

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
ДЕРЖАВНИЙ ВИЩИЙ НАВЧАЛЬНИЙ ЗАКЛАД
“ДОНЕЦЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ ТЕХНІЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ”



ТЕПЛИНСЬКИЙ КОСТЯНТИН СЕРГІЙОВИЧ

УДК 004.942:517.9

**ПАРАЛЕЛЬНЕ КОМП'ЮТЕРНЕ МОДЕЛЮЮЧЕ СЕРЕДОВИЩЕ,
ОРІЄНТОВАНЕ НА ІДЕНТИФІКАЦІЮ ПАРАМЕТРІВ МОДЕЛЕЙ
СКЛАДНИХ ДИНАМІЧНИХ СИСТЕМ**

Спеціальність 05.13.05 – Комп'ютерні системи та компоненти

АВТОРЕФЕРАТ
дисертації на здобуття наукового ступеня
кандидата технічних наук

Красноармійськ – 2016

ДИСЕРТАЦІЄЮ Є РУКОПИС. РОБОТУ ВИКОНАНО В ДЕРЖАВНОМУ ВИЩОМУ НАВЧАЛЬНОМУ ЗАКЛАДІ «ДОНЕЦЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ ТЕХНІЧНИЙ УНІВЕРСИТЕТ» МІНІСТЕРСТВА ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ.

Науковий керівник: доктор технічних наук, професор
Святний Володимир Андрійович,
ДВНЗ «Донецький національний технічний університет», м. Красноармійськ,
завідувач кафедри «Комп'ютерна інженерія».

Офіційні опоненти:

доктор технічних наук, професор
Самойлов Віктор Дмитрович, Інститут проблем
моделювання в енергетиці ім. Г.Є. Пухова
Національної академії наук України (м. Київ),
головний науковий співробітник

кандидат технічних наук, доцент
Кудерметов Равіль Камілович,
Запорізький національний технічний університет,
завідувач кафедри «Комп'ютерні системи та мережі» .

Захист відбудеться **21 вересня 2016 р. об 11:00** на засіданні спеціалізованої вченої ради Д 11.052.03 ДВНЗ «Донецький національний технічний університет» за адресою: 85300, м. Красноармійськ, пл. Шибанкова, 2, корп.1, ауд. 1.211.

З дисертацією можна ознайомитися в бібліотеці ДВНЗ «Донецький національний технічний університет» за адресою 85300, м. Красноармійськ, пл. Шибанкова, 2.

Автореферат розісланий 08 серпня 2016 р.

Вчений секретар
спеціалізованої вченої ради Д 11.052.03
кандидат технічних наук, доцент



Г.В. Мокрий

ЗАГАЛЬНА ХАРАКТЕРИСТИКА РОБОТИ

Актуальність теми. Паралельні комп'ютерні системи відкривають нові можливості в вирішенні задач моделювання складних динамічних систем з зосередженими (СДСЗП) і розподіленими параметрами (СДСРП) в усіх без винятку предметних областях – від видобувних і технологічних галузей промисловості, машинобудування, електротехніки й електроніки, інформаційно-вимірювальної техніки, охорони довкілля до процесів клітинної й молекулярної динаміки в біотехнологіях, в медицині, в біомеханіці живих організмів. Системною організацією ефективного використання паралельних обчислювальних ресурсів займається нова інтердисциплінарна область досліджень – «Технології паралельного моделювання» (Parallel Simulation Technology, ParSimTech). Центральною ParSimTech-проблемою є побудова розподілених паралельних моделюючих середовищ (РПМС) з повнофункціональним апаратно-програмним та алгоритмічним забезпеченням комп'ютерної підтримки всіх етапів математичного моделювання.

Розробка універсальних і проблемно-орієнтованих РПМС належить до актуальних пріоритетів побудови європейської дослідницької інфраструктури і виконується в рамках програми «Горизонт-2020». В модельно-комп'ютерному забезпеченні предметних областей «Системна біологія» та «Хімічні технології» провідну роль відіграють методи та засоби вирішення задач ідентифікації параметрів моделей біологічних і хімічних процесів. Моделі об'єктів цих предметних областей, як правило, є динамічними і нелінійними, тому для них не існує загального аналітичного рішення і необхідно використовувати нелінійні оптимізаційні підходи, де оцінювання відстані між прогнозами моделі та експериментальними даними використовується як критерій оптимальності, який необхідно мінімізувати.

Одним з ефективних стохастичних методів оптимізації, який успішно використовується в системній біології, є генетичний алгоритм (ГА). Однак, питанням застосування ГА для ідентифікації параметрів біологічних і хімічних моделей не приділялось належної уваги, за даними деяких авторів він програє по ефективності іншим поширеним стохастичним методам оптимізації (наприклад, еволюційним стратегіям). Тому існує необхідність детального дослідження його використання в цій галузі.

Розробці паралельних комп'ютерних методів і засобів моделювання присвячена велика кількість робіт вітчизняних та зарубіжних вчених, серед них роботи Александровського М.М., Вульмана Ф.А., Дмитрієвої О.А., Єгорова С.В., Іванова В.А., Кузіна Р.Е., Профоса П., Реша М., Ротача В.Я., Рущинського В.М., Серова Е.П., Стиріковича М.О., Фельдмана Л.П., Хорькова М.С., Швачича Г.Г., Шевякова О.О. і багатьох інших.

Зростаючий рівень складності моделей об'єктів системної біології та хімічних технологій зумовлює необхідність алгоритмічної й апаратно-програмної розробки систем «Модель-Симулятор-Оптимізатор» з пошуком нових підходів до зменшення кількості обчислень на основі гібридних еволюційних методів та скорочення тривалості процесів оптимізації шляхом побудови й використання паралельних симуляторів і оптимізаторів як ресурсів

паралельних моделюючих середовищ. Вирішення цих задач є актуальним і для інших предметних областей, воно зумовлює успішність концепцій дослідницьких інфраструктур.

Зв'язок роботи з науковими програмами, планами, темами. Робота виконана за держтемою кафедри «Комп'ютерна інженерія» Н-25-2000 "Дослідження і розробка методів програмної підтримки проектування інформаційних технологій і комп'ютерних систем", за проектом "Розробка та впровадження розподіленого паралельного моделюючого середовища для складних динамічних систем" наукового співробітництва з Штутгартським університетом, за темою угоди про наукове співробітництво з інститутом динаміки складних технічних систем ім. Макса Планка, м. Магдебург, Німеччина, а саме розробка та впровадження підсистеми оптимізації у складі паралельного моделюючого середовища DIANA. Автор брав участь у цих дослідженнях як виконавець.

Метою даної роботи є розвиток і вдосконалення методів та підходів до розробки апаратно-програмних ресурсів розподіленого паралельного моделюючого середовища, орієнтованого на задачі ідентифікації параметрів нелінійних біологічних та хімічних моделей як складних динамічних систем, що дозволить підвищити ефективність рішень задач ідентифікації й оптимізації та забезпечити універсальний підхід до побудови паралельних симуляторів і оптимізаторів.

Досягнення вказаної мети здійснюється рішенням наступних **задач досліджень**:

1. Розробити структурну організацію розподіленого паралельного моделюючого середовища, орієнтованого на оптимізацію й ідентифікацію параметрів моделей СДС.
2. Розробити у складі паралельного моделюючого середовища підсистему оптимізації на базі суттєвих модифікацій генетичного алгоритму (ГА) з врахуванням множин параметрів та визначенням механізму тестування всіх реалізованих параметрів.
3. Розробити гібридний метод для збільшення ефективності оптимізації, а також обрати критерій зупинки ГА, який забезпечить зменшення обсягу обчислень при збереженні точності рішення.
4. Провести аналітичну та експериментальну оцінку ефективності гібридного методу на багатьох штучних цільових функціях та на складних динамічних системах, а саме нелінійних біологічних та хімічних моделях.
5. Провести дослідження розробленої підсистеми оптимізації для ідентифікації параметрів складних нелінійних біологічних моделей та виконати її адаптацію з врахуванням особливостей моделей цього класу.
6. Розробити паралельний підхід до виконання обчислень цільової функції та реалізувати його в підсистемі оптимізації. Априорно оцінити та експериментально довести його ефективність для вирішення задач оптимізації та ідентифікації параметрів моделей складних динамічних

систем. Проаналізувати ефективність стандартів MPI та CORBA як засобів розпаралелювання такого типу задач.

