

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ВНУТРИВИДОВОЙ СТРУКТУРЫ ЭЛЕКТРОМЕХАНИЧЕСКИХ ПРЕОБРАЗОВАТЕЛЕЙ ЭНЕРГИИ

Шинкаренко В.Ф., д.т.н., проф., Августинович А.А., Нестыкайло О.С.
Украина, 03056, Киев-56, пр-т Перемоги, 37, НТУУ "КПИ", корп. 20, кафедра электромеханики.
тел./факс (044) 241-76-38; e-mail: ntuukafem@ua.fm

Розглянуто генетичні принципи видоутворення електромеханічних систем. На прикладі домінуючого виду циліндричних електричних машин поступального руху, синтезовано структуру геному і популяційну структуру виду. Здійснено оцінку адекватності генетичних моделей видоутворення. Показано напрями практичного використання отриманих результатів досліджень.

Рассмотрены генетические принципы видообразования электромеханических систем. На примере цилиндрических электрических машин поступательного движения синтезировано структуру генома и популяционную структуру вида. Осуществлена оценка адекватности генетических моделей видообразования. Показаны направления практического использования полученных результатов исследований.

ВВЕДЕНИЕ

Результаты фундаментальных исследований, полученные в последние годы в области структурной электромеханики, коренным образом изменили представления о принципах строения и развития электромеханических систем - наиболее распространенного и наиболее востребованного класса преобразователей, созданных человеком. В рамках теории эволюции электромеханических систем (ЭМ-систем) [1] получила подтверждение гипотеза о генетической природе и видовом разнообразии развивающихся систем природно-антропогенного происхождения.

Ключевой проблемой теории, претендующей на статус эволюционной, является проблема Вида развивающейся системы. Научное обоснование генетической природы Вида ЭМ-системы открыло возможность решения широкого круга принципиально новых задач, постановка которых в рамках классической научной парадигмы была проблематичной или полностью невозможной [2]. К числу таких научных проблем относятся задачи определения внутренней структуры видов электрических машин (ЭМ), постановка и решение которых относится к прерогативе нового научного направления, обобщаемого понятием генетической электромеханики [3, 4].

По своей сущности задачи определения внутренней структуры Видов ЭМ относятся к классу системных, инновационной направленности. Основная сложность задач такого типа обусловлена сложностью моделирования индетерминированных, когнитивных процессов коллективного мышления и порождения технических новшеств (инноваций), которые выступают в качестве движущего фактора реальной эволюции прогрессирующего разнообразия ЭМ. До последнего времени, считалось, что такие задачи решению не подлежат.

В данной статье ставятся на обсуждение возможности генетического моделирования для постановки и решения широкого класса инновационных задач по определению как генома, так и структуры популяций произвольных видов ЭМ базового уровня.

ПРОБЛЕМА ВИДА

Категория вида составляет фундамент эволюционного учения и таксономическую основу систематики развивающихся систем произвольной физической природы. Научное обоснование категории вида ЭМ-систем [1, 4] открыло возможность постановки задач

исследования макро- и микроэволюционных процессов структурообразования в развивающихся классах ЭМ, как на надвидовом уровне (образование функциональных классов ЭМ-систем), так и на внутривидовом уровне (образование популяций).

В генетической концепции эволюции, вид ЭМ-системы представляет сложную репродуктивную систему генетически родственных электромеханических объектов, образующих в процессе развития структурные популяции. Образование внутренней структуры видов составляет сущность микроэволюционных процессов в инновационном развитии структурного разнообразия ЭМ-систем. В теории микроэволюции, популяция рассматривается как элементарная подсистема, движущими факторами развития которой составляют инновационные процессы структурно-функциональной адаптации электромеханических объектов определенного вида.

