурних елементів та з послідовним використанням операторів генерування та селекції структур моделей методу структурної ідентифікації $P_S(\Lambda_{mcp}, F)$, $D_2(\lambda_s, \Lambda'_s)$, $P_N(F, I_{\min}, I_{\max})$, запропонованих та описаних у праці [12]. Це забезпечує отримання послідовності структур ІДДМ, одна чи кілька з яких у кінцевому випадку забезпечують виконання умови (2) для всіх дискретних значень.

Отже, зазначений метод структурної ідентифікації на основі поведінкових моделей бджолиної колонії побудований у такий спосіб, щоб забезпечити зменшення значень функції мети моделей-претендентів на кожній наступній ітерації застосування методу. Водночас, умовою завершення процедури структурної ідентифікації є рівність: $\delta(\lambda_s)=0$.

Параметрична ідентифікація ІДДМ

Як уже зазначалося у постановці задачі, для кожної сформованої на основі методу структурної ідентифікації структури ІДДМ необхідно провести процедуру параметричної ідентифікації. Для цього будемо використовувати метод пераметричної ідентифікації на основі випадкового пошуку із застосуванням направляючого конуса Растрігіна [8,13].

На кожному кроці цього методу пошуку будують гіперконус із вершиною у точці \hat{g}_l , кутом розкриття ψ і віссю \vec{w} . Цей гіперконус «відсікає» від гіперсфери з центром у точці \hat{g}_l і радіусом r деяку поверхню. На отриманій поверхні обирають m випадкових точок за рівномірним законом розподілу, обчислюють у цих точках значення функції мети. Далі обирають точку \hat{g}_{l+1} , у якій значення функції мети найменше та визначають вектор пам'яті за формулою [13]:

$$\vec{w}_{l+1} = \alpha \cdot \vec{w}_l + \beta \cdot \frac{\hat{g}_{l+1} - \hat{g}_l}{r}, \quad (6)$$

де α - ($0 \leq \alpha \leq 1$) – коефіцієнт забування, а β – коефіцієнт інтенсивності врахування нової інформації.

Пошук продовжують поки зменшується значення функції мети. Якщо функція мети не зменшується, то зменшують довжину кроку r . Зауважимо, що пошук зупиняють при досягненні необхідного значення функції мети або за бажанням дослідника.

Проектування програмного комплексу для окремих етапів анаеробного мікробіологічного бродіння

Метою даної праці є розробка програмного забезпечення для зазначеного методу для пошуку структури математичної моделі процесів анаеробного мікробіологічного бродіння в біогазових установках у вигляді інтервальної дискретної динамічної моделі.

Провівши аналіз вимог до системи виділимо наступні варіанти використання, які зображено на рис. 1.

Користувач за допомогою програмного продукту зможе побудувати модель для конкретної стадії процесу анаеробного мікробіологічного бродіння, а також провести прогнозування по вибраній стадії процесу бродіння на основі уже відомої конкретної ІДДМ.

При побудові моделі для конкретної стадії процесу користувач може легко ввести експериментальні дані, задати початкові параметри налаштування, задати степінь полінома та порядок ІДДМ. А далі, на основі введених параметрів реалізації методу відбувається структурна ідентифікація моделі, де функція «Формування набору структурних елементів» автоматично формуватиме масив усіх можливих структурних елементів. Тоді функція «Параметрична ідентифікація моделі» реалізує метод параметричної ідентифікації на основі методу випадкового пошуку із застосуванням направляючого конуса Растрігіна, а функція «Виведення та збереження структури моделі» забезпечує можливість зупинки програми у процесі роботи програми. Функція «Побудова коридору динаміки вихідної характеристики» буде коридор динаміки вихідної характеристики у вигляді графіка.

При прогнозуванні по вибраній стадії процесу бродіння користувач може обрати модель, ввести початкові дані, а функція «Побудова коридору прогнозованих інтервальних значень вихідної характеристики» дає змогу зобразити прогнозовані інтервальні значення вихідної характеристики графічно.

