

Раздел I. Моделирование и проектирование

УДК 004.896

В.В. Курейчик, Д.В. Заруба, Д.Ю. Запорожец

БИОИНСПИРИРОВАННЫЙ АЛГОРИТМ КОМПОНОВКИ БЛОКОВ ЭВА НА ОСНОВЕ МОДИФИЦИРОВАННОЙ РАСКРАСКИ ГРАФА*

Рассматривается решение одной из ключевых задач этапа автоматизированного конструкторского проектирования – компоновки блоков электронно-вычислительной аппаратуры. Данная задача относится к классу NP-трудных и NP-сложных задач, т.е. для нахождения ее решения за полиномиальное время целесообразно разрабатывать эвристические подходы и методы, позволяющие получать наборы квазиоптимальных решений. Приведена классическая постановка задачи компоновки блоков ЭВА с учетом количества разбиений графа, соответствующего коммутационной схеме, а также сформулирован критерий оптимизации. Предложен новый биоинспирированный подход к решению задачи компоновки блоков ЭВА на основе модифицированной раскраски графа. Построена архитектура биоинспирированного поиска на основе использования эволюционного подхода, который позволяет повысить эффективность поиска квазиоптимальных решений. Разработан модифицированный генетический алгоритм компоновки, позволяющий получать решения заданной точности за полиномиальное время. Предложенная архитектура биоинспирированного поиска на основе использования эволюционной модели позволяет эффективно управлять процессом поиска. Для демонстрации работы алгоритма приведено описание примера решения задачи компоновки блоков ЭВА на основе модифицированной раскраски графа. Для проведения экспериментальных исследований была разработана программная среда, реализующая разработанный генетический алгоритм компоновки ЭВА. Был проведен вычислительный эксперимент по сравнению простого и модифицированного генетических алгоритмов с классическими последовательным и итерационным алгоритмами. Результаты экспериментальных исследований выявили зависимость временной сложности разработанного модифицированного генетического алгоритма от значений входных параметров. Серии экспериментов позволили уточнить теоретическую временную сложность алгоритма, которая ориентировочно составляет $O(n^2)$.

Конструкторское проектирование; оптимизация; компоновка блоков ЭВА; биоинспирированный поиск; генетический алгоритм.

V.V. Kureichik, D.V. Zaruba, D.Y. Zaporozhets

BIOINSPIRED APPROACH TO PARTITIONING OF ECE SCHEMES COMPONENTS PROBLEM BASED ON THE MODIFIED GRAPH COLORING

One of the most important tasks of design is the partitioning of ECE schemes components problem. The problem belongs to the class of NP-hard and NP-full problem. So, to solve it in polynomial time, it is reasonable to developed new heuristics methods to find optimal and quasi optimal solutions. The authors described the classical problem statement and formulated a optimization criterion. It is proposed new bioinspired approach to solve the partitioning of ECE schemes components problem on the basis of the modified graph coloring. The developer bioinspired search architecture based on the evolutionary approach applying. Modification of the method consists in implementation of modified coloring of the graph corresponding to the ECE schemes

* Работа выполнена при поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации. Проект № 8.823.2014.

components. A modified partitioning algorithm was developed. This algorithm enabled to the authors to obtain solutions the specified accuracy in polynomial time. An example the problem solution was described. For experimental studies a software environment that implements the proposed algorithm was developed. A set of experiments allowed to specify the theoretical time complexity that is approximately $O(n^2)$.

Design; optimization; partitioning of ECE schemes components; bioinspired search; genetic algorithm.

Системы автоматизированного проектирования (САПР) электронно-вычислительной аппаратуры (ЭВА) в настоящее время определяют прогресс науки и техники. Быстрый прогресс в области ЭВА обуславливает потребность в новых средствах автоматизированного проектирования. Разработчикам ЭВА необходимы программные системы, позволяющие реализовать схемы с сотнями тысяч и миллионами транзисторов на одном кристалле. Количественный рост сложности объекта проектирования привёл к качественным изменениям в методологии проектирования, к повышению роли математически строгих постановок и результатов [1–4].