Научную основу для решения таких задач составляют теоретические положения генетической теории структурной организации видов ЭМ-систем, открывающие возможность моделирования детерминированных составляющих процессов внутривидового структурообразования, устанавливающих границы генетической изменчивости и определяющих структурную преемственность в наследственной цепи усложняющихся электромагнитных структур: "Первичный источник поля" → "Родительская электромагнитная хромосома" → "Структура генома" → "Структурные популяции" → "Вид ЭМПЭ". Основу такой корреляционной закономерности, составляет принцип сохранения генетического кода базового вида ЭМ-системы, что открывает возможность получения полной информации о порождающих электромагнитных структурах (геноме) произвольного вида ЭМ, независимо от реального времени его эволюции [3].

Поэтому моделирование и синтез популяционной структуры видов составляет ключевую проблему на пути познания и упорядочения генетических процессов структурообразования электрических машин, управляемых инновационной деятельностью человека.

ПОСТАНОВКА ЗАДАЧИ

Образование популяционной структуры реально-информационных видов, в общем случае, можно рассматривать как индетерминированный пространственно-сетевой процесс, отображающий интегральную динамику возникновения, трансформации и переноса

технических новшеств (инноваций) в пределах конкретного вида ЭМ. Теоретическое обоснование и системные принципы, лежащие в основе популяционной генетики ЭМ-систем впервые обобщены в монографии [1]. В качестве движущих факторов микроэволюционных процессов выступают структурно-функциональная адаптация и структурная конкуренция, которые в конечном итоге регулируются технико-экономическим отбором.

Границы и структура популяций произвольного вида определяются генетической информацией порождающего источника поля (родительской хромосомы), обеспечивающей генетическое родство всех особей вида. Указанная закономерность обуславливает выбор генетического подхода к моделированию механизмов внутривидового структурообразования.

В общем виде задачу генетического синтеза популяционной структуры произвольного вида A_i можно сформулировать следующим образом: по известной генетической информации (генетическому коду) первичного источника электромагнитного поля ($s_0 \in A_i$) определить конечное множество порождающих электромагнитных структур (геном вида) G_A , идентифицирующих генетическую информацию популяций P_A исследуемого вида ($G_A \rightarrow P_A$) $\subset A_i$.

СИНТЕЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ

Постановка задачи синтеза, представленная в общем виде, относится к классу неявных. Для ее решения необходима дополнительная информация о генетических механизмах образования первичных электромеханических структур. Такую информацию можно получить при помощи генетических моделей, отображающих процессы образования порождающего множества электромагнитных хромосом. Концепцию генетического моделирования определяет принцип сохранения и преобразования генетической информации первичного источника поля, который реализуется в наследственной цепи усложняющихся структур: "первичный источник электромагнитного поля" \rightarrow "электромеханическая пара" \rightarrow "геном вида" \rightarrow "структура популяций".

Синтез модели популяционной структуры вида осуществляем с учетом следующих исходных положений:

- за основу принимаем дивергентную модель внутренней структуры базового вида (конвергентные процессы образования гибридных популяций на данном этапе исследований не рассматриваются);

- с целью возможности последующей проверки корректности модели, синтез порождающего хромосомного набора осуществляем на примере базового вида ЦЛ 2.0x с твердотельной вторичной частью, относящегося к классу реально-информационных и имеющего на данное время эволюции статус доминирующего в пределах класса цилиндрических машин поступательного движения [6];

- синтез модели структурообразования осуществляем с использованием генетических операторов, определяющих дивергентные процессы структурообразования видов.

С учетом принятых допущений алгоритм синтеза генетической модели должен реализовать следующие основные процедуры:

- выбор генетических операторов, удовлетворяю-

щих заданной функции цели F_U ;

- генерацию исходной инверсной пары электромагнитных хромосом 1-го поколения;
- генерацию хромосомного набора 2-го поколения;
- генерацию хромосомных наборов $2 + n$ (где $n = 1, 2, \dots$) поколений;
- проверку корректности результатов синтеза;
- визуализацию пространственно-временной структуры модели.

На основе анализа результатов синтеза определяются генетически-функциональное соответствие порождающих структур (расшифровка структуры генома), количественный состав и генетическая информация популяционной структуры идеального вида.

При наличии результатов патентных исследований, анализ генетической модели позволяет также установить:

- структуру, время, темпы и доминирующие направления эволюции реально-информационных популяций вида;
- количество и генетическую структуру неявных популяций (еще отсутствующих на данное время эволюции);
- инновационный потенциал вида.