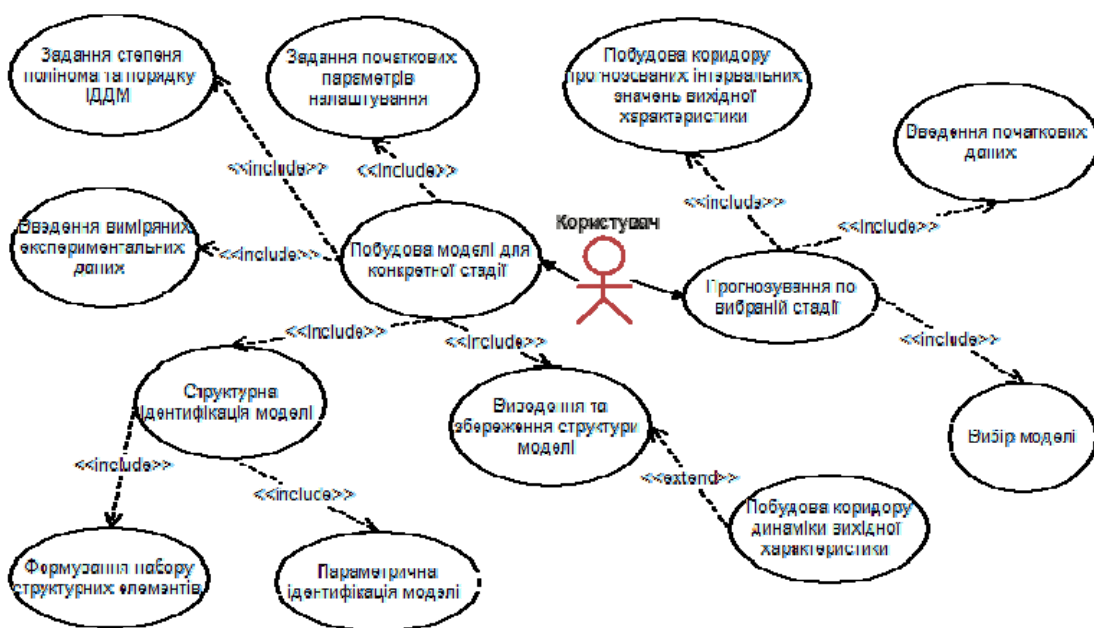


Рис. 1. Функціональна модель розроблюваного програмного комплексу для моделювання процесу бродіння на всіх його окремих етапах

Програмний комплекс для автоматизації побудови моделі для конкретної стадії процесу анаеробного мікробіологічного бродіння, а також для прогнозування по вибраній стадії процесу бродіння ІДДМ розроблено із використанням об'єктно-орієнтованого підходу.