Об'єкт та предмет дослідження. Об'єктом дослідження є проблемно-орієнтоване комп'ютерне паралельне моделююче середовище. Предметом дослідження є методи та паралельні процеси оптимізації параметрів моделей складних динамічних систем.

Методи дослідження. Для досягнення поставленої мети в роботі було використано такі методи:

Прикладної й обчислювальної математики – для апріорного аналізу ефективності розпаралелювання ГА; експериментальні дослідження – при оцінці ефективності ГА з різними наборами його параметрів та модифікацій, паралельного ГА та підсистеми оптимізації у складі моделюючого середовища; методи та засоби паралельного програмування – для імплементації паралельного підходу до виконання обчислень цільової функції; комп'ютерне моделювання – для визначення структури підсистеми оптимізації моделюючого середовища та її компонентів, для побудови тестових біологічних та хімічних моделей.

Наукова новизна роботи полягає в наступному:

1. Вперше запропоновано новий критерій оцінювання складності задач оптимізації для генетичного алгоритму (ГА), який базується на довжині бінарного ряду, отриманого в результаті дискретизації набору шуканих параметрів із заданою точністю. На базі цього критерію встановлено оптимальні закономірності настроювання параметрів ГА залежно від складності цільової функції, що дозволяє ГА настроюватись автоматично на задачі будь-якої складності.
2. Отримав подальший розвиток комбінований метод оптимізації, в якому послідовно використовуються ГА та локальний детерміністичний метод (ЛДМ) з метою підвищення точності рішення. Цей метод відрізняється новим запропонованим критерієм переходу від ГА до ЛДМ, який полягає в обиранні відсотка формування схеми рішення і дозволяє підвищити продуктивність.
3. Модифіковано генетичний алгоритм для вирішення складних задач ідентифікації параметрів нелінійних біологічних моделей, що за ефективністю перевищує існуючі алгоритми (за рахунок застосованих засобів логарифмічного кодування, локального методу DN2GB, сформульованого критерію зупинки ГА для гібридного методу, покращення механізму формування початкової популяції ГА, виключення елементів поза областю рішень та елітизму). Кількість обчислень цільової функції зменшено в середньому в 2,7 рази порівняно з найкращим відомим методом для даного класу задач.
4. Вперше встановлено новий ефект впливу кешу ГА (зменшується загальний час роботи, але при цьому дещо зменшується ефективність паралельного алгоритму), а також вплив складності задачі ідентифікації параметрів моделей складних динамічних систем на ефективність розпаралелювання в підсистемі оптимізації.

Практичне значення отриманих результатів:

1. Розроблену підсистему оптимізації включено до складу паралельного моделюючого середовища DIANA в інституті динаміки складних технічних систем ім. Макса Планка, м. Магдебург, Німеччина, де вона використовується для ідентифікації параметрів складних хімічних та біологічних моделей.
2. Методика побудови проблемно-орієнтованих моделюючих середовищ і паралельного вирішення задач ідентифікації параметрів складних динамічних систем використовується в навчальному процесі з дисциплін "Паралельні й розподілені обчислення", "Паралельне програмування", "Моделюючі середовища комп'ютерних систем".
3. Вдосконалено використання технологій MPI та CORBA для розпаралелювання задач ідентифікації параметрів моделей складних динамічних систем, що дало можливість підвищити їх ефективність. Розроблено рекомендації щодо їх застосування в підсистемі оптимізації.

Особистий внесок здобувача.

В роботі [4] автор реалізував систему тестування; виконав розробку генетичного алгоритму, його модифікацій та їх тестування (50%), реалізацію штучних цільових функцій; інтеграцію локального детерміністичного методу; модель паралельної оптимізації.

В роботі [7] особистий внесок здобувача полягає в реалізації та тестуванні ГА, інтеграції в моделююче середовище DIANA, дослідженні й імплементації моделі Хафке, апріорній оцінці розпаралелювання та деталізованій покроковій оцінці роботи алгоритму.

В роботі [3] автор розробив та описав підсистему оптимізації на базі генетичного алгоритму у складі моделюючого середовища Diana.

В роботі [2] автор виконав розробку моделі триступеневого біохімічного шляху метаболізму; розробку та тестування модифікацій ГА, необхідних для ефективного вирішення задачі ідентифікації параметрів складних біологічних моделей (механізм формування початкової популяції ГА, нейтралізація елементів поза областю рішення; тестування роботи отриманого алгоритму для оптимізації моделі триступеневого біохімічного шляху метаболізму у моделюючому середовищі DIANA).

Апробація результатів дисертації. Результати роботи доповідалися на міжнародній науково-технічній конференції "Моделювання та комп'ютерна графіка" ДонНТУ (2005), на робочих семінарах кафедри КІ ДонНТУ (2005, 2006, 2008, 2016) та інституту Динаміки складних технічних систем ім. Макса Планка (2006, 2007).

Публікації. Результати роботи опубліковано в 5 статтях у наукових збірниках, що входять до переліку фахових видань.

Структура дисертації. Текст дисертації складається з 5 розділів, 3 додатків і включає 33 рисунка та 4 таблиці – усього 130 сторінок, основний текст дисертації містить 103 сторінки.

ОСНОВНИЙ ЗМІСТ РОБОТИ

У вступі обґрунтовано актуальність теми дисертації, сформульовано мету і завдання досліджень, визначено наукову новизну та практичне значення роботи, наведено відомості про публікації, апробацію і впровадження результатів роботи.

У першому розділі «Системна організація паралельних комп'ютерних ресурсів, орієнтованих на моделювання, оптимізацію й ідентифікацію параметрів моделей складних динамічних систем» виконано аналіз організації комп'ютерних паралельних систем моделювання і шляхи підвищення ефективності їх функціонування стосовно ідентифікації СДС. Розглядаються СДС як об'єкти математичного моделювання. Наведено рівні і базові визначення моделей складних динамічних систем. Сформульовано вимоги до засобів моделювання СДС.

Викладено концепцію розподіленого паралельного моделюючого середовища (РПМС) як нової форми системної організації апаратно-програмних засобів побудови симуляторів СДС.

Проаналізовано проблеми в області ідентифікації параметрів моделей складних динамічних систем та методи їх вирішення. Розглянуто задачі оптимізації при моделюванні складних динамічних систем. Наведено класифікацію задач оптимізації, відмічено особливості ідентифікації параметрів біологічних та хімічних моделей. Поставлено задачу ідентифікації параметрів СДС.

Виконано огляд методів вирішення задач оптимізації. Наведено класифікацію існуючих методів оптимізації. Наведено генетичний алгоритм (ГА) оптимізації та його модифікації і гібридні методи оптимізації на базі ГА. Розглянуто паралельні генетичні алгоритми.

Сформульовано задачі розробок і досліджень.

У другому розділі «Структурна організація паралельного моделюючого середовища, орієнтованого на оптимізацію й ідентифікацію моделей СДС» розглядаються проблеми побудови паралельного моделюючого середовища (ПМС).

Розроблено проблемно-орієнтоване паралельне моделююче середовище (ПОПМС), функціональність якого зосереджено в чотирьох групах функцій:

- 1) діалогові функції інтерактивного спілкування розробників і користувачів математичних моделей і паралельних симуляторів з апаратно-програмними ресурсами ПОПМС;
- 2) Функції паралельного моделювання;
- 3) Функції вирішення задач синтезу, ідентифікації й оптимізації моделей і паралельних симуляторів;
- 4) Функції системної організації та інфраструктури.

Системну організацію ПОМС представлено на рис. 1. Виконано декомпозицію ПМС на наступні компоненти: графічний інтерфейс, топологічний аналізатор, генератор рівнянь, розв'язник рівнянь, візуалізація.