При выборе генетических операторов учитывается их соответствие определенному типу электромагнитной структуры:

- пространственное совмещение двух или более исходных электромагнитных структур, различающихся своей генетической информацией моделируется оператором скрещивания f_C ;

- за изменение количественного состава основных компонентов генетической структуры отвечают операторы репликации f_R (с коэффициентом репликации $K_R = 2, 3, \dots, n$);

- относительное изменение геометрических размеров и пространственной формы активных поверхностей и элементов электромеханической структуры моделируется операторами внутривидовой мутации f_M ;

- изменению порядка пространственного размещения активных частей ЭМ-структуры, ставится в соответствие генетический оператор пространственной инверсии f_I ;

- относительное изменение пространственной ориентации бегущих (вращающихся) электромагнитных полей, электрических токов и магнитных потоков моделируется оператором электромагнитной инверсии f_E ;

Таким образом, процессы образования и усложнения порождающих структур произвольного вида ЭМ можно моделировать комбинациями из 5 генетических операторов синтеза:

$$\Sigma F_S = (f_C, f_I, f_M, f_R, f_E) \quad (1)$$

С учетом принятых ограничений, и правил применения генетических операторов (1), процедура синтеза порождающих ЭМ-структур, приобретает направленный характер и ее можно представить конечной последовательностью композиций (K_1, K_{21}, \dots) генетических преобразований:

$$K_1 = f_C(\text{ЦЛ } 2.0x) \rightarrow S_0 \rightarrow f_I(S_0) \rightarrow (S_0)^{-1}; \quad (2)$$

$$K_{21} = f_{M1}(S_0) \rightarrow (S_{21}) \downarrow \rightarrow f_{R1}(S_{21}) \rightarrow S_{31} \downarrow \rightarrow f_E(S_{31}) \rightarrow (S_{41}) \downarrow; \quad (3)$$

$\begin{matrix} \Pi_{21} & & \Pi_{31} \\ & & \Pi_{41} \end{matrix}$

АНАЛИЗ МОДЕЛИ

По своей природе генетические модели относятся к моделям информационного типа, характеризующихся многоуровневой наследственной структурой. Каждый высший уровень удовлетворяет принципу информационной преемственности и отличается от предшествующего более высоким уровнем организации и сложности электромеханических структур (ЭМ-структур), которые образуются в результате генетических преобразований структур исходного уровня.

Функцию порождающей электромагнитной структуры (родительской хромосомы) в генетической модели выполняет первичный источник поля, генетическая информация которого определяется его местоположением в периодической структуре Генетической классификации (ГК) первичных источников электромагнитного поля [1]. Для исследуемого класса ЭМ функцию порождающей структуры выполняет источник поля ЦЛ 2.0 х.

Структура генетического кода родительской хромосомы указывает на ее принадлежность к группе ориентируемых топологически эквивалентных источников, характеризующихся электромагнитной дисимметрией (x -асимметрия, y -симметрия). Цилиндрическая форма активных поверхностей и x -ориентированность источника поля определяют поступательный вид движения подвижной части всех структур-потомков, синтезированных на этом источнике.

Родительская электромагнитная хромосома выполняет функцию порождающей по отношению к инверсной паре хромосом S_0, S_0^{-1} первого поколения G_1 . Инверсные элементарные ЭМ-структуры осесимметричного типа, принадлежащие к одной группе предметной области ГК, можно получить путем применения гомеоморфного преобразования, обобщаемого в топологии под названием "выворачивание фигуры наизнанку"

$$K_{22} = f_{M2}(S_0) \rightarrow (S_{22}) \downarrow \xrightarrow{P_{22}} f_{R1}(S_{22}) \rightarrow S_{321} \downarrow \xrightarrow{P_{321}} f_E(S_{321}) \rightarrow S_{42} \downarrow ; \quad (4)$$

