

В. І. Литвиненко¹, О. А. Кожухівська², А. О. Фефелов³¹Херсонський національний технічний університет,
кафедра інформатики і комп'ютерних наук²Educational and Research Institute of Natural Sciences
Cherkasy National University named after Bogdan Khmelnytsky,³Kherson National Technical University,
Department of Design

МЕТОД ПРОГНОЗУВАННЯ ГЕТЕРОСКЕДАСТИЧНИХ ПРОЦЕСІВ З ВИКОРИСТАННЯМ СИНТЕЗОВАНИХ ПОЛІНОМІАЛЬНИХ НЕЙРОННИХ МЕРЕЖ

© Литвиненко В. І., Кожухівська О. А., Фефелов А. О., 2015

Запропоновано метод пошуку функціональних залежностей у динамічних системах за набором вхідних даних, за допомогою гібридного клонального алгоритму і синтезованої за допомогою клонального алгоритму поліноміальної нейронної мережі. Запропоновано технологію побудови моделей гетероскедастичних процесів.

Ключові слова: гетероскедастичний процес, волатильність, алгоритм клонального відбору, МГУА, поліноміальна нейронна мережа.

This paper proposes a method of finding functional relationships in dynamical systems on the set of input data by clonal hybrid algorithm and clonal synthesized using polynomial algorithm neural network. The technology of building models heteroscedastic processes.

Key words: heteroscedastic process, volatility, algorithm clonal selection, GMDH, polynomial neural network.

Вступ. Загальна постановка проблеми

Прийняття обґрунтованих оперативних і стратегічних рішень щодо розвитку нестаціонарних процесів неможливе без використання прогнозів тенденцій розвитку і ризиків, які виникають у процесах [1, 2]. Існує низка методів та підходів до розв'язання задачі математичного моделювання і прогнозування як загальних тенденцій до зростання або спаду того чи іншого процесу, так і ризиків, які часто нестаціонарні [3, 4]. Гетероскедастичними називають процеси зі змінною в часі дисперсією. Гетероскедастичні процеси належать до широкого класу нестаціонарних процесів, в які входять такі процеси, як процеси з детермінованими і стохастичними трендами; процеси зі змінною дисперсією; процеси, які характеризуються змінним у часі математичним сподіванням та змінною дисперсією одночасно; процеси зі змінною коваріацією [5]. При цьому як міру ризику під час дослідження фінансово-економічних процесів використовують дисперсію або стандартне відхилення (волатильність) залежної змінної. Волатильність характеризує ступінь мінливості процесу в часі. У технічних процесах дисперсія – міра розсіювання вимірів. Вона може характеризувати: поточний стан механізмів, технологічних процесів, інтенсивностей випадкових збурень, що впливають на технічні системи; інтенсивність похибок вимірів, тому це є важливим параметром для дослідження майбутнього стану системи [5]. Досліджуючи соціальні процеси, дисперсію і стандартне відхилення використовують для порівняння різних соціальних груп або різних множин індивідуумів, що належать до однієї соціальної групи [5]. Наявність коректної та адекватної моделі поведінки дисперсії дозволяє надійно прогнозувати її значення на один або кілька кроків наперед. Це дає можливість поліпшувати якість рішень стосовно управління процесами зі змінною в часі дисперсією. Дисперсію та стандартне відхилення також використовують у системах аналізу якості продукції для побудови контрольних карт, визначення точності розмірів тощо. Існує декілька підходів до побудови математичних моделей гетероскедастичних процесів і її застосування до

описання динаміки часових рядів. Так, у роботі [6] запропонована методика побудови математичних моделей гетероскедастичних процесів і її застосування до описання динаміки часових рядів і спрощений тест на гетероскедастичність та алгоритм урахування імпульсних складових ряду, які суттєво перевищують його середнє значення. Побудовано функції прогнозу дисперсії як міри ризику на основі розв'язків рівнянь. Наведено приклади прогнозування реальних рядів. У роботі [7] розглядаються можливості прогнозування нелінійних динамічних процесів, зокрема процесів зі змінною дисперсією (гетероскедастичні процеси). Для цієї мети застосовуються регресійні методи, нейронні мережі, метод подібних траєкторій. У роботі [8] запропоновано підхід до вибору торгового робота, який відрізняється можливістю прогнозування умовної дисперсії за множиною моделей гетероскедастичних процесів і моделей прогнозування напряму руху ціни за допомогою таких моделей, як логістична регресія, дерева рішень, байєсівська мережа. В [9] вперше запропоновано застосувати гібридні штучні імунні системи на основі операторів програмування експресії генів [15–16] для розв'язання задач побудови моделей нелінійних, зокрема гетероскедастичних, процесів. У [10] запропоновано методологію, яка використовує структурно-параметричний синтез радіально-базисних мереж за допомогою алгоритму клонального добору, які використовуються в процесі прогнозування гетероскедастичних процесів.

Оскільки розвиток нестационарних процесів представляють часовими рядами, в цій роботі основну увагу приділено проблемам моделювання і прогнозування фактичних часових рядів з комбінованим використанням імунних алгоритмів і поліноміальних нейронних мереж на основі моделей авторегресії. Такі моделі доцільно застосовувати в системах підтримки прийняття рішень для прогнозування вартості акцій та інших біржових активів, курсів валют, рівня інфляції, цін на товари тощо.

Мета дослідження. Метою є розроблення методології підвищення якості прогнозів випадкових трендів і волатильності нестационарних процесів за рахунок розроблення нових моделей методів їх оцінювання.

Постановка задачі. Розробити методику створення інформаційних технологій за допомогою штучних імунних систем для прогнозування гетероскедастичних процесів.

Розв'язання задачі

Розвиток теорії штучних імунних систем (ШИС) зумовив появу подальших розробок у напрямі їх гібридизації з іншими обчислювальними системами [9]. Ідея гібридизації ґрунтується на тому факті, що більшість парадигм містять елементи, інформація про які потребує попереднього визначення, а це є непростю задачею.

Більшість алгоритмів МГУА використовують поліноміальну базисну функцію. Загалом зв'язок між вхідними і вихідними змінними може бути виражений у вигляді функціонального ряду Вольєрра, дискретним аналогом якого є поліном Колмогорова–Габо́ра:

$$y = a_0 + \sum_{i=1}^M a_i x_i + \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^M a_{ij} x_i x_j + \sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^M \sum_{k=1}^M a_{ijk} x_i x_j x_k \quad (1)$$

де $X = (x_1, x_2, \dots, x_M)$ – вхідний вектор змінних; $A = (a_1, a_2, \dots, a_M)$ – вектор коефіцієнтів або ваг.

