

# Решение обратной задачи формирования молекулярно-массового распределения полимеров с использованием эвристических методов

## Solution of the inverse problem of forming molecular mass distribution of polymers using heuristic methods

Э.Н. МИФТАХОВ

E.N. MIFTAKHOV

Уфимский университет науки и технологий, Республика Башкортостан, Уфа  
Ufa University of Science and Technology, Republic of Bashkortostan, Ufa  
promif@mail.ru

Разработана методика решения обратной задачи формирования молекулярно-массового распределения и оценки кинетической неоднородности катализаторов с использованием эвристических методов оптимизации. Поскольку количество активных центров полимеризации, определяющее число искомых параметров системы, неизвестно, то для гарантированного решения задачи выбран генетический алгоритм. Представлены основные шаги реализации алгоритма, позволяющего на основании единственного допущения о том, что распределение на каждом типе активных центров описывается одним из модельных распределений, в автоматическом режиме решить задачу подбора числа активных центров и долей каждого типа. Разработанная методика апробирована при исследовании кинетической неоднородности каталитической системы на основе сольвата хлорида гадолиния в производстве 1,4-цис-полиизопрена.

*Ключевые слова:* кинетическая неоднородность, молекулярно-массовое распределение, полимер

A technique has been developed for solving the inverse problem of forming a molecular weight distribution and assessing the kinetic heterogeneity of catalysts using heuristic optimization methods. Since the number of active polymerization centers, which determines the number of required parameters of the system, is unknown, a genetic algorithm was chosen to ensure a guaranteed solution to the problem. The main steps of implementing an algorithm are presented, which allows, based on the single assumption that the distribution on each type of active centers is described by one of the model distributions, to solve automatically the problem of selecting the number of active centers and the proportions of each type. The developed method was tested in the study of the kinetic heterogeneity of a catalytic system based on gadolinium chloride solvate in the production of 1,4-cis-polyisoprene.

*Keywords:* kinetic heterogeneity, molecular weight distribution, polymer

DOI: 10.35164/0554-2901-2024-05-26-29

Актуальной проблемой исследования сложных физико-химических процессов является решение задачи восстановления кинетического механизма элементарных реакций на основании известных экспериментальных данных, что в свое время стало причиной появления новой области – обратных задач.

Если рассматривать частные случаи подобных сложных систем, представленные полимеризационными процессами, то идентификация их механизма сводится к исследованию первичной физико-химической информации – кривой молекулярно-массового распределения (ММР). Анализ этих кривых позволяет судить как о кинетической схеме процесса, так и скоростях отдельных реакций, поскольку существует достаточно большое количество кинетически обоснованных математических моделей, характеризующих ММР продукта. В тех случаях, когда распределение не может быть описано ни одной из имеющихся модельных функций, мы говорим о наличии кинетической неоднородности системы и наличии нескольких типов активных центров, инициирующих процесс полимеризации. Наиболее ярко явление полицентровости проявляется в ходе промышленного получения стереорегулярных полидиенов [1, 2] с использованием катализаторов Циглера–Натта.

Для числовой оценки характера кинетической неоднородности требуется решение обратной задачи формирования ММР. Классический подход к численному ее решению определяет необходимость использования метода регуляризации, предложенного академиком А.Н. Тихоновым [3] и адаптированного для решения задач разложения исходного ММР [4]. Однако сложность интерпретации получаемых данных, высокая чувствительность к погрешности лабораторных измерений и необходимость в проведении дополнительного анализа требуют поиска новых эффективных

способов оценки кинетической неоднородности. Одним из таких подходов, предлагаемых в данной работе, является использование эвристических методов с целью оценки неизвестных параметров системы, а возможность их использования для оценки кинетической неоднородности вызывает научный и практический интерес.

Цель работы – создание методики решения обратной задачи формирования ММР и оценки кинетической неоднородности катализаторов с использованием эвристических методов оптимизации.

*Материалы и методы решения задач, принятые допущения*

Существуют различные подходы к оценке кинетической неоднородности катализатора, в основе которых лежит идея представления исходного ММР полимерного продукта в виде суперпозиции из модельных распределений [5], характерных для каждого типа:

$$q^{\text{экср}}(M) = p_1 K(\lambda_1, M) + p_2 K(\lambda_2, M) + \dots + p_n K(\lambda_n, M), \quad (1)$$

где  $\lambda$  – статистический параметр Френкеля,  $M$  – молекулярная масса,  $K(\lambda, M)$  – выражение, определяющее одно из модельных распределений.

Для большей части катализаторов Циглера–Натта характерно, что модельной функцией, характеризующей кривую ММР полимера, является распределение Флори:

$$K(\lambda, M) = \lambda^2 M e^{-\lambda M}. \quad (2)$$

В работах [5–7] достаточно подробно рассмотрена проблема существования нескольких типов активных центров и предложен способ решения обратной задачи формирования ММР путем ввода и рассмотрения некоторой функции  $\phi(\lambda)$ , характеризующей

распределение активных центров и определяемой исходя из выражения:

$$q^{\text{эксн}}(M) = \int_0^{\infty} \varphi(\lambda) K(\lambda, M) d\lambda. \quad (3)$$

Далее на основании вида  $\varphi(\lambda)$  делаются соответствующие выводы о вкладе каждого активного центра в суммарное ММР. Задача вида (3) относится к интегральным уравнениям Фредгольма первого рода, корректное решение которых допускает метод регуляризации, предложенный академиком А.Н. Тихоновым. Ранее данный подход успешно применялся для определения характера кинетической неоднородности каталитической системы на основе титана [2], неодима [8–9] и гадолиния [10].