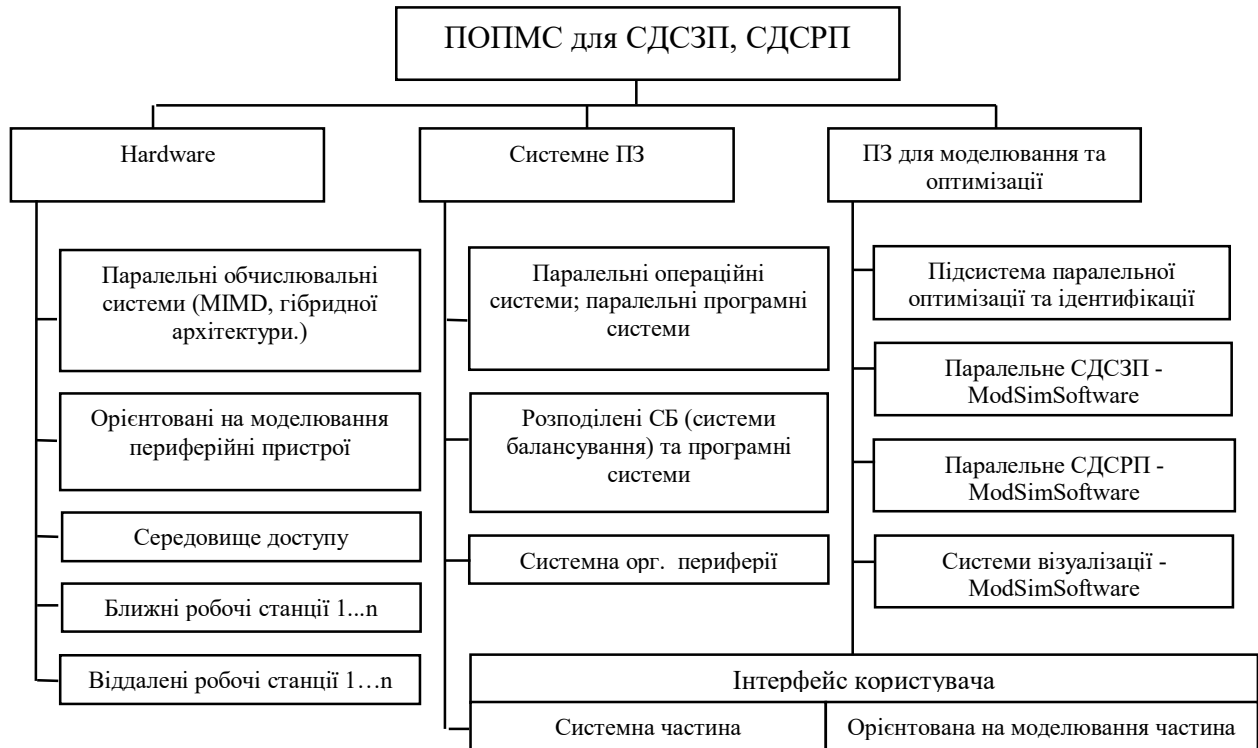


Рис. 1. Системна організація ПОПМС

Ідентифікація параметрів (ІП) є найважливішим компонентом при побудові моделей СДС. У даній роботі розглядається оптимізація моделей складних динамічних систем, тобто вирішується завдання ідентифікації параметрів.

У такому випадку цільовою функцією є різниця між результатами роботи розробленої моделі та експериментальними результатами. Метою є мінімізація цієї різниці:

$$E = \{e_i\}, i = 1, 2, \dots, n;$$

$$M(A) = \{m_i(A)\}, i = 1, 2, \dots, n;$$

$$F(A) = \sum_{i=1}^n (m_i(A) - e_i)^2,$$

де E – масив значень, отриманий експериментальним шляхом;

$M(A)$ – масив значень, отриманий в результаті моделювання, що залежить від параметрів моделі $A = (a_1, a_2, \dots, a_p)$;

F – цільова функція для оптимізації, розраховується як сума квадратів відхилень результатів моделювання від експериментальних значень. Результатом роботи алгоритму оптимізації має бути такий набір параметрів

$A = (a_1, a_1, \dots, a_n)$ моделюючої системи, при якому цільова функція буде мінімальною.

Особливістю вирішення таких задач є висока складність моделі (велика кількість параметрів A), а також складність цільової функції (багато локальних оптимумів).

У третьому розділі «Дослідження генетичного алгоритму та його модифікацій» розроблено генетичні алгоритми і досліджено їх ефективність при вирішенні задачі ідентифікації параметрів СДС. Для рішення задачі за допомогою ГА необхідно: вибрати або розробити схему кодування хромосоми - потенційного рішення; відповідно до схеми розробити (або вибрати) генетичні оператори кросинговеру та мутації; для кожної особини визначити фітнес-функцію, що дозволяє оцінити якість рішення. Крім цього, необхідно задати параметри ГА, такі як потужність популяції, значення ймовірностей кросинговеру й мутації.

Для кодування векторів дійсних чисел використовується двійкове кодування, зокрема, код Грея. Для скорочення довжини хромосом також використовувалось логарифмічне кодування дійсних чисел. При відборі батьківських особин здебільшого використовувалось лінійне ранжування і турнірний метод. Використовувалися такі генетичні оператори кросинговеру: багатоточковий, однорідний і проміжний. Мутація над дійсними нащадками виконувалась шляхом додавання особини з невеликим випадковим значенням. Усі модифікації та різні варіанти параметрів генетичного алгоритму реалізовано мовою C++. Спроектовано та реалізовано об'єктно-орієнтовану модель (ООМ) ГА. Для оцінки доцільності застосування розроблених алгоритмів оптимізації була розроблена спеціальна система тестування. Дана система дозволяє виконувати наперед задані набори тестів та формувати детальний звіт про результати тестування, на основі яких можна об'єктивно здійснювати вибір необхідного алгоритму та його параметрів. Враховуючи велику кількість самих параметрів та діапазони їх значень, а також те, що при оцінюванні ефективності стохастичних методів оптимізації треба проводити статистичний аналіз результатів експериментальних досліджень, розроблено спеціальний програмний комплекс (рис. 2).

Проведено дослідження запропонованого гібридного генетичного алгоритму (близько 100000 експериментів) для різних тестових складних функцій – benchmarks (наприклад, Швєфеля та Еклі). Ефективність використання гібридного ГА відносно роботи звичайного ГА показано на рис. 3. Хоча при малій довжині генотипу ця ефективність не завжди є великою (особливо для функцій з сильними биттями), проте при великій довжині генотипу зменшення кількості обчислень ЦФ досягає 75 % для функції Швєфеля та 45 % для функції Еклі.

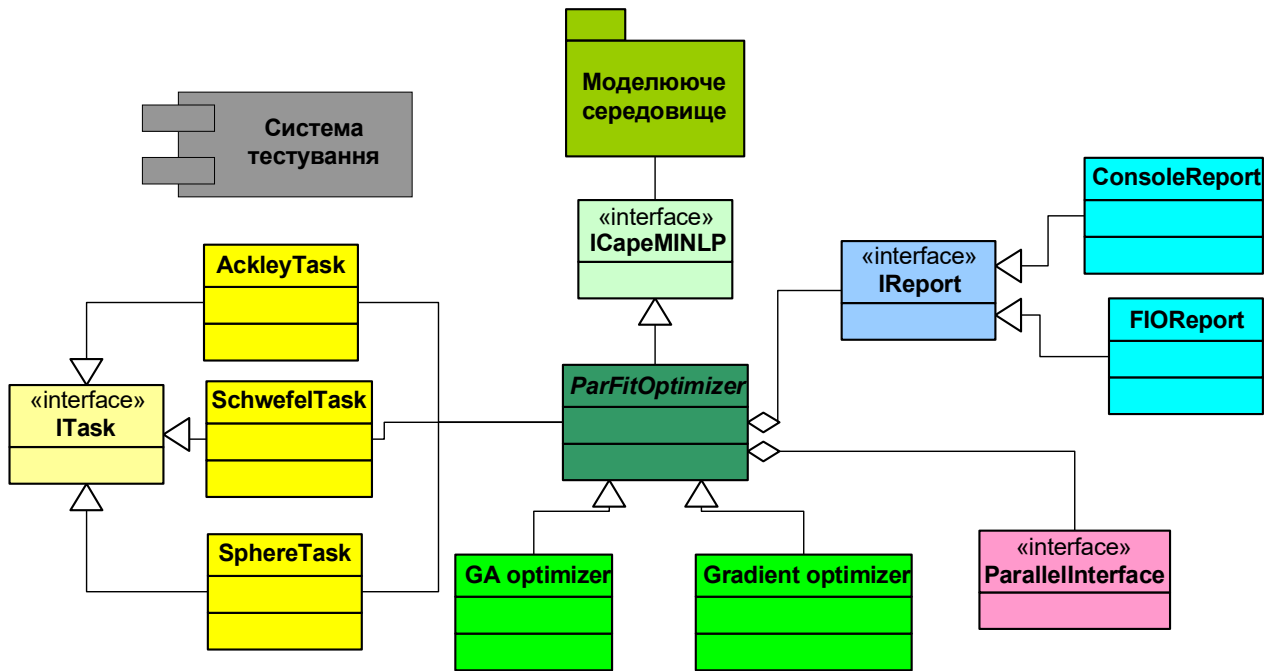


Рис. 2. Об'єктно орієнтована модель розробленого спец комплексу з системою тестування