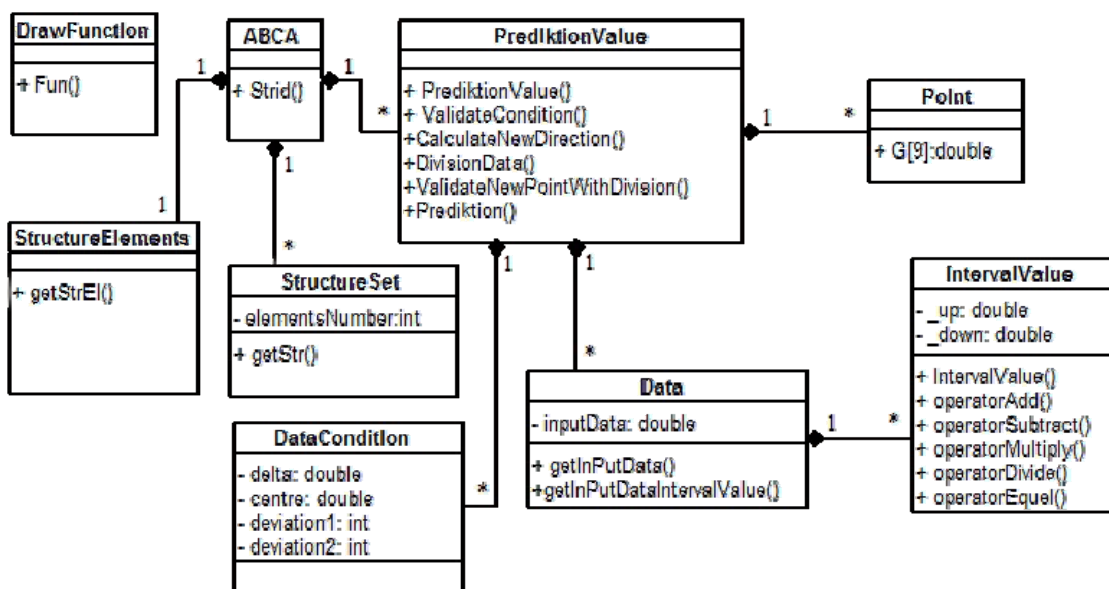


Рис. 2. Об'єктно-орієнтована модель програмного комплексу для моделювання та прогнозування вихідних продуктів бродіння в біогазовій установці

Для реалізації програмного комплексу було застосовано технологію .NET, мову програмування C# та використано інтегроване середовище розробки програмних продуктів Microsoft Visual Studio.

На рис. 2 показано об'єктно-орієнтовану модель програмного комплексу для структурної ідентифікації ІДДМ на основі поведінкових моделей бджолиної колонії та для параметричної ідентифікації на основі методу випадкового пошуку із застосуванням направляючого конуса Растрігіна.

Для зручності використання програмного комплексу було розроблено графічний інтерфейс для введення даних та виведення структур ІДДМ для процесу анаеробного мікробіологічного бродіння, а також для візуалізації результатів прогнозування та моделювання, який представлено на рис. 3-9. Розглянемо детальніше особливості реалізації інтерфейсу програмного комплексу на прикладі задачі структурно-параметричної ідентифікації моделі зброджування твердих побутових органічних відходів у біогазових установках на стадії ацетогенезу.

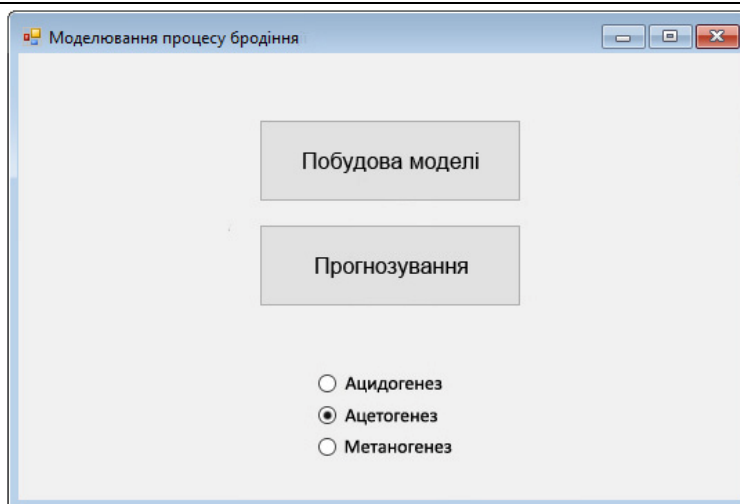


Рис. 3. Вікно моделювання процесу бродіння

На рис. 3 зображено вікно вибору подальшої операції для конкретної стадії процесу бродіння. Для початку користувачу потрібно вибрати стадію процесу бродіння (в даному випадку обираємо стадію ацетогенезу), а тоді він може вибрати подальшу дію програми: побудувати модель чи спрогнозувати дані по вибраній стадії. Якщо користувач обирає функцію «Побудова моделі» програма завантажить вікно введення експериментальних даних та початкових параметрів налаштування. Спочатку вводимо *похибку відхилення даних*, яка визначає величину похибки вимірювань істинних значень прогнозованої характеристики (значення повинно лежати в межах від 0 до 1), та *умову відхилення похибки*, що визначає величину похибки для задання початкових умов (значення повинно лежати в межах від 0 до 1) та кількість днів спостереження. Далі у вікні динамічно генеруються задана кількість комірок, які необхідно заповнити експериментальними даними (рис. 4).