Компонентами вхідного вектора X можуть бути незалежні змінні, функціональні форми або кінцеві різницеві члени. Інші нелінійні базисні функції, наприклад, диференціальні, логістичні, імовірнісні або гармонійні, також можуть бути застосовані для побудови моделі. Метод дозволяє одночасно отримати оптимальну структуру моделі та залежність вихідних параметрів від вибраних найзначущіших вхідних параметрів системи [11, 12]. Поліноміальні нейронні мережі, також відомі як МГУА-подібні нейронні мережі, використовують комбінаторний алгоритм для оптимізації нейронного зв'язку. Основним критерієм оптимізації в МГУА є критерій мінімуму середньоквадратичної похибки. Знаходять цей мінімум за допомогою перебору варіантів, що використовують навчальні та перевіряльні послідовності даних. Вибір найкращих варіантів здійснюється за допомогою порогових принципів [14]. Алгоритм ітеративно створює шари нейронів з двома або більше входами. Алгоритм зберігає тільки обмежений набір оптимально складних нейронів, які позначаються як початкова ширина шару. Кожен новий шар створюється за допомогою двох або

більше нейронів, взятих з будь-якого з попередніх шарів. Кожен нейрон у мережі застосовує передавальну функцію (зазвичай з двома змінними), що дозволяє комбінаторному пошуку вибрати передавальну функцію, що прогнозує дані найточніше. Передавальна функція зазвичай має квадратичну або лінійну форму. МГУА-подібні мережі створюють багато шарів, але шари сполук є настільки рідкісними, що їх може бути лише кілька з'єднань на один шар. Алгоритм повертає тільки обмежену кількість нейронів з кожного шару; кожен новий шар можна підключити до попереднього, тому шару ширина постійно зростає. З урахуванням того, як рідко верхні шари населення покращують кількість моделей, ми ділимо додатковий розмір наступного шару на два і генеруємо тільки половину нейронів, отриманих на попередньому шарі, тобто кількість нейронів N у шарі $k \in N_k = 0,5 \cdot N_{k-1}$. Це робить евристичний алгоритм швидшим, тоді як можливість погіршити якість моделі низька [12]. Генерація нових шарів зазвичай припиняється, коли новий шар не може показати кращу тестувальну точність, ніж попередній шар. Однак також припиняється створення нових шарів, якщо помилка тестування була знижена менш ніж на 1 %, або якщо кількість шарів досягла певної визначеної межі. Використання як активаційних функцій тих чи інших поліномів дає певні переваги порівняно з традиційними нейронними мережами: простоту з погляду числової реалізації, високу швидкість навчання в умовах обмеженої навчальної вибірки, а також у випадках, коли дані на обробку подаються через довільні заздалегідь не відомі інтервали часу, а архітектура нейронної мережі може бути ускладнена без необхідності перерахунку вже налаштованих синаптичних ваг [13]. Тому в цій роботі пропонується підхід до синтезу адаптивних прогнозувальних моделей поліноміальних нейронних мереж.

Нижче наводиться опис методики прогнозування, основаної на математичному апараті поліноміальних нейронних мереж (ПНР) і штучних імунних систем.

Узагальнена ідея запропонованої методології [18] зображена на рис. 1. У цій роботі задача побудови прогнозувальної ПНС представлена як глобальне завдання оптимізації. Це означає, що кожен індивідуум популяції ШС кодує повне рішення, що має як структурну, так і параметричну складові. У загальному випадку кодування індивідуумів основане на [6, 7], в якому функціональний алфавіт містить два види поліномів (часткових описів): лінійний (2) і квадратичний (3).

$$y = a_0 + a_1 x_i + a_2 x_j \quad (2)$$

$$y = a_0 + a_1 x_i + a_2 x_j + a_3 x_i x_j + a_4 x_i^2 + a_5 x_j^2 \quad (3)$$

де x_i, x_j – можуть бути або вхідними змінними задачі (попередні значення часового ряду щодо розглянутого кроку), або виходами y нейронів попереднього шару ПНР; a_i – коефіцієнти.



Рис. 1. Узагальнена ідея прогнозування гетероскедастичних процесів [18]

3.1. Алгоритм клонального добору

- Основні компоненти обчислювальних моделей, які ґрунтуються на імунній парадигмі (рис. 1):
- 1) схеми представлення компонент ШПС;
 - 2) мір для кількісного оцінювання стану системи (афінності і міри оцінювання придатності);
 - 3) імунних процедур, що дозволяють керувати поведінкою системи.



Рис. 2. Структурні компоненти ШПС

Алгоритм клональної селекції [19]. Формально алгоритм клональної селекції можна подати в такий спосіб:

$$CLONALG = (P^l, G^k, l, k, m_{Ab}, \delta, f, I, \tau, AG, AB, S, C, M, n, d), \quad (4)$$

де P^l – простір пошуку (простір форм); G^k – подання простору; l – довжина вектора атрибутів (розмірність простору пошуку); k – довжина рецептора антитіла; m_{Ab} – розмір популяції антитіл; δ – функція експресії; f – функція афінності; I – функція ініціалізації початкової популяції антитіл; τ – умова завершення роботи алгоритму; AG – підмножина антигенів; AB – популяція антитіл; S – оператор селекції; C – оператор клонування; M – оператор мутації; n – кількість кращих антитіл, що відбираються для клонування; d – кількість гірших антитіл, що підлягають заміні новими.

Під афінністю під час розв'язання задач розпізнавання розуміють ступінь взаємозв'язку між даними (антигенами) і детекторами (антитілами). У цьому випадку антитіла та антигени мають формальне зображення у вигляді векторів координат (атрибутів): $Ab = (Ab_1, Ab_2, \dots, Ab_l)$ – для антитіла, та $Ag = (Ag_1, Ag_2, \dots, Ag_l)$ – для антигену (даних). Без втрати загальності припустимо, що ці вектори мають однакову розмірність. У цьому випадку під **афінністю** зв'язків антитіл один з одним або антитіл з антигенами розуміють відстань між відповідними векторами атрибутів, яка виражається у вигляді скалярного невід'ємного значення: $P^l \times P^l \rightarrow \mathfrak{R}^+$, що визначає ступінь відповідності між векторами атрибутів. Використання ступеня подібності форм приводить до того, що чим менша відстань між індивідуумами, тим вища їх афінність один до одного. Значення відстані можна обчислити за допомогою кожної з наведених нижче метрик.