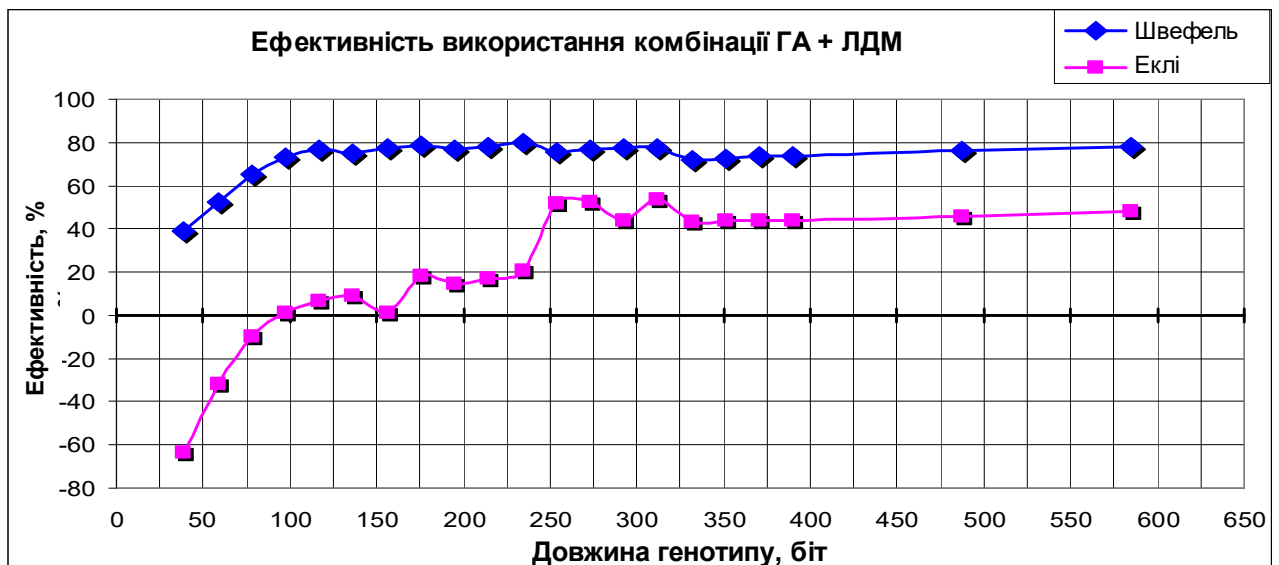


Рис. 3. Ефективність використання гібридного ГА

У четвертому розділі «Дослідження ідентифікації параметрів складних нелінійних моделей системної біології» запропоновано тестові моделі СДС і модифікований ГА, який було адаптовано для вирішення складних задач ідентифікації параметрів нелінійних біологічних моделей. В якості базової тестової моделі запропоновано модель триступеневого біохімічного шляху метаболізму, що наведена на рис. 4.

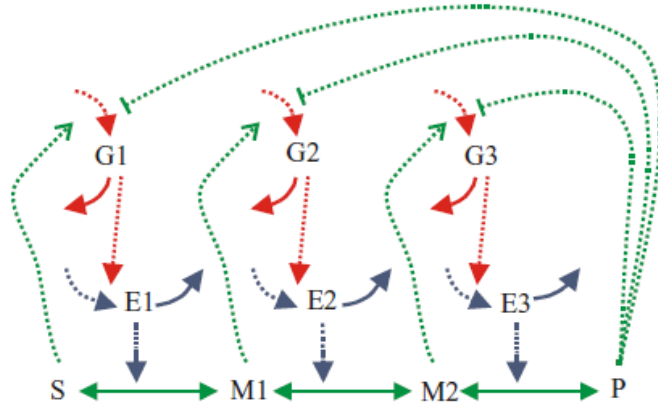


Рис. 4. Схема треступеневого біохімічного шляху метаболізму. Пунктирні стрілки показують активації, а пунктирні криві з тупим кінцем показують стримування

Проблема ідентифікації полягає у визначенні 36 кінетичних параметрів нелінійної біохімічної динамічної моделі (з 8 звичайних диференціальних рівнянь), яка описує змінення концентрацій метаболітів у часі:

$$\frac{dG_1}{dt} = \frac{V_1}{1 + \left(\frac{p}{K_{i1}}\right)^{ni_1} + \left(\frac{Ka_1}{S}\right)^{na_1}} - k_1 \cdot G_1$$

$$\frac{dG_2}{dt} = \frac{V_2}{1 + \left(\frac{p}{K_{i2}}\right)^{ni_2} + \left(\frac{Ka_2}{M_1}\right)^{na_2}} - k_2 \cdot G_2$$

$$\frac{dG_3}{dt} = \frac{V_3}{1 + \left(\frac{p}{K_{i3}}\right)^{ni_3} + \left(\frac{Ka_3}{M_2}\right)^{na_3}} - k_3 \cdot G_3$$

$$\frac{dE_1}{dt} = \frac{V_4 \cdot G_1}{K_4 + G_1} - k_4 \cdot E_1$$

$$\frac{dE_2}{dt} = \frac{V_5 \cdot G_2}{K_5 + G_2} - k_5 \cdot E_2$$

$$\frac{dE_3}{dt} = \frac{V_6 \cdot G_3}{K_6 + G_3} - k_6 \cdot E_3$$

$$\frac{dM_1}{dt} = \frac{kcat_1 \cdot E_1 \cdot \left(\frac{1}{Km_1}\right) \cdot (S - M_1)}{1 + \frac{S}{Km_1} + \frac{M_1}{Km_2}} - \frac{kcat_2 \cdot E_2 \cdot \left(\frac{1}{Km_3}\right) \cdot (M_1 - M_2)}{1 + \frac{M_1}{Km_3} + \frac{M_2}{Km_4}}$$

$$\frac{dM_2}{dt} = \frac{kcat_2 \cdot E_2 \cdot \left(\frac{1}{Km_3}\right) \cdot (M_1 - M_2)}{1 + \frac{M_1}{Km_3} + \frac{M_2}{Km_4}} - \frac{kcat_3 \cdot E_3 \cdot \left(\frac{1}{Km_5}\right) \cdot (M_2 - P)}{1 + \frac{M_2}{Km_5} + \frac{p}{Km_6}},$$

де $M_1, M_2, E_1, E_2, E_3, G_1, G_2$ та G_3 є концентраціями елементів, які беруть участь у різних біохімічних реакціях; S та P є константними параметрами для кожного експерименту (параметри експериментів).

Концентрації субстрату (S) та продукту (P) шляху метаболізму залишаються незмінними протягом всієї реакції. M_1 та M_2 є проміжними метаболітами шляху метаболізму; E_1, E_2 та E_3 є ензимами; G_1, G_2 та G_3 є видами mRNA для ензимів. Безперервні лінії показують реакції трансферу маси та вказують на позитивний напрямок потоку, але вони є хімічно оборотними.

Власне проблемою оптимізації є ідентифікація 36 параметрів, що залишилися. Вони розподілені на два різних класи: пікові коефіцієнти, які змінюються в діапазоні $(10^{-02}, 10^{+02})$, та всі інші, які змінюються в діапазоні $(10^{-12}, 10^{+06})$.

Проблема глобальної оптимізації полягає в мінімізації сумарної дистанції J між експериментальними та знайденими значеннями восьми змінних стану, які представлені вектором y :

$$J = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m \left\{ \left[(y_{pred}(i) - y_{exp}(i))_j \right]^2 \right\},$$

де n – кількість даних для кожного експерименту; m – кількість експериментів; y_{exp} – експериментальні дані; y_{pred} – вектор станів, який було отримано в результаті моделювання із заданими значеннями 36 параметрів.

Крім цього, при апробації використовувалась екологічна модель хижака та жертви Лотка-Вольтерра:

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= x(\alpha - \beta y) \\ \frac{dy}{dt} &= -y(\gamma - \delta x) \end{aligned},$$

де x та y – щільності відповідно жертви й хижака;

α – питома миттєва швидкість популяційного росту жертви;

β – константа, що пов'язує смертність жертв з щільністю хижака;

γ – питома смертність хижака (що нерідко вважається постійною);

δ – константа, що пов'язує народжуваність у популяції хижака зі щільністю жертви.

Також використовувалась модель хімічного змішувального реактора (ЗР) Хафке, у якому відбувається окислення етанолу, що каталізується нітратом заліза (III), з перекисом оцтового альдегіду й оцтової кислоти.