Важнейшим этапом в цикле проектирования, является этап конструкторского проектирования, на котором решаются задачи компоновки, планирования, размещения, трассировки (разводки), упаковки, верификации. Среди типовых задач этапа конструкторского проектирования компоновка блоков ЭВА является одной из наиболее проблематичных. Данная задача относится к классу NP-трудных и NP-сложных задач, поэтому необходимо разрабатывать эвристические методы и подходы, позволяющие находить оптимальное решение за приемлемое время. Предлагается эволюционный алгоритм компоновки блоков ЭВА, основанный на модифицированной раскраске графа. Для решения задач конструкторского проектирования хорошо зарекомендовали себя методы эволюционного и биоинспирированного поиска [5, 6].

Постановка задачи компоновки блоков ЭВА. Компоновкой блоков ЭВА на конструктивно законченные части называется процесс распределения компонентов низшего конструктивного уровня в высший в соответствии с заданными критериями. Такими критериями могут быть: число элементов, длина задержки сигнала, число соединений между элементами и т.д. [7, 8].

Приведем постановку задачи компоновки коммутационной схемы блоков ЭВА, как разбиение графа $G=(X,U)$ на части $G_i = (X_i,U_i)$, $X_i \subseteq X$, $U_i \subseteq U$, $i \in I=\{1,2,\dots,l\}$, где l – число частей, на которое разбивается граф.

Пусть задан граф $G = (X, U)$, где X представляет множество вершин графа, U – множество ребер. Пусть $B = \{B_1, B_2, \dots, B_s\}$ – множество разбиений графа G на части B_1, B_2, \dots, B_s , такие, что $B_1 \cap B_2 \cap \dots \cap B_s = \emptyset$, и $B_1 \cup B_2 \cup \dots \cup B_s = B$. Пусть каждое разбиение B_i состоит из элементов $B_i = \{b_1, b_2, \dots, b_n\}$, $n = |X|$. Тогда задача разбиения графа G на части заключается в получении разбиения $B_i \in B$, удовлетворяющего трем условиям и ограничениям:

$$(\forall B_i \in B) (B \neq \emptyset)$$

$$(\forall B_i, B_j \in B) ([B_i \neq B_j \rightarrow X_i \cap X_j = \emptyset] \wedge [(U_i \cap U_j = U_{ij}) \vee (U_i \cap U_j = \emptyset)])$$

$$\bigcup_{i=1}^s B_i = B, \bigcup_{i=1}^n U_i = U, \bigcup_{i=1}^n X_i = X, |U_{i,j}| = K_{i,j}$$

Критерий для разбиения графа G запишется так:

$$K = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n K_{i,j}, (i \neq j),$$

где $K_{i,j}$ – число связей между частями B_i и B_j при разбиении графа G на части; s – количество частей в разбиении; K – суммарное количество ребер при разбиении графа на части [9].

Алгоритм разбиения графа на части на основе модифицированной раскраски множества вершин графа детально рассмотрен в [10].

Нахождение минимальной раскраски является сложной комбинаторной задачей, поэтому необходима разработка различных эвристик, легко реализуемых на ЭВМ и позволяющих найти квазиоптимальную (в частном случае минимальную) раскраску.

Архитектура биоинспирированного поиска. Из [10] известно, что при реализации алгоритма модифицированной раскраски графа наилучшие результаты дает именно стратегия «поиск – эволюция – поиск» с использованием жадной эвристики на каждом уровне.

Базовая архитектура биоинспирированного поиска на основе использования эволюционной модели, ориентированная на задачу разбиения графа представлена на рис. 1 [11–16].