88	85	84	81	78	81	82	84	86	89	91
90	88	88	87	88	88	89	90	91	92	91
91	90	89	87	83	80	76	78	80	79	79
78	76	77	78	79	80	81	82	82	82	80
77	75	75	75	75	75	74	74	73	73	72

Рис. 4. Вікно введення експериментальних даних та початкових параметрів налаштування

Після цього, натиснувши «Далі» програма завантажить наступне вікно (див. рис. 5), де користувачу потрібно ввести степінь полінома та порядок ІДДМ, який визначає початкові умови для реалізації методу структурної ідентифікації ІДДМ. Також у цьому вікні нам потрібно ввести початкові параметри реалізації методу структурної ідентифікації ІДДМ, заповнивши усі поля: початкову кількість структур ІДДМ – S , кількість структурних елементів у структурі ІДДМ – $[I_{\min}; I_{\max}]$, максимальну кількість ітерацій алгоритму – MCN , максимальну можливу кількість ітерацій «незмінності» структури – $LIMIT$.

Ввівши усі необхідні дані та натиснувши на кнопку «Далі», запустивши при цьому функцію «Структурна ідентифікація моделі», програма здійснює процес етапу структурної та параметричної ідентифікації ІДДМ. Через деякий проміжок часу, як тільки буде знайдено результат, який задовольняє умови (2), користувачу завантажиться вікно з вказаною структурою та із знайденими її параметрами (як показано на рис. 6).

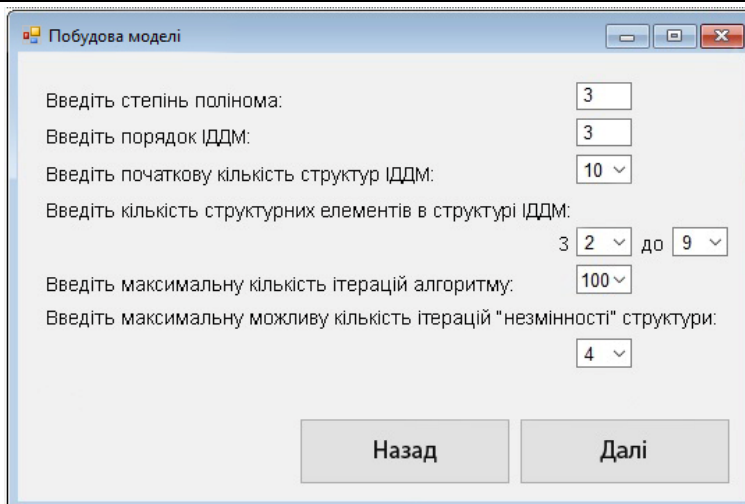


Рис. 5. Вікно введення початкових параметрів реалізації методу структурної ідентифікації ІДДМ