У задачах оптимізації узагальнена форма антитіл являє собою вектор аргументів $Ab = (x_1, x_2, \dots, x_l)$, а як антигени використовують критерії оптимальності y_j , виражені функціями вигляду: $Ag = f(x_1, x_2, \dots, x_l)$. Значення афінності g_j обчислюються на підставі значень критеріїв y_j , відображених у множину невід'ємних чисел \mathfrak{R}^+ . Отже, існує функція афінності $g = F(f(x_1, x_2, \dots, x_n))$, яка визначає ступінь відповідності індивідуумів один одному. У таких задачах ми не можемо оперувати поняттям відстані, тому що оптимальні значення критеріїв нам заздалегідь не відомі, а отже, невідомий максимально можливий ступінь відповідності індивідуумів. Тому керування динамікою ШПС досягається за рахунок відносних значень афінності або рангу індивідуумів сукупності. Цей підхід дуже близький до концепції придатності, яка використовується в еволюційних алгоритмах, що виникли трохи раніше від теорії штучних імунних систем.

Способи подання. Термінальний алфавіт складається зі змінних задачі і випадкових констант. Для обліку параметричної складової, крім головного, і у хвостовій частині в структуру індивідуума введена область коефіцієнтів, яка розташована в кінці рядка. Загальна схема індивідуума подана на рис. 3.

h_1	t_1	h_2	t_2	...	h_n	t_n	\bar{a}_1	\bar{a}_2	...	\bar{a}_n
-------	-------	-------	-------	-----	-------	-------	-------------	-------------	-----	-------------

Рис. 3. Структура індивідуума ШПС

На цьому рисунку, h_i, t_i і \bar{a}_i – відповідно голова, хвіст і область коефіцієнтів i -ї підмережі у складі індивідуума. Генотип індивідуума представлений двійковим рядком, ділянки якого кодують індекси відповідних символів в алфавіті або константи із заданою точністю.

Функція, що обчислює афінність. Афінність індивідуумів обчислюється як середньоквадратична похибка моделі на навчальних даних D :

$$D = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^r (y_i - y_i^M)^2}{r}}, \quad (5)$$

де r – розмір вибірки; y_i – істинне значення змінної ряду; y_i^M – передбачене значення змінної за допомогою моделі.

У роботі представлена методика визначення структури і ваг поліноміальної нейронної мережі за допомогою алгоритму клонального відбору [8, 9] і показано її застосування для розв'язання задачі прогнозування часових рядів. Особливістю методики є спосіб кодування рішень, що дає змогу одночасно здійснювати структурну і параметричну ідентифікацію ПНМ.

Процедура клонального добору. Розглянемо простір форм (P^l) фенотипів і простір їхніх подань у вигляді антитіл (G^k), або простір генотипів. Функція

$$\delta: P^l \rightarrow G^k \quad (6)$$

є функцією перетворення варіантів рішень із P^l на їхні внутрішні подання (G^k) у вигляді індивідуумів популяції. Цю функцію називають ще функцією експресії. Варто сказати, що на практиці, розробляючи ШС, найчастіше вводять такі перетворення з міркувань зручності застосування імунних операторів і обчислення афінності індивідуумів. Наприклад, вектор дійсних атрибутів вимірності l може бути перетворений на рядок бітів довжини k , що уможливило застосування специфічних операторів мутації та обчислення афінності за допомогою різних видів хеммінгової відстані. Незважаючи на зазначену важливість, цей аспект не розглядається у відомих публікаціях, що стосуються проектування ШС. Тому терміни «генотип», «фенотип» і «експресія» у цьому описі запозичені із близьких за функціональним призначенням і структурою еволюційних алгоритмів, хоча вони придатніші для використання в контексті еволюції хромосом, а не молекулярних структур антитіл. Припускається також, що для кожного розв'язку $p \in P^l$ існує одне і тільки одне його подання $\delta(p) \in G^k$. При цьому в загальному випадку зворотне твердження є неправильним. Використовуючи узагальнене подання, можна ввести функцію афінності f :

$$f: P^l \times P^l \rightarrow \mathfrak{R}^+. \quad (7)$$

При цьому завдання полягає в максимізації функції афінності.

Приймаючи початковий розмір популяції антитіл (m_{Ab}), можна ввести функцію ініціалізації у вигляді:

$$I: G^k \times m_{Ab} \rightarrow AB(G^k). \quad (8)$$

Часто ініціалізація реалізується випадковими значеннями з рівномірного розподілу.

Нехай Q – унарний стохастичний оператор перетворення на множині G^k , що використовує керуючу множину K_Q для генерування керуючих параметрів, що визначають спосіб перетворення на поточному кроці роботи алгоритму. Наприклад, у випадку мутації бітових рядків бітова маска може бути використана як керуючий параметр, у якому одиничні позиції визначають номери біта індивідуума, що зазнає мутації. Отже, функціональний запис оператора Q можна подати так:

$$Q: G^k \times K_Q \rightarrow G^k. \quad (9)$$

Оптимальним рішенням $Ab_{opt} \in G^k$ щодо оператора Q й антигену $Ag \in AG$, $AG \subset G^k$ називається індивідуум, афінність якого не може збільшитись у разі подальшого впливу оператора перетворення Q , тобто

$$\forall k \in K_G : f(Q(Ab_{opt}, k), Ag) \leq f(Ab_{opt}, Ag). \quad (10)$$

Умова зупинки (τ) виконується тоді, коли популяція антитіл повністю розпізнає популяцію антигенів, тобто

$$\forall Ag \in AG : \exists Ab \in G^k \mid Ab = Ab_{opt}. \quad (11)$$

Оператор селекції S формує підмножину G_S індивідуумів, чия афінність є кращою в цьому поколінні. Отже, S разом з керуючою множиною K_S представляє функцію:

$$S : G^k \times K_S \rightarrow \{0, 1\}. \quad (12)$$

В результаті селекції утворюється множина

$$G_S = \{Ab \in G^k \mid S(Ab, k_S) = 1\}, \quad |G_S| = n. \quad (13)$$

Аналогічно реалізується відбір індивідуумів у популяцію клітин пам'яті.

Оператор клонування C збільшує представництво елементів множини G_S в популяції і разом з керуючою множиною K_C може бути записаний так:

$$C : G_S \times K_C \rightarrow G_S. \quad (14)$$

Оператор мутації M з керуючою множиною K_M :

$$M : G^k \times K_M \rightarrow G^k. \quad (15)$$

Метадинаміка системи подається функціями заміщення гірших антитіл популяції:

$$R : G^k \times d \rightarrow AB_d(G^k). \quad (16)$$

Гірші антитіла попередньо відбирають за допомогою оператора селекції.

Блок-схема алгоритму клональної селекції зображена на рис. 6. Нижче наведено узагальнене покрокове описання алгоритму.