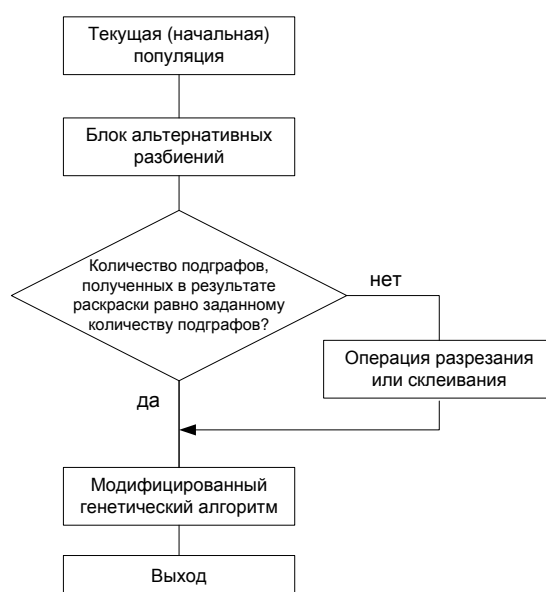


Рис. 1. Архитектура биоинспирированного поиска

Для решения задачи компоновки блоков ЭВА разработан модифицированный генетический алгоритм на основе модифицированной раскраски графа, представленный на рис. 2.

Приведем подробное описание процедур, выполняемых в каждом блоке.

В блоке 1 случайным, направленным или комбинированным методом генерируется подмножество альтернативных решений задачи компоновки. Таким образом, формируется текущая популяция исследуемых решений на шаге t ($t = 0, 1, \dots, T$).

В блоке 2 на основе модифицированной раскраски графа формируется множество альтернативных разбиений. Модификация заключается в выполнении следующего условия: вершины, отмеченные одним цветом, должны быть смежными. Тогда модифицированная раскраска вершин равносильна выделению в графе G системы попарно непересекающихся полных подграфов. Просматривая графовую модель или список, в цвет 1 раскрашиваются и удаляются из него все вершины, смежные с первой выбранной и между собой. Далее (параллельно) выбирается вторая вершина из списка, она окрашивается в цвет 2 и удаляется. Процесс продолжается аналогично, пока не будут окрашены все вершины [7].

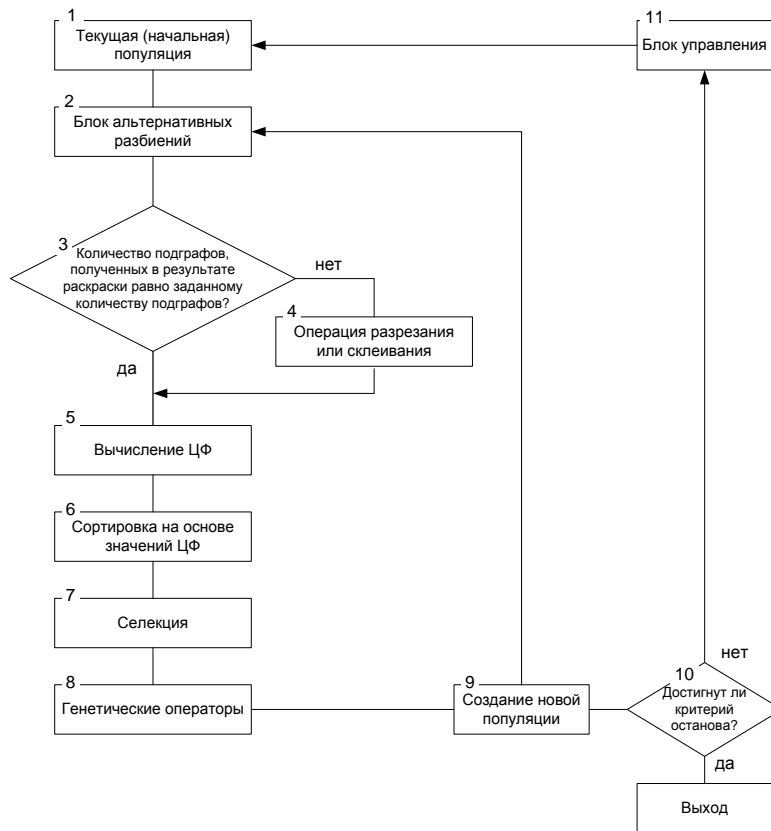


Рис. 2. Модифицированный генетический алгоритм

В блоке 3 выполняется проверка совпадает ли количество подмножеств, полученных в результате раскраски графа, с количеством подмножеств, на которые необходимо разбить граф. Если условие, выполняется, то переход к блоку 5, если нет, то переход к блоку 4.