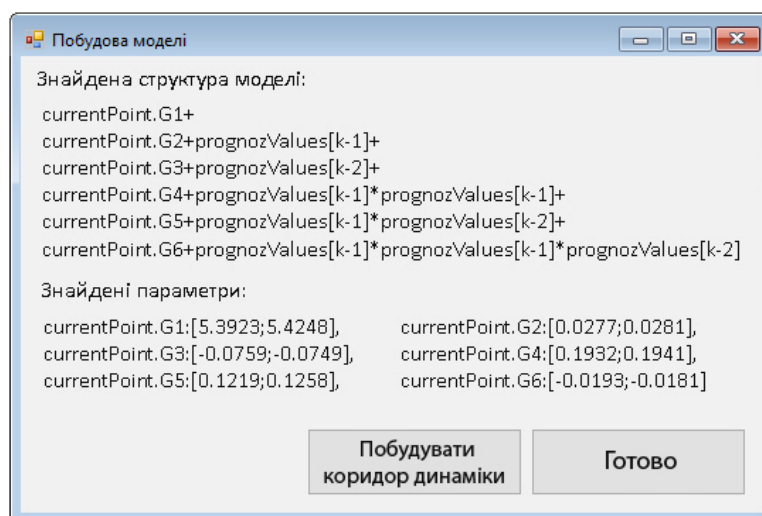


Рис. 6. Вікно програми з результатами моделювання

Програма також надає можливість побудувати коридор динаміки відсотку МСО рРНК кисло утворюючих бактерій. Користувачу потрібно натиснути на кнопку «Побудувати коридор динаміки» і програма завантажить вікно, де буде зображено коридор динаміки відсотку МСО рРНК кисло утворюючих бактерій (рис. 7). В іншому випадку можна закрити програму натиснувши кнопку «Готово».

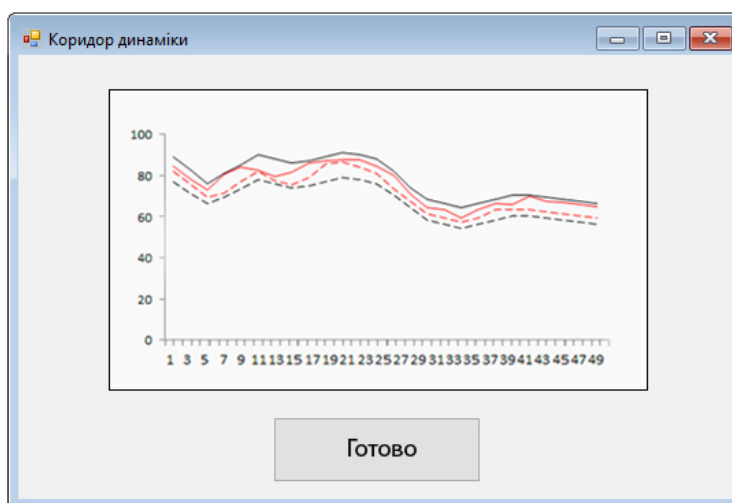


Рис. 7. Вікно коридору динаміки відсотку МСО рРНК кислоутворюючих бактерій

Повернемося до рис. 3, де користувач вибирає функцію «Прогнозування». Тоді ж програма завантажить вікно прогнозування по вибраній стадії процесу бродіння (в даному випадку – ацетогенезу), де обравши модель для прогнозування на цій стадії та ввівши початкові дані, користувач може розпочати

прогнозування натиснувши кнопку «Розпочати прогнозування» (рис. 8).

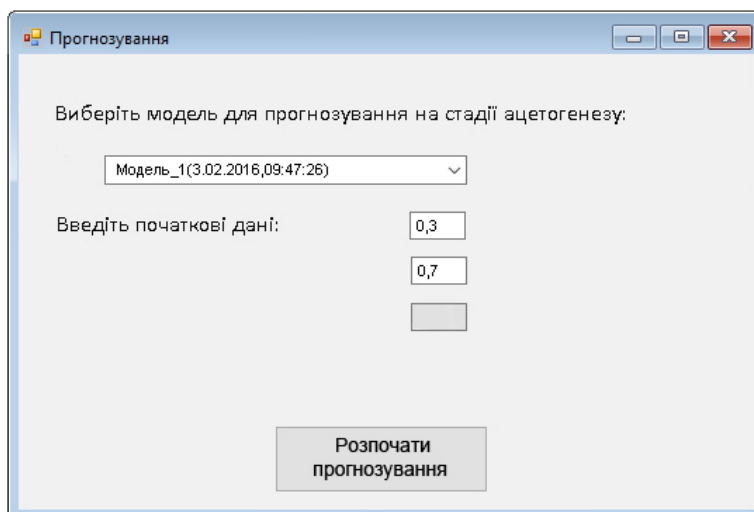


Рис. 8. Вікно прогнозування по вибраній стадії процесу бродіння

Тоді програма побудує коридор прогнозованих інтервальних значень відсотку МСО рНК кислотоутворюючих бактерій (рис. 9)



Рис. 9. Коридор прогнозованих інтервальних значень відсотку МСО рНК кислотоутворюючих бактерій

Висновки

Розроблено програмний комплекс для моделювання на кожній стадії процесу анаеробного мікробіологічного бродіння в біогазових установках.