Крок 1. Ініціалізація. Створення (зазвичай випадковими числами) початкової популяції антитіл (AB).

Крок 2. Обчислення афінності. Для кожного антитіла Ab_j , $Ab_j \in AB$ обчислити його афінність стосовно кожного антигену Ag_i , $Ag_i \in AG$. Результати записати в матрицю афінностей D : $D = [|AG| \times m_{Ab}]$ і $d_{ij} = f(Ab_j, Ag_i)$, $d_{ij} \in D$.

Крок 3. Клональна селекція і поширення. Вибрати з популяції по n кращих антитіл для кожного рядка матриці D , і помістити їх в окрему популяцію клонів AB_C , $|AB_C| = n \cdot |AG|$. Генерувати клони елементів популяції AB_C пропорційно до їх афінності, тобто що вищою є афінність, то більше клонів створюється і навпаки.

Крок 4. Дозрівання афінності. Застосувати мутацію всіх клонів популяції AB_C з ймовірністю, обернено пропорційною до їх афінностей. Тобто що нижчою є афінність індивідуума, то вищою буде ймовірність його мутації. Обчислити нову афінність кожного антитіла Ab_j , $Ab_j \in AB_C$ аналогічно п. 2 з метою побудови матриці афінностей D_C . Вибрати з популяції AB_C n антитіл, для яких відповідний вектор-стовпець матриці D_C дає кращий узагальнений результат афінності, і перенести їх у популяцію клітин пам'яті M_R .

Крок 5. Метадинаміка. Замінити d гірших антитіл популяції AB новими випадковими індивідуумами.

Крок 6. Замінити n антитіл популяції AB клітинами пам'яті з M_R і перейти до п. 2. Продовжити процедуру доти, доки не буде досягнуто значення критерію зупинки.

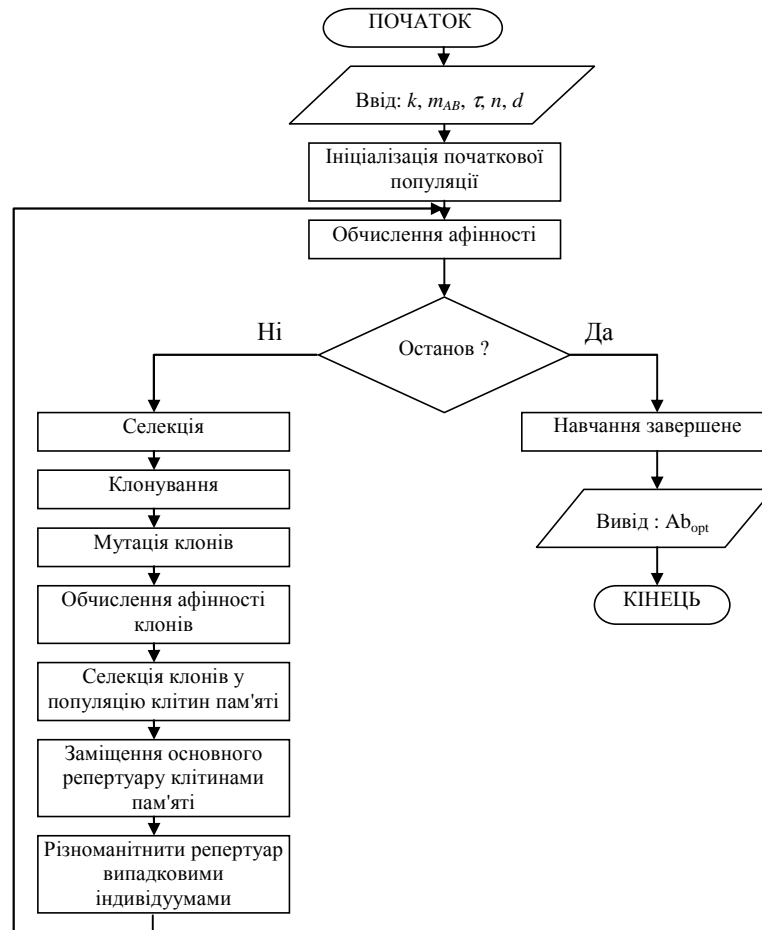


Рис. 4. Блок-схема алгоритму клональної селекції

Особливістю алгоритму клональної селекції є те, що він, на відміну від імунної мережі, підтримує постійний розмір популяції антитіл.

Використання імунних систем для прогнозування волатильності

Волатильність визначає мінливість цін за певний проміжок часу. Серед відомих методів торгівлі, методи, які використовують у своїх розрахунках волатильність ринкових цін, є одними з найефективніших. А прогнозування волатильності може збільшити ефект від використання того чи іншого методу. У цій роботі для запобігання волатильності ми використовували умовну дисперсію вибірки часового ряду. Процес з мінливою дисперсією називається гетероскедастичним і для прогнозування дисперсії необхідно побудувати модель гетероскедастичного процесу. Ми дослідили кілька схем побудови таких моделей із залученням імунних систем.

Схема 1. Послідовність побудови моделі зображено на рис. 5.

Модель авторегресії для вихідного ряду визначається у вигляді:

$$y_t = \alpha_0 + \alpha_1 y_{t-1} + \varepsilon_t \quad (17)$$

Квадрати залишків:

$$\varepsilon_t^2 = (y_t - \alpha_0 - \alpha_1 y_{t-1})^2, \quad t = 2, 3, \dots, N \quad (18)$$

де N – довжина ряду

Ряд умовних дисперсій генерується за формулою:

$$h_t = E_t[y_t^2] = \frac{1}{t-1} \sum_{i=1}^t (y_i - \bar{y}_i)^2, \quad t = 2, 3, \dots, N \quad (19)$$

$$\bar{y}_t = \frac{1}{1-t} \sum_{i=1}^t y_i, \quad t = 2, 3, \dots, N$$



Рис. 5. Схема побудови першої моделі

Схема 2. Доповнює схему 1, враховуючи залишки моделі гетероскедастичного процесу (рис. 6). Модель авторегресії раніше визначається за формулою (17), а умовні дисперсії ряду будуються за формулою (19).