В блоке 4 производится процедура перехода от полученных подмножеств к заданным частям разбиения путем выполнения операции разрезания или склеивания [10].

В блоке 5 выполняется подсчет целевой функции сгенерированной популяции.

В блоке 6 текущая популяция решений сортируется в соответствие со значениями целевой функции.

В блоке 7 для сохранения численности текущей популяции применяется элитная селекция на основе предварительно выполненной сортировки.

В блоке 8 выполняется набор генетических операторов, причем выбор того или иного оператора осуществляется в соответствие с элементами экспертной системы.

В блоке 9 генерируется новая популяция альтернативных решений.

В блоке 10 поводится проверка, достигнут ли критерий останова. Критерий останова – заданное число итераций.

Блок 11 позволяет управлять процессом поиска на основе обратных связей с учетом влияния внешней среды, ЛПП, т.е. конструктора, проектировщика.

Для решения задачи компоновки на основе раскраски графа был разработан модифицированный генетический алгоритм. Модификация заключается в выполнении модифицированной раскраски начальной популяции решений. Далее произ-

водится вычисление ЦФ и выполняется элитная селекция хромосом с наилучшими значениями ЦФ. Затем отбирается набор лучших хромосом (альтернативных решений), по которому и производят окончательный вывод результата [16–18].

Описание работы модифицированного генетического алгоритма. Рассмотрим пример работы модифицированного генетического алгоритма. Пусть задан граф $G(X;U)$, $|X| = 9$. Необходимо разбить его на два блока с заданным числом вершин: $b_1 = 6$; $b_2 = 3$ (рис. 3).

Сгенерируем начальную популяцию, состоящую из 5 альтернативных решений (хромосом).

P1: 1 2 3 4 5 6 7 8 9

P2: 3 5 7 9 1 8 2 4 6

P3: 2 5 8 9 6 3 1 4 7

P4: 1 4 7 8 9 6 3 2 5

P5: 3 6 9 8 5 2 1 4 7

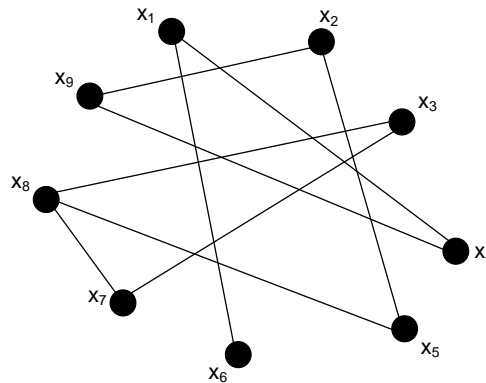


Рис. 3. Начальный граф

Выполним модифицированную раскраску графа.

Рассмотрим первое альтернативное решение (P1: 1 2 3 4 5 6 7 8 9) и находим раскраску графа: 1-ый цвет – подмножество вершин $\{1\ 4\ 6\}$, 2-ой цвет – $\{2\ 5\ 9\}$, 3-ий цвет – $\{3\ 8\ 7\}$. В результате получили три подмножества. Раскрашенные подмножества упорядочим по мощности входящих в них вершин. Полученные подмножества необходимо поместить в два заданных блока b_1 и b_2 . Поэтому выполняем операцию разрезания и склеивания. Рассматриваем первое подмножество $\{1\ 4\ 6\}$ и проверяем, в какой блок его можно разместить. Подходят оба блока, так как $b_1=3$ и $b_2=6$. Выбираем наибольшее подмножество и помещаем в наибольший блок b_1 . Таким образом, формируем блок b_1 (рис. 4).

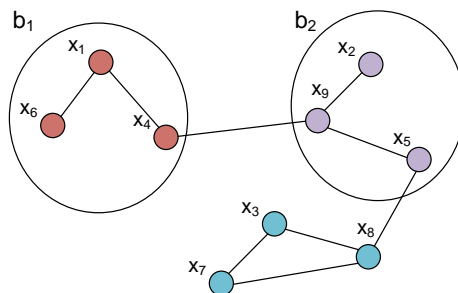


Рис. 4. Результат раскраски на основе альтернативного решения P1.