$$K_{21}^* = f_{M2}(S_0^{-1}) \rightarrow (S_{21}^*) \downarrow \xrightarrow{P_{21}^*} f_{R2}(S_{21}^*) \rightarrow (S_{31}^*) \downarrow \xrightarrow{P_{31}^*} f_{R1}(S_{31}^*) \rightarrow (S_{41}^*) \downarrow \xrightarrow{P_{41}^*} f_E(S_{41}^*) \rightarrow (S_{51}^*) \downarrow ; \quad (5)$$

$$K_{22}^* = f_{M1}(S_0^{-1}) \rightarrow (S_{22}^*) \downarrow \xrightarrow{P_{22}^*} f_{R1}(S_{22}^*) \rightarrow (S_{32}^*) \downarrow \xrightarrow{P_{32}^*} f_E(S_{32}^*) \rightarrow (S_{42}^*) \downarrow ; \quad (6)$$

$$K_{32} = f_{R2}(S_{22}) \rightarrow (S_{322}) \downarrow \xrightarrow{P_{322}} f_{R1}(S_{322}) \rightarrow (S_{43}) \downarrow \xrightarrow{P_{43}} f_E(S_{43}) \rightarrow (S_{53}) \downarrow ; \quad (7)$$

где S_0 – порождающая хромосома 1-го поколения (электромеханическая пара); $S_{21}, S_{32}, S_{41}, \dots$ – синтезированные хромосомы 2-го, 3-го и последующих поколений; P_{21}, P_{22}, \dots – популяции.

Результаты преобразований, представленные выражениями (2) – (7), можно рассматривать как формализованную запись генетических механизмов структурообразования хромосомных наборов (G_1, G_2, G_3, \dots), обладающих наследственной информацией и способных к образованию модифицированных структур-потомков, которые, в свою очередь, определяют генетическую структуру потенциально возможных популяций ($P_{21}, P_{22}, P_{31}, \dots$) исследуемого вида.

Графическая интерпретация генетической модели, отображающая многоуровневую структуру генома и структуру популяций цилиндрических ЭМ поступательного движения базового вида ЦЛ 2.0 х, представлена на рис. 1.