ГА був застосований для вирішення задачі ідентифікації параметрів складної біологічної моделі, описаної вище. Особливістю оптимізації таких моделей є їх висока складність (36 параметрів), мультимодальність, значна кількість експериментів (16), для яких виконується ідентифікація параметрів. Також, як для зазначеної моделі, так і для багатьох інших моделей (екологічна модель хижака та жертви Лотка-Вольтерра, модель хімічного змішувального реактора Хафке), є характерною висока залежність (чутливість) параметрів

моделі один від одного. У зв'язку з цими особливостями було впроваджено додаткові модифікації ГА.

Результати досліджень показали (табл. 1), що ефективність роботи гібридного генетичного алгоритму (GA+DN2GB) є кращою, ніж ефективність еволюційних стратегій, які використовують стохастичний добір (SRES) для вирішення тієї ж самої задачі, так і гібридного методу на базі еволюційних стратегій і детерміністичного методу DN2GB.

Таблиця 1

Порівняльні результати методів оптимізації

	GA+DN2GB	SRES+DN2GB	SRES
Кількість обчислень ЦФ	7.03E+4	1.89E+5	2.8E+6
Час роботи (год.)	0.7	2.7	39.42
Значення ЦФ	9.09E-09	1E-07	1.3E-03

За рахунок застосування автоматичного настроювання параметрів під час ініціалізації ГА та його модифікацій, розроблений алгоритм забезпечив точність рішення задачі, порівнянну з точністю рішення відомими методами, які використовуються для вирішення задачі оптимізації біологічних моделей. При цьому вдалося зменшити кількість необхідних обчислень ЦФ, що зменшує час роботи алгоритму. Необхідно зазначити, що алгоритм забезпечив вирішення задачі високої складності, і при цьому залишився універсальним методом оптимізації.

Далі виконано інтеграцію розробленої підсистеми до паралельного моделюючого середовища DIANA, яке розробляється інститутом Макса-Планка (Магдебург, Німеччина) спільно з ДонНТУ, та успішно використовується для вирішення задач глобальної оптимізації складних динамічних систем. Додано необхідний компонент, який був відсутній в середовищі DIANA – підсистема оптимізації на основі гібридного ГА.

У п'ятому розділі «Реалізація й експериментальні дослідження паралельних засобів ідентифікації параметрів складних динамічних систем» дано аналіз ефективності паралельного підходу до ідентифікації параметрів складних динамічних систем.

Виконано апріорну оцінку ефективності паралельного підходу при вирішенні задачі оптимізації за допомогою ГА. Для оцінки ефективності паралельного алгоритму (ПА) використано наступні показники. Візьмемо T_p – час виконання ПА на паралельній обчислювальній системі з числом процесів $p > 1$. T_1 – час роботи "найкращого" послідовного алгоритму. Тоді:

$$S_p = \frac{T_1}{T_p} \leq p; \quad W_p = \frac{S_p}{p} \leq 1,$$

де S_p – прискорення;

W_p – ефективність паралельного алгоритму.

Показано, що прискорення дорівнює числу процесорів-клієнтів, а ефективність розпаралелювання буде наближуватися до одиниці при збільшенні числа

процесорів. Ефект від ПА буде високим, якщо час розрахунку ЦФ, кількість кроків ГА і число процесорів є дуже великими.

На кожному кроці ГА виконується операція обчислення цільової функції для всіх елементів популяції. Ці обчислення є незалежними (обчислення ЦФ для різних рішень не потребує ніякого обміну між ними на кожному кроці). Операція розрахунку ЦФ потребує високих процесорних ресурсів для складних задач (якою й є оптимізація параметрів біологічних та хімічних моделей). Тому розпаралелювання обчислювання ЦФ є найбільш ефективним, оскільки потребує менше витрат на реалізацію та обмін даними. Паралельний ГА працює на сервері та запускає необхідну кількість клієнтів, які використовуються для обчислення ЦФ (рис. 5). У даному розділі для розпаралелювання ГА використовується модель «робітник-господар» (іноді вона називається «клієнт-сервер»), оскільки вона вимагає найменших змін в існуючій версії програмного забезпечення, що реалізує послідовний ГА й дає задовільні результати.

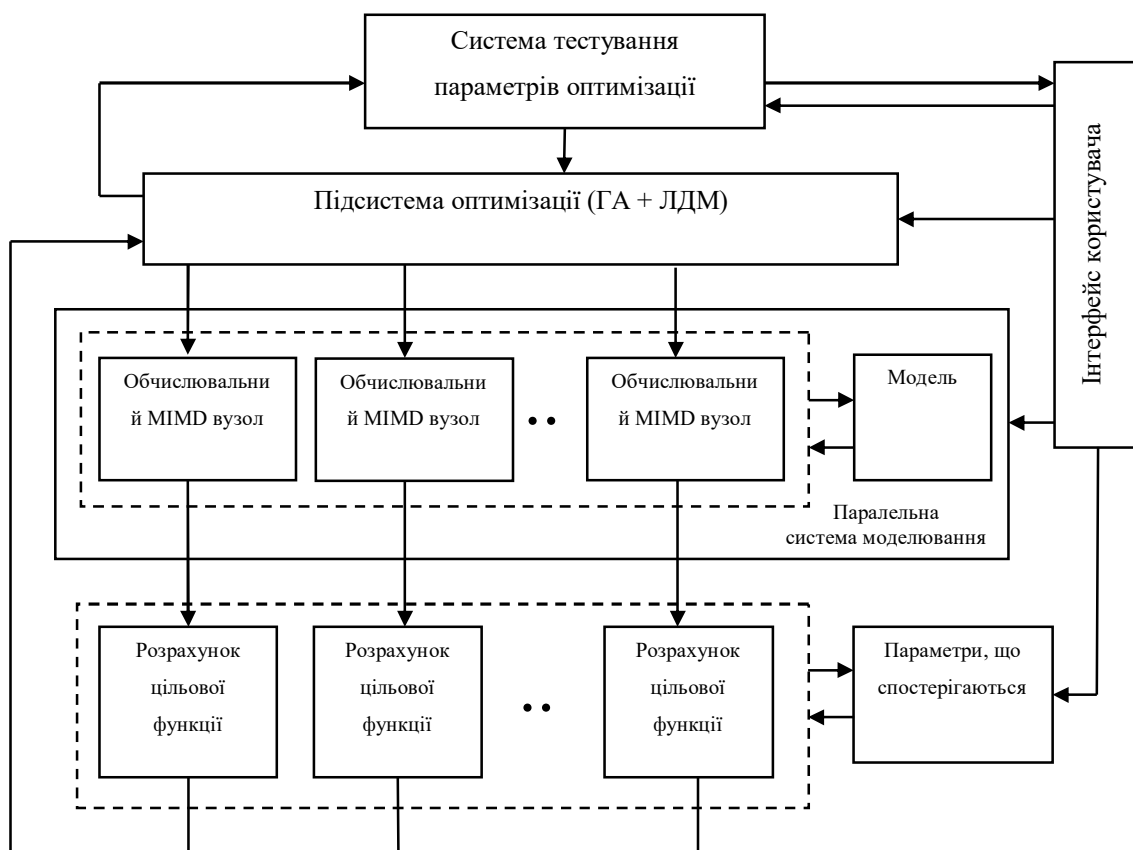


Рис. 5. Синтез моделі, тестування та моніторинг у ПМС

Виконано експериментальну оцінку ефективності організації паралельної оптимізації складних динамічних систем на базі технологій CORBA та MPI, а також дослідження впливу кеша ГА як на послідовну, так і на паралельну реалізацію ГА.

Результати тестування моделі Лотка-Вольтерра (рис. 6) свідчать про можливість її розпаралелювання, але в певних межах. Для цієї моделі

спостерігається насичення прискорення (воно більше не зростає) на значенні приблизно 6.5 при 14 та більше процесорах. Покроковий аналіз роботи ГА показав, що середня кількість необхідних обчислень ЦФ на кожному кроці ГА при оптимізації параметрів цієї моделі складає в середньому 17. Для моделі реактора Хафке розпаралелювання дало найбільший ефект (рис. 7).

Розпаралелювання розрахунків цільової функції (яка є пристосовуваністю кожного індивідууму для ГА) на MIMD-архітектурі може бути дуже ефективним для вирішення того класу задач, що розглядається в цій роботі, оскільки час моделювання для них є достатньо великим. В роботі реалізовано дві підсистеми розпаралелювання: на базі технологій MPI та CORBA.