Далее по порядку берем второй подграф $\{2, 9, 5\}$, и проверяем, в какой блок мы можем его поместить. Это будет блок b_2 . Остается подграф $\{2, 6, 3\}$. Помещаем его в блок b_2 . Результат разбиения графа показан на рис. 5.

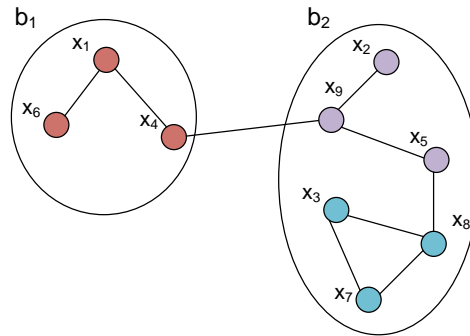


Рис. 5. Разбиение на основе альтернативного решения P1

Целевая функция разбиения $K=1$. Таким образом, анализ альтернативного решения P1 дал лучшее решение. Продолжая анализ альтернативных решений, получим, что значение целевой функции $K=1$ не улучшается. В результате выбираем два лучших альтернативных решения P1, P3, по которым и производится окончательный вывод результата.

Временная сложность алгоритма (BCA) определяется из значений временных сложностей составляющих его блоков [5]. Известно, что временная сложность блока работы эвристического алгоритма составляет ориентировочно $O(n)$. Временная сложность операций декодирования хромосом и вычисления значений ЦФ ориентировочно составляет $O(n^2)$.

Экспериментальные исследования. Для проведения вычислительного эксперимента была разработана программная среда для решения задачи компоновки блоков ЭВА. При реализации комплекса программ были использованы пакеты Borland C++, Builder, Visual C++. Отладка и тестирование программной среды проводилось на ЭВМ типа IBM PC с процессором Core i7 и ОЗУ-8Гб.

Результаты экспериментальных исследований выявили зависимость времени работы алгоритма от параметров модифицированного генетического алгоритма (МГА).

Кроме того были проведены исследования простого и модифицированного генетического алгоритмов (ПГА и МГА) по сравнению с классическими последовательными (ПА) и итерационными алгоритмами (ИА). Результаты вычислительного эксперимента приведены на рис. 6 и 7.

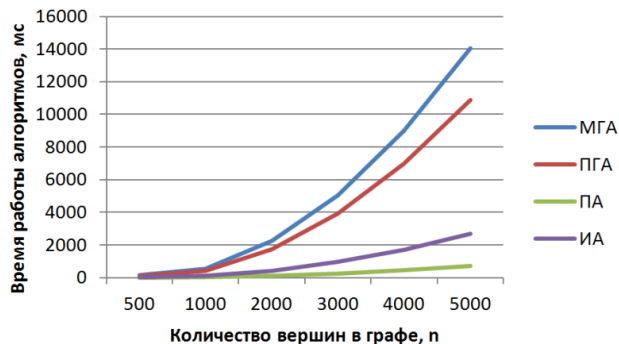


Рис. 6. Графики зависимости времени решения от числа вершин

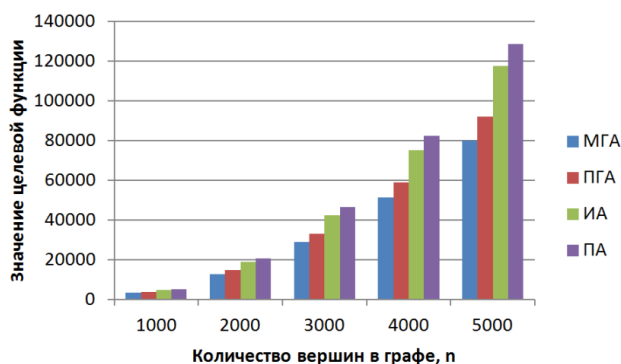


Рис. 7. Результаты работы алгоритмов

Временная сложность разработанного алгоритма ориентировочно составляет $O(n^2)$ [19, 20].