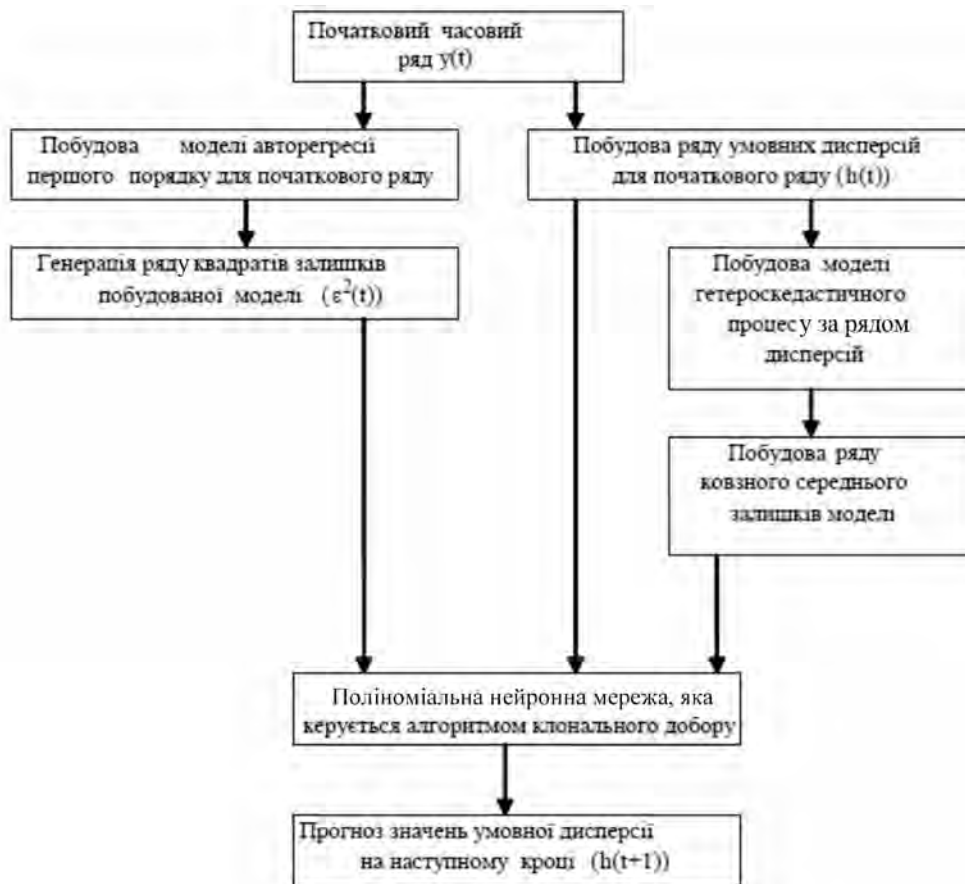


Рис. 6. Схема побудови другої моделі

Модель гетероскедастичного процесу будується у вигляді:

$$h_t = \alpha_0 + \sum_{i=1}^q \alpha_i \varepsilon_{t-i}^2 + \sum_{i=1}^p \beta_i h_{t-i} \quad (20)$$

Параметри q і p обчислюють з автокореляційних функцій рядів відповідно ε_t^2 і h_t . Найчастіше виходить, що $q = 1$ і $p = 1$. Ряд ковзного середнього залишків моделі гетероскедастичного процесу будується за такою формулою:

$$\hat{\varepsilon}_t^h = \frac{\varepsilon_{t-1}^h + \varepsilon_{t-2}^h + \dots + \varepsilon_{t-n}^h}{n} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \varepsilon_{t-i}^h, \quad (21)$$

де n – розмір шаблону (вибираємо розмір шаблону в межах від 3 до 9).

Експерименти

Для тестування вибраний ряд HRS DJ day CLOSE. Ряд містить 607 значень з лагом один день (рис. 7). Навчальну множину було створено окремо від тестової. Кожна із запропонованих схем використовувалася у двох варіантах: а) автопрогноз на десять кроків вперед (горизонт прогнозу); б) однокроковий прогноз.

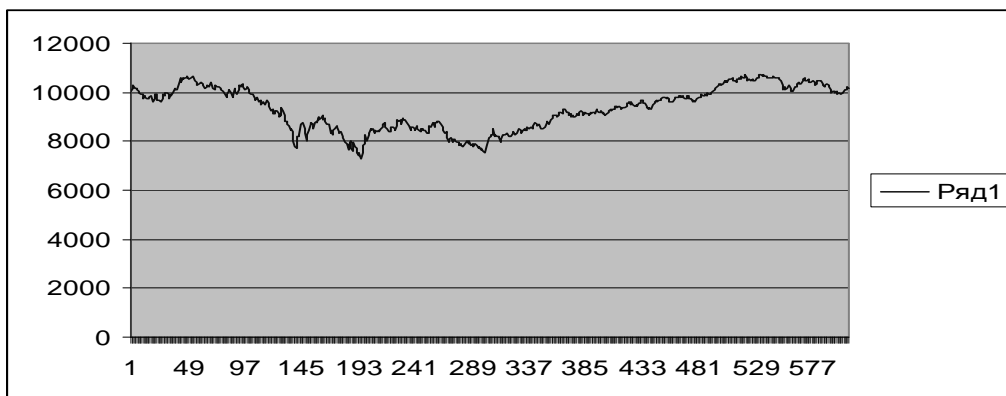


Рис. 7. Тестовий ряд

Перша частина експериментів проводилася над цим рядом без його попередньої обробки, у другій частині вихідний ряд був перетворений за допомогою обчислення перших різниць (рис. 8).

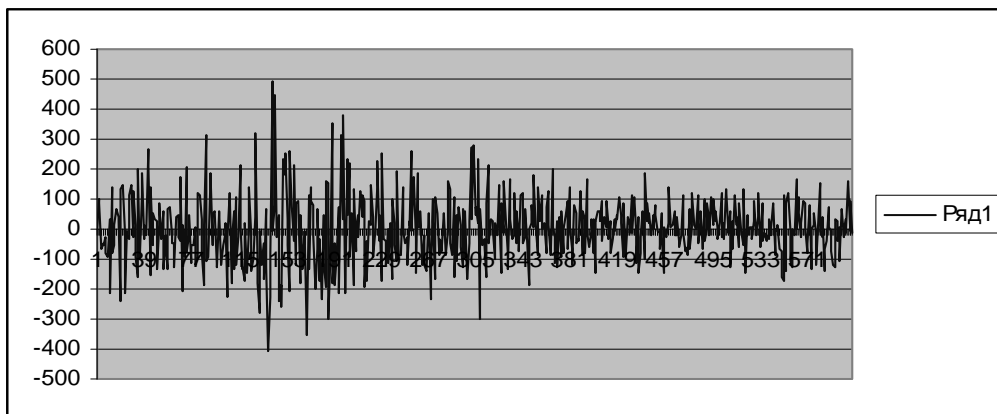


Рис. 8. Графік перших різниць тестового ряду

3.3.2. Експерименти з дослідження передобробки даних і настроювання параметрів клонального добору

В основу експериментів покладена розроблена методика прогнозування умовної дисперсії часового ряду, зображена на рис. 6 і 7. Відповідно до першої схеми як навчальну множину використовували два ряди:

- ряд квадратів залишків моделі авторегресії першого порядку, побудованої для вихідного часового ряду;
- ряд умовних дисперсій, побудований для вихідного ряду.