Зростання прискорення спостерігалось упродовж всіх тестів (рис. 8). Це пояснюється по-перше складністю моделі (час обчислення ЦФ є досить суттєвим, послідовний ГА виконує оптимізацію на вказаному типі машин майже 12 хвилин), тому час обміну майже не впливає на прискорення. По-друге, для ідентифікації параметрів цієї моделі ГА потребує більшої кількості обчислень ЦФ на кожному кроці (ніж для моделі Лотка-Вольтерра), тому "проблема кратності" виникає не так часто, і її негативний вплив також зменшується. Отже, при використанні для оптимізації моделі реактора Хафке 30 процесорів маємо прискорення 19, і воно ще продовжує зростати, на відміну від моделі Лотка-Вольтерра, не зважаючи на те, що середня кількість необхідних обчислень ЦФ для моделі реактора Хафке складає 29. Для цієї моделі також можливе існування точки насичення прискорення, але вона досягається не раніше, ніж на 50 процесорах.

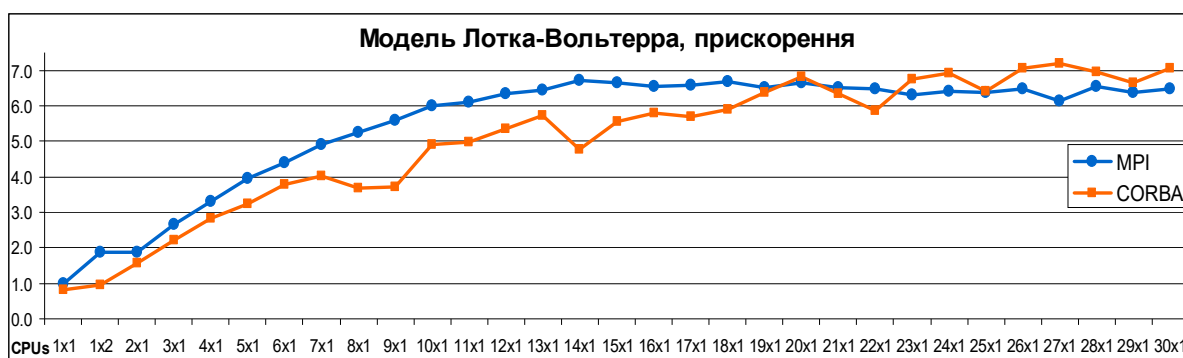


Рис. 6. Прискорення ПА для моделі Лотка-Вольтерра

Також було проведено тести для виявлення впливу реалізованого внутрішнього кешу ГА на ефективність ПА. Кеш виконує збереження вже обчислених ЦФ, і якщо на якійсь з генерацій виникає такий же самий елемент популяції, то для нього ЦФ вже не обчислюється, а береться з кешу, відповідно цей елемент вже не передається на обчислення (в тому числі не передається і ПА).

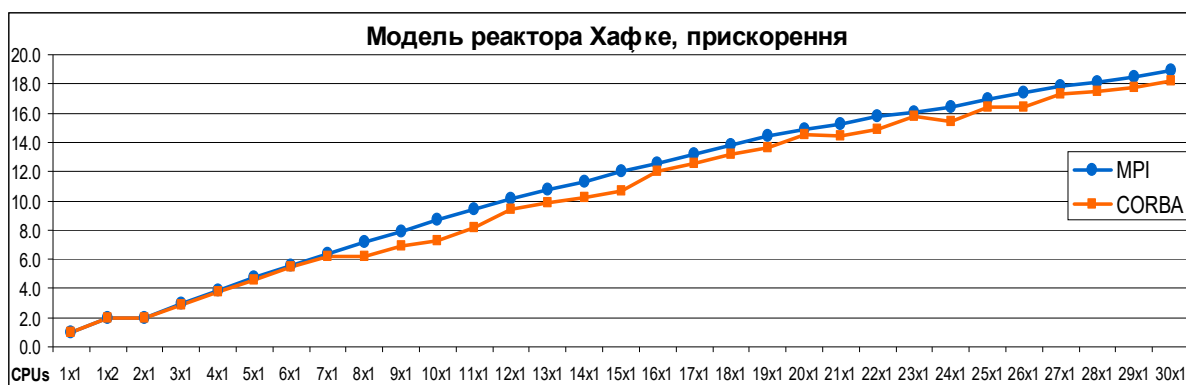


Рис. 7. Прискорення ПА для моделі реактора Хафке

Це досить суттєво зменшує кількість необхідних обчислень ЦФ (див. табл. 2). Дослідження показали, що стандарт MPI виявився більш швидким та ефективним (оскільки має менший час на обмін даними), проте CORBA можна використовувати там, де фактор стабільності системи взагалі упродовж тривалого часу грає суттєву роль, оскільки вона дозволяє динамічне додавання клієнтів під час виконання та зберігає стабільність системи в цілому при виході з ладу одного з клієнтів.

Таблиця 2

Порівняння кількості обчислень ЦФ при використанні кешу ГА

Вид тестової задачі	Кількість генерацій	Кількість оптимізованих параметрів	Кількість обчислень ЦФ	
			З відключеним кешем ГА	З включеним кешем ГА
Функція "сфера"	160	10	12190	9530
Модель Лотка-Вольтерра	75	2	1372	451
Модель реактора Хафке	90	4	2712	1647

Крім цього виконано тестування ефективності розпаралелювання, приклад якого наведено на рис. 8.

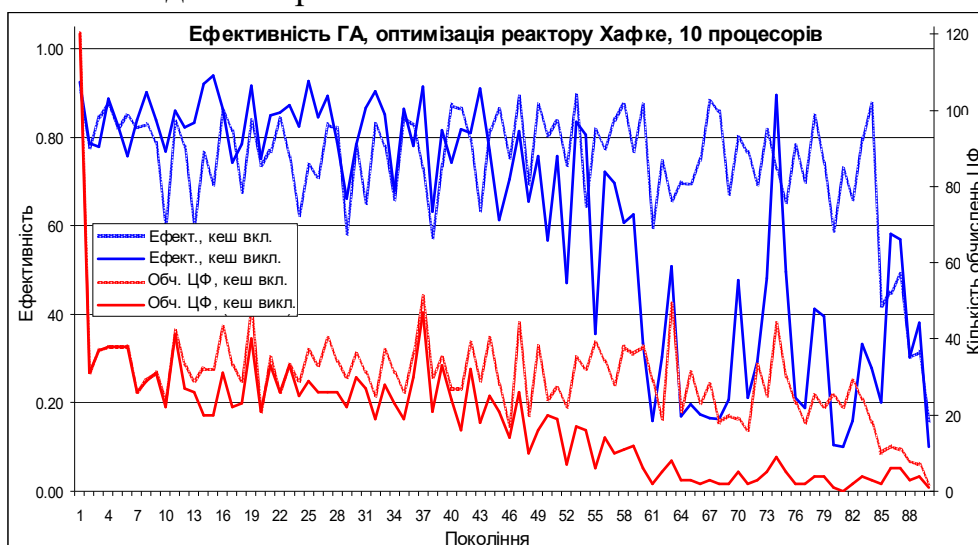


Рис. 8. Ефективність ПА по генераціях порівняно до кількості обчислень ЦФ для моделі реактора Хафке на 10 процесорах з використанням MPI

ВИСНОВКИ

Наведені в дисертації теоретичні та програмні розробки, а також експериментальні дослідження підтверджують досягнення поставленої мети роботи – розробку розподіленого паралельного моделюючого середовища, що дозволяє забезпечити високу ефективність ідентифікації параметрів складних динамічних систем (а саме нелінійних біологічних та хімічних моделей).