Заключение. Была определена постановка задачи компоновки блоков ЭВА с учетом количества разбиений графа, соответствующего коммутационной схеме блоков ЭВА. Для решения поставленной задачи был предложен модифицированный биоинспирированный алгоритм раскраски графа, ориентированный на решение задачи компоновки блоков ЭВА. Разработанная модифицированная архитектура биоинспирированного поиска на основе использования эволюционной модели позволяет эффективно управлять процессом поиска и получать оптимальные и квазиоптимальные результаты за полиномиальное время.

Для проведения экспериментальных исследований была разработана программная среда, реализующая разработанный алгоритм компоновки блоков ЭВА. Очевидно, что при фиксированных значениях размера популяции и числа генераций разработанный алгоритм имеет полиномиальную теоретическую временную сложность и, следовательно, является эффективным при решении задач компоновки блоков ЭВА большой размерности ($n > 1000$).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Гладков Л.А., Курейчик В.В., Курейчик В.М., Сороколетов П.В. Биоинспирированные методы в оптимизации. – М.: Физматлит, 2009. – 384 с.
2. Гладков Л.А., Курейчик В.В., Курейчик В.М. Генетические алгоритмы. – М.: Физматлит, 2010. – 368 с.
3. Курейчик В.В., Курейчик В.М., Родзин С.И. Теория эволюционных вычислений. – М.: Физматлит, 2012. – 260 с.
4. Емельянов В.В., Курейчик В.В., Курейчик В.М. Теория и практика эволюционного моделирования. – М.: Физматлит, 2003. – 432 с.
5. Норенков И.П. Основы автоматизированного проектирования. – М.: Изд-во МГТУ им. Н.Э. Баумана, 2006. – 360 с.
6. Sherwani N.A. Algorithms for VLSI Physical Design Automation. Third Edition, Kluwer Academic Publisher, USA, 2013.
7. Lim S.K. Practical Problems in VLSI Physical Design Automation, Springer Science + Business Media B.V, Germany, 2008.
8. Alpert C.J., Dinesh P.M., Sachin S.S. Handbook of Algorithms for Physical design Automation, Auerbach Publications Taylor & Francis Group, USA, 2009.
9. Alpert C.J. et al. Hypergraph Partitioning with Fixed Vertices // IEEE Transactions on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems. – February 2002. – Vol. 19, № 2. – P. 267-271.
10. Zaporozhets D.U., Zaruba, D.V., Kureichik, V.V. Representation of solutions in genetic VLSI placement algorithms // IEEE East-West Design & Test Symposium – (EWDTS'2014) Kiev, Ukraine, 2014. – P. 1-4.

11. Курейчик В.М., Курейчик В.В. Генетический алгоритм разбиения графа // Известия Российской академии наук. Теория и системы управления. – 1999. – № 4. – С. 580-588.
12. Kureichik V.V., Kureichik V.V. Jr., Zaruba D.V. Partitioning of ECE schemes components based on modified graph coloring algorithm // IEEE East-West Design & Test Symposium – (EWDTS'2014) Kiev, Ukraine, 2014. – P. 1-4.
13. Vose M.D. Modeling simple genetic algorithms // In Whitley L.D. (ed): Foundations of Genetic Algorithms 2. Morgan Kaufmann, 2003.
14. Курейчик В.М., Курейчик В.В. Генетические алгоритмы в комбинаторно-логических задачах искусственного интеллекта // Известия ТРТУ. – 1999. – № 3 (13). – С. 126-128.
15. Курейчик В.В., Курейчик Вл.Вл. Биоинспирированный алгоритм разбиения схем при проектировании СБИС // Известия ЮФУ. Технические науки. – 2013. – № 7 (144). – С. 23-29.
16. Курейчик В.В. Алгоритмы разбиения графа на основе генетического поиска // Известия ТРТУ. – 1999. – № 3 (13). – С. 97-104.
17. Курейчик В.В., Сороколетов П.В. Композитные бионические алгоритмы в компоновке блоков // Известия ЮФУ. Технические науки. – 2006. – № 8 (63). – С. 41-46.
18. Курейчик В.В., Сороколетов П.В. Эволюционные алгоритмы разбиения графов и гиперграфов // Известия ТРТУ. – 2004. – № 3 (38). – С. 42-49.
19. Gladkov L.A., Kureichik V.V., Kravchenko Y.A. Evolutionary algorithm for extremal subsets comprehension in graphs // World Applied Sciences Journal. – 2013. – P. 1212-1217.
20. Kasprzyk, J., Kureichik, V.M., Malioukov, S.P., Kureichik, V.V., Malioukov, A.S. Experimental investigation of algorithms developed // Studies in Computational Intelligence, 212. – 2009. – P. 211-223+227-236.