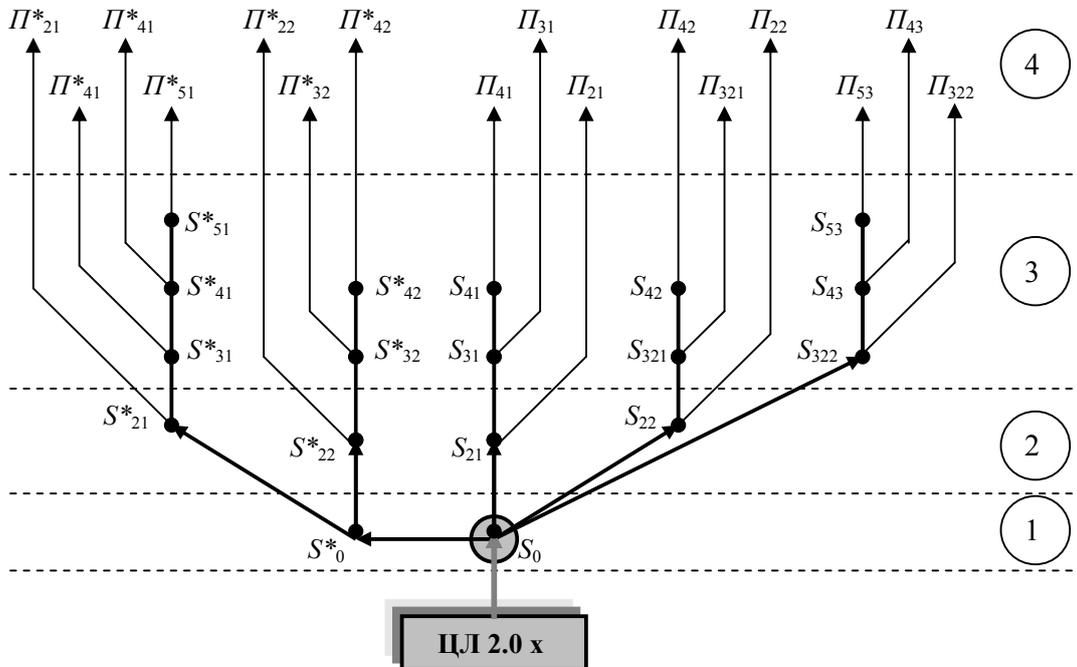


Рис. 1. Генетическая модель популяционной структуры цилиндрических электрических машин поступательного движения (базовый вид ЦЛ 2.0х): ЦЛ 2.0х – родительская хромосома; 1 – порождающая пара хромосом 1-го поколения (S_0 – нормальная; S_0^{-1} – инверсная); 2 – хромосомный набор 2-го поколения; 3 – хромосомный набор $2 + n$ ($n = 1, 2, \dots$) поколений; 4 – структура популяций.

$$\{f_i(S_0) \rightarrow S_0^{-1}\} \in G_1 \quad (8)$$

Реализация поступательного движения в ЭМ вида ЦЛ 2.0х обуславливает необходимость выполнения продольных размеров одной из активных частей ЭМ-структуры превышающей размеры другой на длину перемещения ее подвижного элемента. В генетической модели четыре возможных варианта ЭМ-структур с такими свойствами моделируются генетическими операторами мутации, которым ставится в соответствие хромосомный набор второго поколения G_2 , определяющий генетическую информацию соответствующей подгруппы популяций:

$$\langle S_{21}, S_{22}, S_{21}^*, S_{22}^* \rangle \in G_2 \rightarrow (P_{21}, P_{22}, P_{21}^*, P_{22}^*) \quad (9)$$

Системным признаком группы популяций, представленным выражением (9), являются соответствующие варианты моноструктур цилиндрических ЭМ с короткой первичной и вторичной частями нормального и инверсного типов (последние обозначены индексом *).

Хромосомный набор третьего поколения G_3 представлен группой порождающих структур, образованных композицией операторов репликации и электромагнитной инверсии. Хромосомный набор G_3 определяет генетические свойства остальных 12 популяций, представленных четвертым уровнем генетической модели (рис. 1)

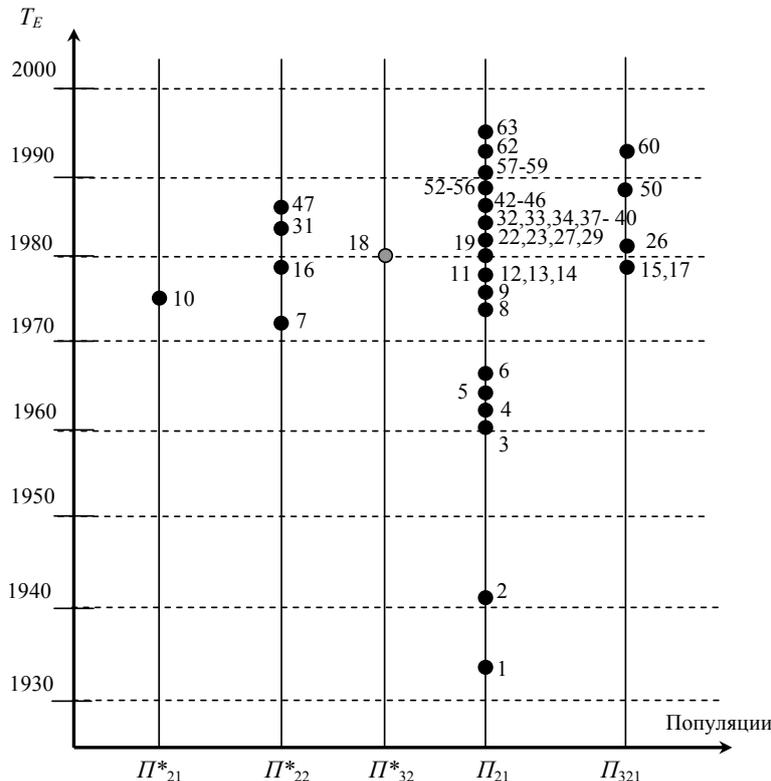


Рис. 2. Результаты проверки достоверности генетической модели (цифрами обозначены порядковые номера технических новшеств, образующих популяции)