В дисертації отримано наступні результати:

1. Сформульовано вимоги до апаратно-програмних засобів реалізації симуляторів складних динамічних систем з боку експертів предметних областей (розробників і користувачів моделей) і самих об'єктів моделювання – СДСЗП, СДСРП. Таке формулювання є основою для комплексного вирішення проблеми розробки й застосування послідовних і паралельних симуляторів, системної організації їхнього функціонування.
2. Функціональність алгоритмічних, апаратно-програмних і системних ресурсів, що в повній мірі можуть задовольнити сформульовані вимоги, зосереджено в чотирьох групах функцій – інтерактивного спілкування експертів предметних областей з апаратно-програмними ресурсами; паралельного моделювання; вирішення задач синтезу, ідентифікації й оптимізації моделей і симуляторів; системної організації та інфраструктури.
3. Для комплексного вирішення задач моделювання СДСЗП, СДСРП запропоновано структуру проблемно-орієнтованого паралельного моделюючого середовища (ПОПМС) як системної організації спільного функціонування паралельних апаратних ресурсів, загальносистемного та цілеспрямованого розробленого моделюючого програмного забезпечення з врахуванням особливостей задач певної предметної області, що підтримують всі етапи математичного моделювання складних динамічних систем, оптимізації та ідентифікації параметрів паралельних моделей і симуляторів.
4. Проведено декомпозицію ПОПМС на підсистеми та компоненти, визначено засоби проблемної орієнтації середовища, до яких належать підсистема оптимізації та ідентифікації параметрів моделей і симуляторів, компоненти підсистем діалогу, топологічного аналізу, генерування та вирішувачів рівнянь, балансування завантаження процесів і процесорів, баз даних та ІТ-підтримки середовища.
5. Розроблено підсистему оптимізації на базі генетичного алгоритму, яка містить велику кількість параметрів та модифікацій алгоритму; розроблено механізм тестування всіх реалізованих параметрів.
6. Інтегровано розроблену підсистему до паралельного моделюючого середовища DIANA, яке розробляється інститутом Макса-Планка (Магдебург, Німеччина) спільно з ДонНТУ, та успішно

використовується для вирішення задач глобальної оптимізації складних динамічних систем.

7. Проведено інтенсивне тестування продуктивності алгоритму, аналітичну та експериментальну оцінку ефективності його модифікацій на штучних цільових функціях різної складності.
8. Запропоновано новий критерій оцінювання складності задач оптимізації для ГА, який базується на довжині бінарного ряду, отриманого в результаті дискретизації набору шуканих параметрів із заданою точністю. На базі цього критерію встановлено оптимальні закономірності настроювання параметрів ГА залежно від складності цільової функції, що дозволяє ГА настроюватись автоматично на задачі будь-якої складності.
9. Запропоновано комбінований метод оптимізації, в якому послідовно використовуються ГА та локальний детермістичний метод (ЛДМ) з метою підвищення точності рішення. Цей метод відрізняється новим запропонованим критерієм переходу від ГА до ЛДМ, який полягає в обиранні процента формування схеми з метою покращення продуктивності.
10. Розроблено модифікований ГА, який було адаптовано для вирішення складних задач ідентифікації параметрів нелінійних біологічних моделей (використано логарифмічне кодування, елітизм, механізм формування початкової популяції). Отриманий алгоритм забезпечив вирішення задач високої складності з більшою ефективністю, ніж існуючі алгоритми (кількість обчислень цільової функції було зменшено в середньому в 2.7 рази порівняно з найкращим існуючим методом для даного класу задач (SRES+DN2GB)), він здатний оптимізувати як прості ЦФ, так і мультимодальні нелінійні моделі.
11. Розроблено паралельний підхід до виконання обчислень цільової функції та реалізовано його в підсистемі оптимізації.
12. Априорно оцінено та експериментально доведено ефективність паралельного підходу для вирішення задач оптимізації та ідентифікації параметрів моделей складних динамічних систем.
13. Досліджено новий ефект впливу кешу ГА: зменшується загальний час роботи, але при цьому дещо зменшується ефективність паралельного алгоритму.
14. Досліджено ефективність використання технологій MPI та CORBA для розпаралелювання задач ідентифікації параметрів складних динамічних систем. Стандарт MPI виявився більш швидким та ефективним (оскільки має менший час на обмін даними), проте CORBA можна використовувати там, де фактор стабільності системи взагалі упродовж тривалого часу грає суттєву роль, оскільки вона дозволяє динамічне додавання клієнтів під час виконання та зберігає стабільність системи в цілому при виході з ладу одного з клієнтів.

СПИСОК ОПУБЛІКОВАНИХ ПРАЦЬ ЗА ТЕМОЮ ДИСЕРТАЦІЇ

1. Теплинський К.С. Эволюционная идентификация параметров нелинейных биологических динамических систем / К.С. Теплинський. – XV міжнародна конференція «Проблеми інформатики и моделирования». – Харків-Одеса. – 2015. – С. 87.
2. Теплинський К.С. Гибридная генетическая идентификация параметров нелинейных биологических динамических систем / К.С. Теплинський – Вісник національного технічного університету «ХПІ», Серія: Інформатика та моделювання. – Харків: НТУ"ХПІ". – 2015. – № 33 (1142). – С. 155–163.
3. Teplinskiy K. Optimization Problems in the Technological-Oriented Parallel Simulation Environment. / K. Teplinskiy, V. Trubarov, V. Svyatnyj – ASIM-Simulation technique, pp. 582-587. SCS Publishing House, Erlangen, 2005.
4. Теплинський К.С. Застосування паралельного генетичного алгоритму для вирішення задач оптимізації складних динамічних систем. / К.С. Теплинський, В.А. Трубаров, І.В. Бабенко – Наукові праці Донецького національного технічного університету, серія "Проблеми моделювання та автоматизації проектування динамічних систем" (МАП-2007). Випуск: 6 (127) – Донецьк: ДонНТУ. – 2007., С. 89–102.
5. Teplinskiy K. The ProMoT / Diana Simulation Environment / K. Teplinskiy K. Bondareva, O. Milokhov, M. Krasnyk, M. Ginkel, A. Kienle – Наукові праці Донецького національного технічного університету, серія "Проблеми моделювання та автоматизації проектування динамічних систем" (МАП-2007). Випуск: 6 (127) - Донецьк: ДонНТУ. – 2007., С. 13-21.
6. Teplinskiy K. Mixed Optimization Method Based On Evolutionary Computation. / K. Teplinskiy, V. Trubarov – Наукові праці Донецького національного технічного університету, серія «Інформатика, кібернетика та обчислювальна техніка», випуск 93: Донецьк: ДонНТУ, 2005. – С. 159–165.
7. Теплинський К.С. Подсистема оптимізації на базі еволюційних обчислень для паралельної моделюючої середовища. / К.С. Теплинський, В.А. Трубаров, В.А. Святний – Перша міжнародна науково-технічна конференція "Моделювання и компьютерная графика", Донецьк, ДонНТУ, 2005.
8. Теплинський К.С. Методи обробки обмежень при вирішенні задач оптимізації за допомогою генетичного алгоритму / К.С. Теплинський, В.А. Трубаров – Перша міжнародна студентська науково-технічна конференція "Інформатика та комп'ютерні технології 2005", Донецьк, ДонНТУ, 2005.
9. Теплинський К.С. Підсистема оптимізації на базі еволюційних обчислень для паралельного моделюючого середовища. / К.С. Теплинський, С.Ю. Гоголенко, В.А. Трубаров – Регіональна студентська науково-технічна конференція "Комп'ютерний моніторинг та інформаційні технології", Донецьк, ДонНТУ, 2005.

АНОТАЦІЯ

Теплинський Костянтин Сергійович. Паралельне комп'ютерне моделююче середовище, орієнтоване на ідентифікацію параметрів моделей складних динамічних систем. – Рукопис.

Дисертація на здобуття наукового ступеня кандидата технічних наук за спеціальністю 05.13.05 – Комп'ютерні системи та компоненти – Донецький національний технічний університет, Красноармійськ, 2016.

Дисертація присвячена дослідженню і вдосконаленню організації комп'ютерних ресурсів, орієнтованих на оптимізацію та ідентифікацію параметрів моделей складних динамічних систем, зокрема, біологічних і хімічних моделей.

Показана роль паралельного моделюючого середовища як форми організації обчислювально-інформаційних ресурсів складних динамічних систем. Розроблено структуру паралельного моделюючого середовища, що орієнтоване на моделювання, оптимізацію та ідентифікацію параметрів складних динамічних систем. Сформульовано вимоги до середовища моделювання, на основі яких визначено його функції. Проведено декомпозицію апаратного та програмного забезпечення розподіленого паралельного моделюючого середовища стосовно ідентифікації параметрів складних динамічних систем.

Розроблено підсистему оптимізації на основі модифікацій генетичного алгоритму. Запропоновано новий гібридний алгоритм, де генетичний алгоритм використовується спільно з локально детерміністичним методом, який дозволяє підвищити продуктивність оптимізації. Розроблено набір необхідних модифікацій алгоритму для ефективною оптимізації з урахуванням особливостей біологічних моделей.