REFERENCES

1. Gladkov L.A., Kureychik V.V., Kureychik V.M., Sorokoletov P.V. Bioinspirovannyye metody v optimizatsii [Bioinspired optimization techniques]. Moscow: Fizmatlit, 2009, 384 p.
2. Gladkov L.A., Kureychik V.V., Kureychik V.M. Geneticheskie algoritmy [Genetic algorithms]. Moscow: Fizmatlit, 2010, 368 p.
3. Kureychik V.V., Kureychik V.M., Rodzin S.I. Teoriya evolyutsionnykh vychisleniy [The theory of evolutionary computation]. Moscow: Fizmatlit, 2012, 260 p.
4. Emel'yanov V.V., Kureychik V.V., Kureychik V.M. Teoriya i praktika evolyutsionnogo modelirovaniya [Theory and practice of evolutionary modeling]. Moscow: Fizmatlit, 2003, 432 p.
5. Norenkov I.P. Osnovy avtomatizirovannogo proektirovaniya [Foundations of computer-aided design]. Moscow: Izd-vo MGTU imeni N.E. Bauman, 2006, 360 p.
6. Sherwani N.A. Algorithms for VLSI Physical Design Automation. Third Edition, Kluwer Academic Publisher, USA, 2013.
7. Lim S.K. Practical Problems in VLSI Physical Design Automation, Springer Science + Business Media B.V, Germany, 2008.
8. Alpert C.J., Dinesh P.M., Sachin S.S. Handbook of Algorithms for Physical design Automation, Auerbach Publications Taylor & Francis Group, USA, 2009.
9. Alpert C.J. et al. Hypergraph Partitioning with Fixed Vertices, *IEEE Transactions on Computer-Aided Design of Integrated Circuits and Systems*, February 2002, Vol. 19, No. 2, pp. 267-271.
10. Zaporozhets D.U., Zaruba, D.V., Kureichik, V.V. Representation of solutions in genetic VLSI placement algorithms, *IEEE East-West Design & Test Symposium – (EWDTS'2014) Kiev, Ukraine, 2014*, pp. 1-4.
11. Kureychik V.M., Kureychik V.V. Geneticheskiy algoritm razbieniya grafa [A genetic algorithm for graph partitioning], *Izvestiya Rossiyskoy akademii nauk. Teoriya i sistemy upravleniya* [Journal of computer and systems sciences international], 1999, No. 4, pp. 580-588.
12. Kureichik V.V., Kureichik V.V. Jr., Zaruba D.V. Partitioning of ECE schemes components based on modified graph coloring algorithm, *IEEE East-West Design & Test Symposium – (EWDTS'2014) Kiev, Ukraine, 2014*, pp. 1-4.
13. Vose M.D. Modeling simple genetic algorithms, *In Whitley L.D. (ed): Foundations of Genetic Algorithms 2*. Morgan Kaufmann, 2003.
14. Kureychik V.M., Kureychik V.V. Geneticheskie algoritmy v kombinatorno-logicheskikh zadachakh iskusstvennogo intellekta [Genetic algorithms in combinatorial and logical problems of artificial intelligence], *Izvestiya TRTU* [Izvestiya TSUR], 1999, No. 3 (13), pp. 126-128.