Ряд квадратів залишків авторегресійної моделі зображений на рис. 9.

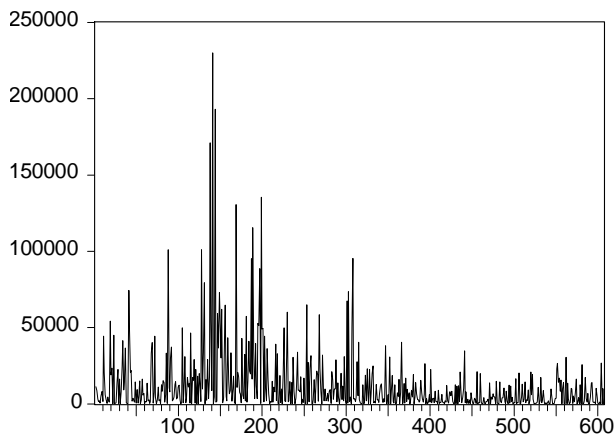


Рис. 9. Графік ряду квадратів залишків авторегресійної моделі

Для продовження експериментів необхідно з'ясувати, чи маємо ми справу з гетероскедастичним процесом, чи ні. Для цього будемо АКФ ряду залишків авторегресійної моделі (табл. 1).

Таблиця 1

Кількість спостережень: 606	
Автокореляція	Часткова кореляція
0.066	0.066
0.147	0.143
0.408	0.400
0.110	0.081
0.129	0.029
0.201	0.023
0.177	0.111
0.187	0.129
0.088	-0.034
0.240	0.113
0.171	0.056
0.126	0.066

З таблиці можна зробити висновок, що процес гетероскедастичний, тому що існує автокореляція залишків ($q = 3$). Далі за формулою 19 будують ряд умовних дисперсій процесу h (рис. 10). За АКФ цього ряду знаходимо $p = 1$.

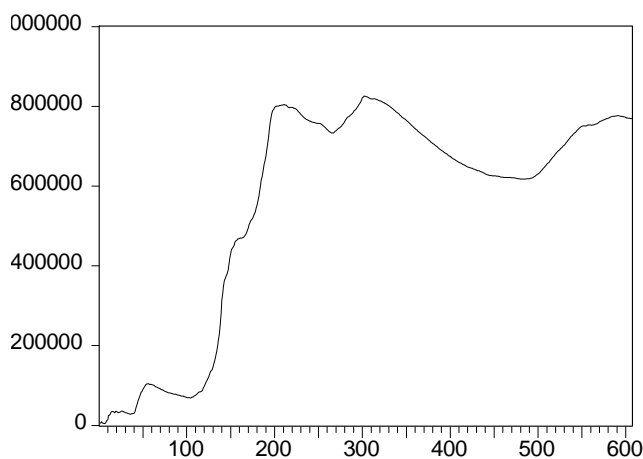


Рис. 10. Графік ряду умовних дисперсій

Отже, одержали два тренувальні ряди, необхідні для навчання системи. Результати експериментів над вихідним часовим рядом показано на рис. 11, 12.

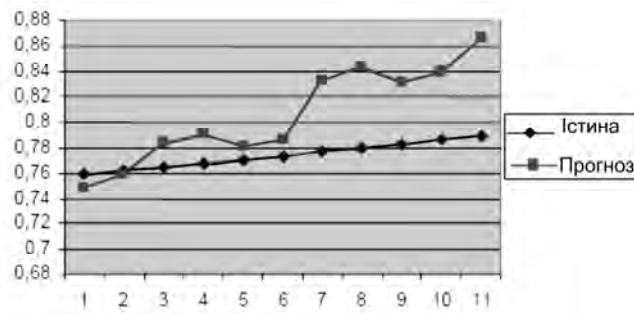


Рис. 11. Автопрогноз умовної дисперсії на десять кроків за першою схемою

Автопрогноз означає, що наступне прогнозоване значення обчислювалося не за реальними даними, а за значенням, спрогнозованим на попередньому кроці. На рис. 12 показаний одно-кроковий прогноз умовної дисперсії вихідного часового ряду.

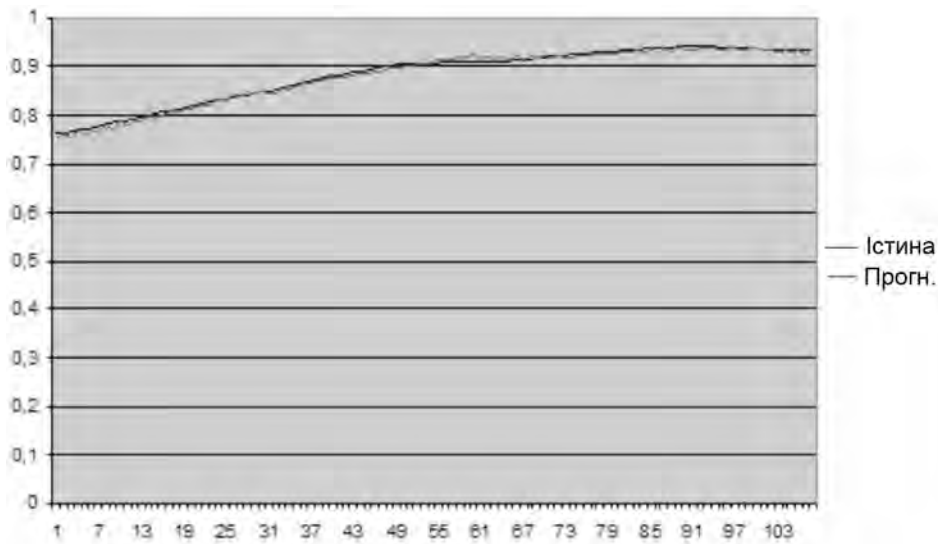


Рис. 12. Однокроковий прогноз умовної дисперсії вихідного часового ряду за першою схемою

Результати прогнозу за першими різницями вихідного ряду наведено на рис. 13.