Таке програмне забезпечення створено на конкретну область, що реалізує вузький спектр функціональних можливостей і тому він є унікальним. Водночас, цей програмний комплекс дозволяє на основі алгоритму бджолиної колонії розв'язувати задачі структурної ідентифікації макромоделей у вигляді ІДДМ.

Тестування розробленої програмної системи проводили на прикладі задачі структурної ідентифікації макромоделі процесу анаеробного мікробіологічного бродіння твердих побутових відходів у біогазовій установці на стадіях ацидогенезу, ацетогенезу та метаногенезу. Результати цього тестування показали, що програма працює правильно.

Література

1. Hural, M. Dyvak, P. Stakhiv. Macromodelling of fermentation process of municipal solid organic waste at biogas plants on the acidogenesis stage. *Journal of Applied Computer Science*, 2016.
2. Гураль І.В. Біохімічний аналіз процесів в біогазових установках та його застосування в задачі макромоделювання процесів виробництва біогазу / І.В. Гураль, М.П. Дивак // Міжнародний науково-технічний журнал «Вимірювальна та обчислювальна техніка в технологічних процесах». – Хмельницький, 2014 – С.152-158.
3. Гураль І.В. Модель неавтономної системи виробництва біогазу та метод її ідентифікації / І.В.

- Гураль, Дивак М.П., Піговський Ю.Р. // Науковий журнал «Вісник Кременчуцького національного університету імені Михайла Остроградського». – Кременчук, 2015. – Вип. 3/2015 (92) – С.129-136.
4. Дивак М. Ідентифікація параметрів моделей «вхід–вихід» динамічних систем на основі інтервального підходу / М. Дивак, П. Стахів, І. Калішчук // Вісник Тернопільського державного технічного університету. — 2004. —Т. 9, № 4. — С. 109–117.
 5. Дивак М. П. Задачі математичного моделювання статичних систем з інтервальними даними. – Тернопіль: Видавництво ТНЕУ «Економічна думка», 2011. – 216 с. – ISBN 978-966-654-283-3.
 6. Ивахненко А.Г. Долгосрочное прогнозирование и управление сложными системами. – Киев: "Техника", 1975. – 311 с
 7. Порплиця Н. П., Дивак М. П. Синтез структури інтервального різницевого оператора за використанням алгоритму бджолоїної колонії // Індуктивне моделювання складних систем. – 2013. – Вип. 5. – С. 256–269.
 8. Растрингін Л.А. Адаптація складних систем / Л.А. Растрингін - Рига: Зинатне, 1981,- 359 с.
 9. Порплиця Н. П. Реалізація методу структурної ідентифікації інтервальних різницевих операторів на основі алгоритму поведінки бджолоїної колонії / Н. П. Порплиця, М. П. Дивак // Вісник Кременчуцького національного університету імені Михайла Остроградського. – 2015. – Вип. 4(93). – С. 34-40.
 10. Дивак, Т. М. Практичні аспекти застосування методу та алгоритму параметричної ідентифікації дискретних динамічних систем з інтервальною невизначеністю [Електронний ресурс] / Т. М. Дивак, Ю. Р. Піговський, М. П. Дивак, Є. О. Марценюк // Індуктивне моделювання складних систем. – 2010. – Вип. 2. – С. 39-49.
 11. Порплиця Н. П. Порівняльний аналіз ефективності генетичного та "бджолоїного" алгоритмів у задачі структурної ідентифікації інтервального різницевого оператора // Інформаційні технології та комп'ютерна інженерія. – 2015. – № 1. – С. 55–67.
 12. Porplytsya N. Method of structure identification for interval difference operator based on the principles of honey bee colony functioning / N. Porplytsya, M. Dyvak, T. Dyvak // Computational Problems of Electrical Engineering. – 2014. – Vol. 4, №2. – P. 57-68.
 13. Дивак Т. М. Параметрична ідентифікація інтервального різницевого оператора на прикладі макромоделі розподілу вологості у листі гіпсокартону в процесі його сушіння / Т. М. Дивак // Інформаційні технології та комп'ютерна інженерія : міжнар. наук.–техн. журнал. – 2012. – Вип. 3. – С. 79–85.