Условием адекватности генетической модели (рис. 1) реальным процессам структурообразования вида ЦЛ 2.0х за время T_E можно считать выполнение следующих условий:

$$\begin{aligned} (a_1, a_2, a_3, \dots, a_n) &\subset G_{\text{ЦЛ 2.0х}}, \\ a_i &\in P_j, i = 1, n; j = 1, m; \end{aligned} \quad (11)$$

где: a_1, a_2, \dots - конечное множество реально-информационных структурных представителей исследуемого вида ЭМ; $G_{\text{ЦЛ 2.0х}}$ - геном идеального вида; n - общее количество ЭМ-структур, обнаружен-

$$\begin{aligned} \langle S_{31}, S_{321}, S_{322}, S_{31}^*, S_{32}^*, S_{41}, S_{42}, S_{43}, S_{41}^*, S_{42}^*, S_{51}, S_{53} \rangle = \\ = G_3 \rightarrow (P_{31}, P_{321}, P_{322}, P_{31}^*, P_{32}^*, P_{41}, P_{42}, P_{43}, \\ P_{41}^*, P_{42}^*, P_{51}^*, P_{53}) \end{aligned} \quad (10)$$

Таким образом, структуру генома идеального базового вида цилиндрических ЭМ поступательного движения ЦЛ 2.0х можно представить тремя поколениями электромагнитных хромосом, которые определяют количественный состав и генетическую информацию 16 структурных популяций.

Следует отметить, что синтезированная модель относится к классу прогностических. Она отображает структуру "идеального" вида, т.е., вида, геном которого содержит генетическую информацию как по отношению к известным структурным популяциям ЭМ, так и потенциально новым (неявным), еще не задействованным популяциям в структурной эволюции вида.

ПРОВЕРКА ДОСТОВЕРНОСТИ РЕЗУЛЬТАТОВ МОДЕЛИРОВАНИЯ

Достоверность генетической модели структурообразования определялась на основе сравнительного анализа результатов патентных исследований и результатов синтеза. Патентный поиск осуществлялся на глубину 75 лет, что соответствует реальному времени эволюции (T_E) вида ЦЛ 2.0х.

ных за время T_E ; m - общая численность синтезированных популяций исследуемого вида.

Принадлежность известных структурных представителей ЭМ к соответствующим популяциям P_j , определялась по результатам идентификации генетических кодов. Генетический анализ известных технических новшеств, предложенных за время T_E , показал, что все они относятся к структурным представителям лишь 5 популяций из 16 возможных (рис. 2). Это означает, что на данное время эволюции исследуемого вида значительная часть популяций еще принадлежит

к классу неявных. Наличие информации о количественном соотношении реально-информационных популяций к общей их численности, позволяет определить инновационный потенциал вида

$$P_I = \left(1 - \frac{N_r}{N_i}\right) 100\% = 69,75\% \quad (12)$$

Как видно из рис. 2 реально-информационные популяции существенно отличаются как по своей численности, так и по времени эволюции. Неравномерность распределения структурного разнообразия – неизбежное следствие внутривидовой конкуренции генетически родственных структур, регулируемое отбором. На текущее время эволюции роль доминирующей выполняет популяция P_{12} , отображающей процессы расширения структурного разнообразия, усовершенствования и функциональной адаптации наиболее распространенной разновидности ЭМ с коротким индуктором. Около 80% новшеств (в пределах вида) непосредственно направлены на усовершенствование именно этой разновидности ЭМ. Эволюция электродвигателей с такой генетической структурой насчитывает уже несколько поколений. Структурные представители базового вида ЦЛ 2.0х нашли широкое применение в управляемых исполнительных приводах возвратно-поступательного и колебательного движения, в установках ударного и импульсного действия, в электроприводе роботизированных комплексов, в специальном технологическом оборудовании и других системах.