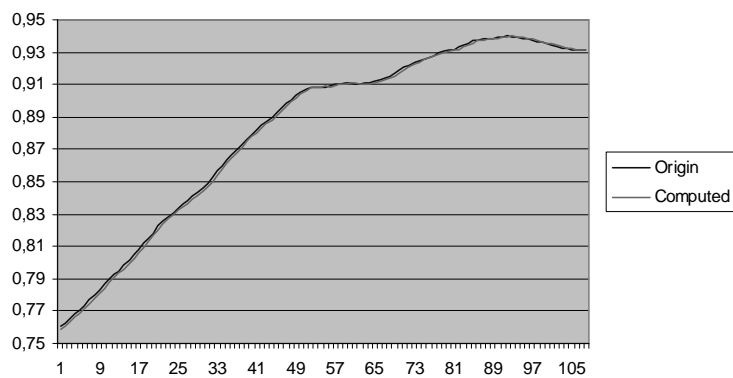


Рис. 13. Однокроковий прогноз умовної дисперсії за першими різницями вихідного ряду згідно з першою схемою

Друга схема потребує наявності трьох рядів у навчальній вибірці даних. До цих двох рядів необхідно додати також ряд ковзного середнього залишків моделі гетероскедастичного процесу. Тому далі будемо модель гетероскедастичного процесу і визначаємо ряд ковзного середнього залишків цієї моделі (рис. 14).

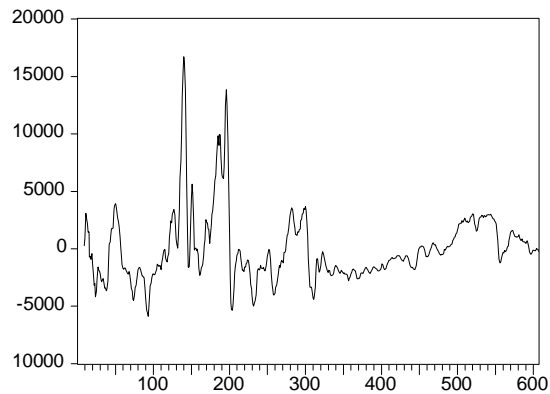


Рис. 14. Ряд ковзного середнього залишків моделі гетероскедастичного процесу

Результати експериментів за другою схемою для вихідного ряду показано на рис. 15, 16.

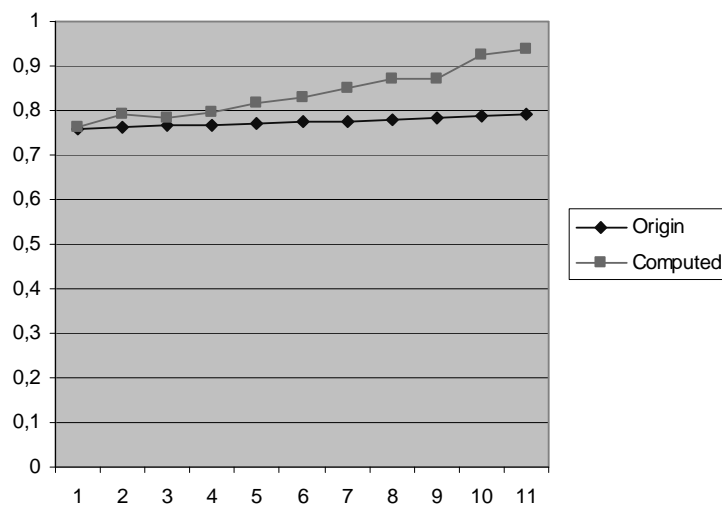


Рис. 15. Автопрогноз умовної дисперсії на десять кроків за другою схемою

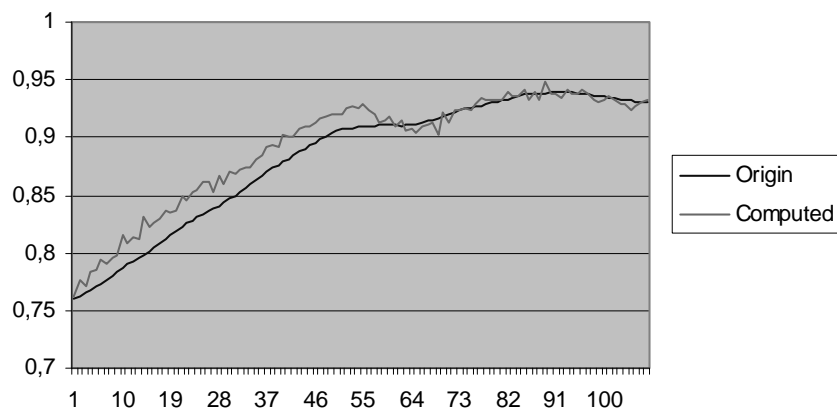


Рис. 16. Однокроковий прогноз умовної дисперсії за другою схемою

Результати прогнозу за другою схемою з використанням перших різниць вихідного ряду представлені на рис. 17.

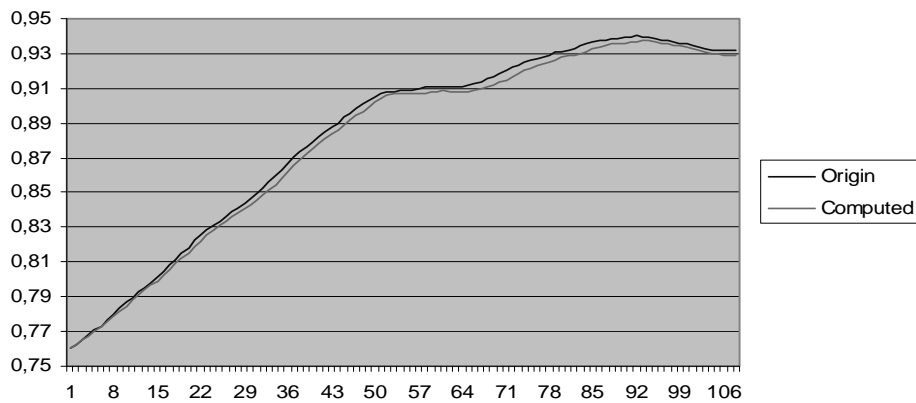


Рис. 17. Однокроковий прогноз умовної дисперсії за першими різницями вихідного ряду згідно з другою схемою

Для числової оцінки отриманих результатів, окрім середньоквадратичної похибки (5), використано наведені нижче статистичні критерії.

Середня похибка:

$$ME = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (y_i - \bar{y}_i), \quad (22)$$

де N – розмір тестової вибірки.