15. Kureychik V.V., Kureychik V.V. Bioinspirirovannyi algoritm razbieniia skhem pri proektirovanii SBIS [Bioinspired algorithm partitioning schemes in the design of VLSI circuits], *Izvestiya YuFU. Tekhnicheskie nauki* [Izvestiya SFedU. Engineering Sciences], 2013, No. 7 (144), pp. 23-29.
16. Kureychik V.V. Algoritmy razbieniia grafa na osnove geneticheskogo poiska [Graph partitioning based on genetic search], *Izvestiya TRTU* [Izvestiya TSURE], 1999, No. 3 (13), pp. 97-104.
17. Kureychik V.V., Sorokoletov P.V. Kompozitnye bionicheskie algoritmy v komponovke blokov [Composite bionic algorithms in the layout blocks], *Izvestiya YuFU. Tekhnicheskie nauki* [Izvestiya SFedU. Engineering Sciences], 2006, No. 8 (63), pp. 41-46.
18. Kureychik V.V., Sorokoletov P.V. Evolyutsionnye algoritmy razbieniia grafov i gipergrafov [Evolutionary algorithms partitions of graphs and hypergraphs], *Izvestiya TRTU* [Izvestiya TSURE], 2004, No. 3 (38), pp. 42-49.
19. Gladkov L.A., Kureichik V.V., Kravchenko Y.A. Evolutionary algorithm for extremal subsets comprehension in graphs // *World Applied Sciences Journal*. – 2013. – P. 1212-1217.
20. Kasprzyk, J., Kureichik, V.M., Malioukov, S.P., Kureichik, V.V., Malioukov, A.S. Experimental investigation of algorithms developed // *Studies in Computational Intelligence*, 212. – 2009. – P. 211-223+227-236.

Статью рекомендовала к опубликованию д.т.н., профессор Л.С. Лисицына.

Курейчик Владимир Викторович – Южный федеральный университет; e-mail: vkur@tsure.ru; 347928, г. Таганрог, пер. Некрасовский, 44; тел.: 88634371651; кафедра систем автоматизированного проектирования; зав. кафедрой; д.т.н.; профессор.

Заруба Дарья Викторовна – e-mail: daria.zaruba@gmail.ru; кафедра систем автоматизированного проектирования; аспирант.

Запорожец Дмитрий Юрьевич – e-mail: elpilasgsm@gmail.com; кафедра систем автоматизированного проектирования; ассистент.

Kureichik Vladimir Victorovich – Southern Federal University; e-mail: vkur@tsure.ru; 44, Nekrasovskiy, Taganrog, 347928, Russia; phone: +78634371651; the department of computer aided design; head of department; dr. of eng. sc.; professor.

Zaruba Daria Viktorovna – e-mail: daria.zaruba@gmail.ru; the department of computer aided design; postgraduate student.

Zaporoghetz Dmitri Yurievich – e-mail: elpilasgsm@gmail.com; the department of computer aided design; teaching assistant.

УДК 621.867

А.В. Смелов, С.А. Данильченко

МОДЕЛИРОВАНИЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ТЕПЛОВЫХ ПОТОКОВ В ТОРЦЕВОМ УПЛОТНЕНИИ*

Целью работы являлось создание прикладных расчетных методов, описывающих тепловые явления в торцевом уплотнительном узле. Рабочая контактная часть данного триботехнического узла состоит из двухслойного покрытия: каркаса из стали 65Г, нанесенного методом электроискрового легирования и антифрикционного слоя на основе модифицированного наноразмерными частицами политетрафторэтилена. Выполнен анализ факторов, влияющих на работу герметизирующего узла. Определено существенное влияние на тепловые потоки физико-механических свойств материалов герметизирующего узла и режимов его работы – давления, скорость скольжения, воздействий окружающей среды. Сформулированы аналитические условия задачи, описывающие тепловые процессы. Принята

* Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проекты № 012–08–00972–а, № 13–08–13147–офи_м_РЖД, № 14–08–90015–Бел_а).