Следующие по мощности популяции (P_{321} и P_{22}^*) по своей численности не превышают 10%. Структурное потомство популяции P_{321} представлено многоиндукторным вариантом исполнения. Такие ЭМ реализованы в приводах прокидки челноков, автоколебательных системах, функционирующих в режиме "электромагнитной пружины" и ряде других специальных применений. Электромеханические структуры, представляющие генофонд P_{22}^* , представляют собой инверсный (обращенный) вариант структурной реализации, по отношению к генетически родственным объектам доминирующей популяции P_{22} . Наличие единичных представителей в популяциях P_{21}^* и P_{22}^* , объясняется относительно низкой конкурентоспособностью инверсных ЭМ-структур из-за сложности их конструктивной реализации.

Идентичность генетической информации в реально существующих структурных представителях и генетически синтезированных порождающих структурах, подтверждает достоверность предложенной модели структурообразования. Инвариантность генетических операторов к порождающей структуре вида, обеспечивает универсальность применения модели по отношению к аналогичным задачам синтеза других базовых видов ЭМ.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Основные результаты исследования, можно обобщить следующими положениями:

1. Внутренняя структура базового вида ЭМ адекватно отображается генетической моделью, основу которой составляют научные положения генетической теории структурной организации и эволюции базовых видов ЭМ и фундаментальный принцип сохранения генетического кода первичного источника электромагнитного поля.

2. Генетические модели видообразования отображают структуру генома вида и относятся к классу прогностических, которые аккумулируют огромный объем генетической и эвристической информации о структурном и инновационном потенциале как известных, так и потенциально возможных (неявных) популяций.

3. Достоверность предложенной генетической модели подтверждается реальными процессами структурообразования цилиндрических ЭМ поступательного движения, что свидетельствует о корректности теоретических положений генетической теории структурной организации ЭМ-систем.

4. Впервые синтезирована и идентифицирована структура генома наиболее продуктивного вида цилиндрических ЭМ поступательного движения ЦЛ 2.0х, которая определяется хромосомным набором из 18 порождающих структур.

5. Впервые определена и упорядочена внутренняя структура вида, представленная 16 популяциями.

6. Определен инновационный потенциал исследуемого вида, который открывает возможность перехода к стратегии управляемого инновационного развития ЭМ поступательного движения.

7. Результаты выполненных исследований открывают возможность постановки новых научных задач, в том числе:

- направленного проектного синтеза генетически модифицированных разновидностей ЭМ с заданной функцией цели в пределах произвольных видов ЭМ;
- расшифровки структуры генома видов ЭМ, как основы создания Национального генетического банка данных инноваций в области структурной электромеханики;
- разработки методологических основ внутривидовой геносистематики структурного разнообразия ЭМ (аналога гамма-систематики в биологии).

ЛИТЕРАТУРА

- [1] Шинкаренко В.Ф. Основы теорії еволюції електромеханічних систем. – К.: Наукова думка, 2002. – 288 с.
- [2] Шинкаренко В.Ф. Системные парадоксы классической электромеханики. – Материалы междунар. науч.-техн. конф. "Проблемы повышения эффективности электромеханических преобразователей в электроэнергетических системах". – Севастополь, 2004. – С. 76-79.
- [3] Шинкаренко В.Ф. Задачи и проблемы генетической электромеханики. – Материалы междунар. науч.-техн. конф. "Проблемы повышения эффективности электромеханических преобразователей в электроэнергетических системах". – Севастополь, 2003. – С. 11-15.
- [4] Шинкаренко В.Ф. На пути к расшифровке генома электромеханических преобразователей энергии. // Техн. электродинамика. Темат. вып.: "Проблемы сучасної електротехніки". Ч.3. - 2004. – С. 40-47.
- [5] Шинкаренко В.Ф. Принципы построения эволюционной систематики структур электромеханических систем // Техн. электродинамика. - 2000. - № 2. - С. 45-49.
- [6] Шинкаренко В.Ф., Платкова Н.А., Августинович А.А. Границы классов и структура генома электрических машин вращательного и поступательного движения. – Материалы междунар. науч.-техн. конф. "Проблемы повышения эффективности электромеханических преобразователей в электроэнергетических системах". – Севастополь, 2004. – С. 79-81.

Поступила 23.12.2005