Виконано дослідження ідентифікації параметрів складних нелінійних моделей системної біології. В якості тестової розглянута модель трьохступеневого біохімічного метаболізму, яка містить систему 8 звичайних диференціальних рівнянь, що описують зміну концентрації метаболітів в часі і 36 параметрів. Крім цього, в якості тестової використовувалися екологічна модель хижака і жертви Лотка-Вольтерра та модель хімічного змішувального реактора Хафке. Особливістю оптимізації таких моделей є висока складність (36 параметрів), мультимодальність, велика кількість експериментів, для яких виконується ідентифікація параметрів. Розроблено підсистему оптимізації на базі генетичного алгоритму, яка містить велику кількість параметрів і модифікацій.

Запропоновано механізм тестування всіх реалізованих параметрів. Розроблену підсистему оптимізації інтегровано в паралельне моделююче середовище DIANA, яка розробляється інститутом Макса-Планка (Магдебург, Німеччина) спільно з ДонНТУ, і успішно використовується для вирішення задач глобальної оптимізації складних динамічних систем

Виконано апріорну оцінку ефективності паралельного підходу при вирішенні за допомогою ГА задач глобальної оптимізації складних динамічних

систем. Розроблено паралельний генетичний алгоритм типу «робітник - господар» та експериментально доведено його ефективність.

Досліджено вплив складності задачі ідентифікації параметрів складних динамічних систем на ефективність розпаралелювання в підсистемі оптимізації: розпаралелювання завдань більшої складності дає більший ефект.

Досліджено ефективність використання технологій MPI і CORBA для розпаралелювання задач ідентифікації параметрів СДС. Стандарт MPI виявився більш швидким і ефективним (оскільки має менший час на обмін даними), однак CORBA можна використовувати там, де фактор стабільності системи взагалі, впродовж тривалого часу відіграє істотну роль.

Ключові слова: паралельні комп'ютерні системи, проблемно-орієнтоване паралельне моделююче середовище, моделювання, складні динамічні системи, ідентифікація параметрів, генетичний алгоритм.

АННОТАЦИЯ

Теплинский Константин Сергеевич. Параллельная компьютерная моделирующая среда, ориентированная на идентификацию параметров моделей сложных динамических систем. – Рукопись.

Диссертация на соискание ученой степени кандидата технических наук по специальности 05.13.05 – Компьютерные системы и компоненты – Донецкий национальный технический университет, Красноармейск, 2016.

Диссертация посвящена исследованию и совершенствованию организации компьютерных ресурсов, ориентированных на оптимизацию и идентификацию параметров моделей сложных динамических систем, в частности, биологических и химических моделей.

Показана роль параллельной моделирующей среды как формы организации вычислительно-информационных ресурсов для моделирования сложных динамических систем. Разработана структура параллельной среды моделирования, которая ориентирована на моделирование, оптимизацию и идентификацию параметров сложных динамических систем. Сформулированы требования к параллельной среде моделирования, на основе которых определены ее функции. Проведена декомпозиция аппаратного и программного обеспечения распределенной параллельной среды моделирования применительно к идентификации параметров сложных динамических систем.

Разработана подсистема оптимизации на основе модификаций генетического алгоритма. Разработан новый гибридный алгоритм, где генетический алгоритм используется совместно с локально детерминистическим методом, который позволяет повысить продуктивность оптимизации. Предложен набор необходимых модификаций алгоритма для эффективной оптимизации с учетом особенностей биологических моделей.

Выполнено исследование идентификации параметров сложных нелинейных моделей системной биологии. В качестве тестовой рассмотрена модель трехступенчатого биохимического метаболизма, которая содержит систему 8 обыкновенных дифференциальных уравнений, описывающих

изменение концентрации метаболитов во времени и 36 параметров. Кроме этого, в качестве тестовой использовались экологическая модель хищника и жертвы Лотка-Вольтерра и модель химического смесительного реактора Хафке. Особенностью оптимизации таких моделей является их высокая сложность (36 параметров), мультимодальность, большое количество экспериментов, для которых выполняется идентификация параметров. Так же, как для указанной модели, так и для многих других биологических моделей, характерна высокая зависимость (чувствительность) параметров модели друг от друга. Разработана подсистема оптимизации на базе генетического алгоритма, которая содержит большое количество параметров и модификаций.

Разработан механизм тестирования всех реализованных параметров. Разработанная подсистема оптимизации интегрирована в параллельную моделирующую среду DIANA, которая разрабатывается институтом Макса-Планка (Магдебург, Германия) совместно с ДонНТУ и успешно используется для решения задач глобальной оптимизации сложных динамических систем.

Выполнена априорная оценка эффективности параллельного подхода к решению с помощью ГА задач глобальной оптимизации сложных динамических систем. Разработан параллельный генетический алгоритм типа «рабочий-хозяин» и экспериментально доказана его эффективность.

Исследовано влияние сложности задачи идентификации параметров сложных динамических систем на эффективность распараллеливания в подсистеме оптимизации: распараллеливание задач большей сложности дает больший эффект.

Исследована эффективность использования технологий MPI и CORBA для распараллеливания задач идентификации параметров сложных динамических систем. Стандарт MPI оказался более быстрым и эффективным (поскольку имеет меньшее время на обмен данными), однако CORBA можно использовать там, где фактор стабильности системы вообще на протяжении длительного времени играет существенную роль, поскольку она позволяет динамическое добавление клиентов во время выполнения и сохраняет стабильность системы в целом при выходе из строя одного из клиентов.

Ключевые слова: проблемно ориентированная параллельная моделирующая среда, параллельные компьютерные системы, моделирование, сложные динамические системы, идентификация параметров, генетический алгоритм.

SUMMARY

Konstantin Teplinskiy. Parallel computer simulation environment, oriented to parameters identification of complex dynamic systems. – Manuscript.

Thesis for a candidate's degree by speciality 05.13.05. – Computer Systems and Components – Donetsk National Technical University, Krasnoarmiisk, 2016.

Dissertation is devoted to research and improve the organization of computer resources, focused on the identification and optimization of parameters of models of complex dynamic systems, such as biological and chemical models.

It is shown the role of the parallel simulation environment as a form of the organization of computing and information resources for complex dynamic systems.

The structure of the parallel simulation environment is designed, that focuses on modeling, optimization and parameter identification of complex dynamic systems. The requirements for parallel simulation environment, which are defined on the basis of its functions and simulation stages. The decomposition of hardware and software is implemented for distributed parallel simulation environment with regard to the identification of parameters for complex dynamic systems.

Developed optimization subsystem based on genetic algorithm modifications. A new hybrid algorithm is designed, wherein the genetic algorithm used in conjunction with locally deterministic method, which can improve productivity optimization. We propose a set of modifications necessary for effective optimization algorithm taking into account the characteristics of biological models.

The researches performed for the parameters identification of complex non-linear models of biology systems. As a test the model of the three-step biochemical metabolism is proposed, which contains 8 systems of ordinary differential equations describing the change in the concentration of metabolites in time and 36 parameters. In addition, as the test we used an ecological model of predator and prey Lotka-Volterra model and chemical mixing reactor Hawke. Features of optimization of these models are their very high complexity (36 parameters), multimodality, a large number of experiments (16), for which the parameter identification is done. Also for this model, and for many other biological models, it is characterized by high dependence (sensitivity) of the parameters model from each other. In connection with these features GA was further modified. The optimization subsystem is designed based on a genetic algorithm, which contains a large number of options and modifications.

The testing mechanism implemented for all parameters. Designed optimization subsystem is integrated into the parallel simulation environment DIANA, which is developed by the Max-Planck Institute (Magdeburg, Germany) together with the Donetsk National Technical University, and has been successfully used to solve problems of global optimization of complex dynamic system

A priori evaluation of the effectiveness is done for the parallel approach of solving optimization problems using GA. global optimization of complex dynamic systems. A parallel genetic algorithm such as "worker -master" is designed which experimentally proved its effectiveness.

It is researched the influence of problem complexity of identification of parameters of complex dynamic systems to the efficiency of parallelization subsystem optimization: parallelizing tasks of greater complexity is more effective.

The efficiency in investigated for technology MPI and CORBA using to parallelize tasks parameter identification of complex dynamic systems. MPI standard proved to be faster and more efficient (because it has less time for data exchange), but CORBA can be used where the factor of stability of the system in general has long played an important role since it allows the dynamic addition of clients during and maintains the stability of the system whole in case of failure of one of the clients.

Keywords: problem oriented parallel Simulation Environment, parallel computer systems, simulation, complex dynamic system, parameter identification, genetic algorithm.