Середня похибка у відсотках:

$$MPE = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \left(\frac{y_i - \bar{y}_i}{y_i} \right) \cdot 100. \quad (23)$$

Середня абсолютна похибка у відсотках:

$$MAPE = \frac{1}{n} \cdot \sum_{i=1}^n \left| \frac{y_i^M - y_i}{y_i} \right| \cdot 100. \quad (24)$$

Таблиця 2

Оцінка точності прогнозу розроблених схем прогнозу волатильності

№ схеми	RMSE	ME	MPE	MAPE
Схема 1 Автопрогноз на 10 кроків вперед	0,0127	0,036	1,04	1,38
Схема 1 Прогноз на один крок	0,075	0,026	1,81	5,72
Схема 2 Автопрогноз на 10 кроків вперед	0,0239	0,065	2,34	2,34
Схема 2 Прогноз на один крок	0,014	0,046	1,14	1,35

Висновки та перспективи подальших наукових розвідок

У роботі наведена розроблена авторами методологія, яка призначена для поліпшення якості прогнозів випадкових трендів і волатильності нестационарних процесів. Розроблено методику створення гібридних інформаційних технологій на основі штучних імунних. Наведено математичну модель розробленого клонального алгоритму, призначеного для синтезу поліноміальних нейронних мереж для прогнозування гетероскедастичних процесів. Запропоновано метод пошуку функціональних залежностей у динамічних системах за набором вхідних даних, за допомогою синтезу

поліноміальної нейронної мережі. Розроблена інформаційна технологія побудови моделей гетероскедастичних процесів показала якісні результати для короткострокових прогнозів гетероскедастичних процесів. Зазначимо, що ми не обмежуємося використанням описаних двох запропонованих схем і розробляємо інші модифікації. Крім того, аналізуючи наші часові ряди, ми зіткнулися з цікавим фактом – на деяких ділянках часового ряду деякі тести на гетероскедастичність (наприклад, спрощений тест на гетероскедастичність) показують повну її відсутність. У зв'язку з цим ми продовжуємо дослідження можливості прогнозування волатильності для отримання максимального ефекту від торговельних операцій.

1. Бідюк П. І. *Аналіз та математичне моделювання економічних процесів перехідного періоду* / Бідюк П. І., Половцев О. В. – К.: ПЛАБ-75, 1999. – 209 с. 2. Кашьяп Р. Л. *Построение динамических стохастических моделей по экспериментальным данным* / Кашьяп Р. Л., Рао А. Р. – М.: Наука, 1983. – 384 с. 3. Дрейпер Н. *Прикладной регрессионный анализ* / Дрейпер Н., Смит Г.; пер. с англ. – 3-е изд. – М.: Издательский дом “Вильямс”, 2007. – 912 с. 4. Кобзарь А. И. *Прикладная математическая статистика. Для инженеров и научных работников* / Кобзарь А. И. – М.: ФИЗМАТЛИТ, 2006. – 816 с. 5. Бідюк П. І. *Методи прогнозування. Т. 1* / Бідюк П. І., Меньяйленко С. О., Половцев О. В. – Луганськ: Альма-Матер, 2008. – 301. 6. Бідюк П. І. *Моделювання і прогнозування гетероскедастичних процесів* / Бідюк П. І., Литвиненко В. І., Слободенюк О. В. // *Комп'ютерні технології, системний аналіз, моделювання: наук. пр. МДГУ ім. П. Могили.* – 2004. – 35 (22). – С. 24–39. 7. Бідюк П. І. *Моделювання та прогнозування нелінійних динамічних процесів* / Бідюк П. І., Баклан І. В., Литвиненко В. І. – К.: ЕКМО, 2004. – 121 с. 8. Федоров А. В. *Інформаційна технологія виконання операцій на біржі з використанням торгових роботів: автореф. дис. ... канд. техн. наук: 05.13.06.* – К., 2013. 9. Фефелов А. А. *Применение комбинированных искусственных иммунных систем при решении задач построения моделей динамических процессов* / Фефелов А. А., Бидюк П. И., Литвиненко В. И. // *Міжнародний семінар з індуктивного моделювання: зб. праць / відп. редактор д-р техн. наук В. С. Степашко.* – К.: Міжнародний науково-навчальний центр інформаційних технологій та систем НАН та МОН України. – 2005. – С. 69–84. 10. Литвиненко В. И. *Методология прогнозирования гетероскедастических процессов с применением искусственных иммунных систем* / Литвиненко В. И. // *Системні технології: регіон. міжвуз. зб. наук. пр.* – 2007. – Вип. 6(53). – Дніпропетровськ. – С. 130–152. 11. Литвинов В. В. *Создание блочных моделей систем и процессов с использованием метода группового учета аргументов* / Литвинов В. В., Задорожний А. А. // *Математичні машини і системи.* – 2012. – № 2. – С. 107–116. 12. Скакаліна О. В. *Алгоритми методу групового врахування аргументів при короткостроковому прогнозуванні* / Скакаліна О. В. // *Вісник КрНУ імені Михайла Остроградського.* – Вип. 1/2015 (90). – Ч. 2. – С. 18–26. 13. Мантула Е. В. *Адаптивная полиномиальная нейросетевая прогнозирующая модель временных рядов и ее обучение* / Мантула Е. В., Машиталир С. В. // *Восточно-Европейский журнал передовых технологий.* – 2014. – № 2/4 (68). – С. 16–20. 14. Бодянский Е. В. *Основы теории искусственных нейронных сетей* / Бодянский Е. В., Руденко О. Г. – Харьков: ТЕЛТЕХ, 2002. – 317 с. 15. Ferreira C. *Designing Neural Networks Using Gene Expression Programming* / Ferreira C. // *9th Online World Conference on Soft Computing in Industrial Applications, September 20 – October 8, 2004.* 16. Ferreira C. *Gene Expression Programming: A New Adaptive Algorithm for Solving Problems Complex Systems.* – 2001. – № 13 (2). – P. 87–129. 17. De Castro L. N., Von Zuben F. J. *The Clonal Selection Algorithm with Engineering Applications. (Full version, pre-print). In Proceedings of GECCO'00 (Workshop Proceedings).* – P. 36–37. 18. Литвиненко В. І. *Прогнозування гетероскедастичних процесів з використанням синтезованих поліноміальних нейронних мереж* / Литвиненко В. І., Фефелов А. О., Кожухівська О. А. // *Сучасні проблеми інформатики в управлінні, економіці та освіті: [матеріали XIV Міжнародного наукового семінару, Київ – оз. Світязь, 29 червня – 3 липня 2015 року] / за наук. ред. д-ра екон. наук, проф. М. М. Єрмошенка; Національна академія управління; Міжнародна академія інформатики.* – К.: СІК ГРУП УКРАЇНА, 2015. – С. 67–72. 19. Фефелов А. О. *Формалізація методів побудови штучних імунних систем* / Фефелов А. О., Литвиненко В. І., Бідюк П. І. // *Наукові вісті Національного технічного університету України “Київський політехнічний інститут”.* – 2007. – № 1. – С. 29–41.