References

1. Hural, M. Dyvak, P. Stakhiv. Macromodelling of fermentation process of municipal solid organic waste at biogas plants on the acidogenesis stage. Journal of Applied Computer Science, 2016.
2. Hural I. The biochemical analysis of the processes at biogas plants and its implementation in macro modelling biogas production process problem / I. Hural, M. Dyvak // International scientific journal "Measuring and computing in technological processes." - Khmelnytsky, 2014 - S.152-158. (in Ukrainian).
3. Hural I. Non-autonomous model of biogas production and method of its identification / I. Hural, M. Dyvak, Yu. Pigovsky // Scientific journal "Journal of Kremenchuk University".- Kremenchuk, 2015. - Vol. 3/2015 (92) - S.129-136. (in Ukrainian)
4. Dyvak M. Identification of the models "input-output" dynamic systems using interval approach / M. Dyvak, P. Stakhiv, I. Kalishchuk // Bulletin of Ternopil State Technical University. - 2004. -Т.9, № 4. - P. 109-117. (in Ukrainian).
5. Dyvak M. Problems of mathematical modeling of static systems with interval data. - Ternopil: Publisher TNEU "Economic Thought", 2011. - 216 p. - ISBN 978-966-654-283-3. (in Ukrainian).
6. Ivakhnenko A.G. Long-term forecasting and control of complex systems. - Kiev: Tehnika, 1975. - 311 p. (in Russian.)
7. Porplytsya, N. and Dyvak, M., Synthesis of Structure of Interval Difference Operator Using Artificial Bee Colony Algorithm, Inductive Modeling of Complex Systems, Vol. 5, 2013, pp. 256–269. (in Ukrainian).
8. L. A. Rastrigin. Adaptation of complex systems / L.A. Rastrigin - Riga: Zynatne, 1981 - 359 p.
9. Porplytsya N.P. Realization of structural identification method interval difference operators based on algorithm behavior of bee colonies / N.P. Porplytsya, M.P. Dyvak // Scientific journal "Journal of Kremenchuk University".- Kremenchuk, 2015.. - Vol. 4 (93). - С. 34-40. (in Ukrainian).
10. Dyvak T.M. Practical aspects of the method and algorithm parameter identification of discrete dynamic systems with uncertainty interval [electronic resource] / T.M Dyvak, Ya.R. Pigovsky, M.P. Dyvak, Ye.O. Martsenyuk // Inductive modeling of complex systems. - 2010 - Vol. 2. - P. 39-49. (in Ukrainian).
11. Porplytsya N.P. Comparative analysis of genetic and bee's algorithm in the problem of structure identification of interval difference operator // Information technologies and computer engineering. - 2015. - № 1. - P. 55-67. (in Ukrainian).
12. N. Porplytsya. Method of structure identification for interval difference operator based on the principles of honey bee colony functioning / N. Porplytsya, M. Dyvak, T. Dyvak // Computational Problems of Electrical Engineering. – 2014. – Vol. 4, №2. – P. 57-68.
13. Dyvak T.M.. Parametric identification of interval difference operator for example macromodel moisture distribution in drywall sheets in the process of drying / T.M. Dyvak // Information technology and computer engineering. – 2012. – № 3. – P. 79-85. (in Ukrainian).

Рецензія/Peer review : 29.9.2016 р.

Надрукована/Printed : 8.11.2016 р.

Стаття рецензована редакційною колегією