

ІНТЕГРАЦІЯ МЕТОДОЛОГІЙ РОЗРОБКИ ПРОГРАМНОГО ЗАБЕЗПЕЧЕННЯ ТА МАТЕМАТИЧНОГО МОДЕЛЮВАННЯ В ОПТИМІЗАЦІЇ БІОТЕХНОЛОГІЧНИХ ПРОЦЕСІВ

Розробка програмного забезпечення є критично важливою галуззю сучасної індустрії, яка охоплює створення та впровадження програмних систем через встановлені методології та практики. Головною метою є забезпечення успішної реалізації проектів з дотриманням запланованих параметрів обсягу, бюджету, термінів та якості.

Історичним підходом була каскадна (водоспадна) модель розробки, що характеризується строго послідовними етапами: від початкового аналізу через проектування та розробку до тестування і впровадження. [1]. Однак такий лінійний підхід має суттєві обмеження – він вимагає повної специфікації вимог на початковому етапі, затримує демонстрацію робочого продукту замовнику та ускладнює внесення змін у процесі розробки.

У сфері промислових процесів, зокрема біотехнологічних, часто спостерігається недостатнє розуміння фундаментальних явищ, що ускладнює створення вичерпних моделей. Проте навіть частково неповні чи приблизні математичні моделі можуть надавати значну практичну цінність для контролю, оптимізації та глибшого розуміння процесів. Особливо складним є моделювання процесів культивування мікроорганізмів через їх нелінійну природу, динамічну зміну параметрів та взаємозалежність змінних. Мікроорганізми, включаючи бактерії, дріжджі та гриби, є надзвичайно цінними біотехнологічними інструментами, хоча в природному середовищі рідко зустрічаються оптимальні умови для їх росту та розвитку. Для підвищення ефективності виробництва та якості продукції було розроблено різноманітні моделі культивування.

Гнучкість математичних моделей дозволяє оптимізувати роботу біореакторів шляхом точного налаштування умов процесу. Як зазначено в дослідженні Duetal, міждисциплінарна співпраця у розробці нових математичних та обчислювальних інструментів, разом із поглибленням біологічних знань, відкриває безмежні можливості для вдосконалення моделювання ферментаційних процесів. Експериментально підтверджено, що використання змішаних культур різних мікроорганізмів може істотно підвищити ефективність процесу. Новітні моделі дозволяють детально відображати складні біохімічні процеси, що сприяє раціональному плануванню культивування.

Вибір оптимального методу параметричної ідентифікації є ключовим фактором при роботі зі складними моделями. Роками дослідники зосереджували увагу на пошуку глобально-оптимальних значень параметрів моделей. Натхненням для створення різноманітних метаевристичних алгоритмів послужили математичні моделі природних явищ, фізичні та біологічні теорії, поведінка тварин і людей, а також принципи різних ігор. Особливу ефективність у запобіганні локальним оптиміумам демонструють гібридні метаевристичні алгоритми, які стали потужним інструментом ідентифікації параметрів моделей культивування та широко застосовуються для вирішення складних практичних задач [2].

У сфері розробки програмного забезпечення спостерігається еволюція методологій від традиційної каскадної моделі до більш гнучких підходів. Це зумовлено необхідністю краще адаптуватися до змінних вимог ринку та забезпечувати більш ефективну взаємодію з замовниками. Паралельно, у галузі біотехнологій відбувається активний розвиток математичного моделювання процесів культивування мікроорганізмів. Незважаючи на складність цих процесів, сучасні математичні моделі, навіть будучи частково неповними, надають цінні інструменти для оптимізації виробництва. Особливу роль у вдосконаленні обох напрямків відіграють метаевристичні алгоритми, особливо їх гібридні варіанти. Ці алгоритми демонструють високу ефективність у вирішенні складних оптимізаційних задач, зокрема при ідентифікації параметрів моделей культивування.

Отже, поєднання сучасних технологій, математичного моделювання та оптимізаційних алгоритмів створює потужну базу для подальшого розвитку як програмної інженерії, так і біотехнологічної галузі, що має важливе значення для технологічного прогресу в цілому.

Список використаних джерел

1. Wosocki, R.K. Effective Project Management: Traditional, Agile, Hybrid, Extreme; Wiley: Hoboken, NJ, USA, 2019.
- de Menezes, L.H.S.; Carneiro, L.L.; de Carvalho Tavares, I.M.; Santos, P.H.; das Chagas, T.P.; Mendes, A.A.; da Silva, E.G.P.; Franco, M.; de Oliveira, J.R. Artificial Neural Network Hybridized with a Genetic Algorithm for Optimization of Lipase Production from *Penicillium roqueforti* ATCC 10110 in Solid-State Fermentation. *Biocatal. Agric. Biotechnol.* 2021, 31, 101885.