Однако проведенный анализ эффективности данного подхода показал высокую чувствительность результатов решения обратной задачи к точности имеющихся экспериментальных данных. В частности, рост погрешности лабораторных измерений приводил к «размытию» вида кривой распределения активных центров [10] и невозможности оценки доли активных центров, на которых образуются фракции полимеров с наиболее низкой молекулярной массой.

В работе [11] был предложен альтернативный имитационный подход к решению обратной задачи. В основе этого подхода лежит идея воспроизведения различных сценариев процесса, предопределяемых числом/долей активных центров и кинетических параметров, определяющими значение статистического параметра Френкеля  $\lambda$ .

В отличие от метода регуляризации, данный подход позволял определять число и доли активных центров без необходимости в дополнительной обработке кривой  $\varphi(\lambda)$ , однако скорость выполнения была крайне низкой даже в условиях приближенной оценки, поскольку требовался перебор всех возможных сценариев процесса полимеризации.

В данной работе предлагается альтернативный подход к решению обратной задачи, в основе которого лежит использование эвристических методов оптимизации [12] с целью идентификации неизвестных параметров разложения. Для этого определяется функционал вида:

$$F(p_i, \lambda_i) = \left( q^{\text{эксн}}(M) - \sum_{i=1}^n p_i K(\lambda_i, M) \right)^2, \quad i = 1..n, \quad (4)$$

минимизация которого позволяет идентифицировать соответствующие параметры  $p_i$  и  $\lambda_i$  ( $i = 1..n$ ). Использование классических методов оптимизации невозможно в силу высокой размерности пространства параметров и наличия большого количества локальных решений. Поскольку на начальном этапе решения обратной задачи неизвестно количество искомого параметров системы, то оптимальным выбором среди прочих эвристических методов являются генетические алгоритмы [13, 14]. Способность генетического алгоритма одновременно исследовать как новые области пространства параметров, так и улучшать найденные решения, позволяет гарантированно достигать глобального оптимума задачи.

В основе реализации генетического алгоритма лежит идея нахождения оптимального решения путём последовательного комбинирования и вариации искомого параметров с использованием механизмов, напоминающих биологическую эволюцию. Основное наполнение генетического алгоритма представляет собой итерационное выполнение четырех основных операторов: селекции, скрещивания (скрещивания, репродукции), мутации и создания нового поколения.

Опишем основные шаги генетического алгоритма и адаптируем их для решения обратной задачи формирования ММР.

Шаг 1. Проводится оценка полидисперсности  $P$  продукта полимеризации в виде отношения среднemasсовой  $M_w$  и среднечисленной  $M_n$  молекулярных масс. Если  $P = M_w/M_n > 2$ , то речь идет о широком ММР, которое не может быть описано одним типом активных центров, в связи с чем формируется начальное предположение о существовании как минимум двух различных типов ( $n = 2$ ). В этом случае требуется идентифицировать параметры системы:  $p_1, p_2$  и соответствующие им  $\lambda_1, \lambda_2$ . При этом  $p_1 + p_2 = 1$ .

Шаг 2. Задается начальная популяция из потенциальных решений для каждого из искомого параметров системы  $p_i$  и  $\lambda_i$  ( $i = 1..n$ ).

На каждый из параметров действуют ограничения

$$\underline{p}_i \leq p_i \leq \overline{p}_i, \quad \underline{\lambda}_i \leq \lambda_i \leq \overline{\lambda}_i,$$

на основании которых рекомендуется вектор начальной популяции для каждого из них сформировать из точек заданного отрезка на равном удалении друг от друга:

$$p_j^{\text{iter}} = p_{ij}(0) = \underline{p}_i + \frac{\overline{p}_i - \underline{p}_i}{(K-1)} \cdot (j-1),$$

$$\lambda_j^{\text{iter}} = \lambda_{ij}(0) = \underline{\lambda}_i + \frac{\overline{\lambda}_i - \underline{\lambda}_i}{(K-1)} \cdot (j-1), \quad j = 1..K, \quad (5)$$

где граничные условия для  $p_i$  обычно определяются в виде

$$\underline{p}_i = 0 \quad \text{и} \quad \overline{p}_i = 1.$$

Шаг 3. Рассчитывается значение целевой функции (4) и проверяется критерий остановки алгоритма для каждого предложенного варианта решения

$$F(p_j^{\text{iter}}, \lambda_j^{\text{iter}}) \leq \varepsilon, \quad j = 1..K. \quad (6)$$

Если условие (5) выполняется для одного из  $j$ , то алгоритм следует остановить и вывести найденное решение как оптимальное.

Шаг 4. В случае продолжения работы алгоритма требуется выбрать наилучшие варианты из сформированных популяций решений с целью дальнейшей репродукции системы и их улучшения. Выбор каждого такого решения выполняется с использованием стохастического закона по методу Монте-Карло, а его вероятность определяется на основании полученного значения целевой функции:

$$p(X_j^{\text{iter}}) = \frac{(1 - F(p_j^{\text{iter}}, \lambda_j^{\text{iter}}))^2}{\sum_{j=1}^K (1 - F(p_j^{\text{iter}}, \lambda_j^{\text{iter}}))^2}. \quad (7)$$

Таким образом, чем ближе расчетная кривая ММР при заданных параметрах  $p_j, \lambda_j$  к исходной экспериментальной кривой  $q^{\text{эксн}}(M)$ , тем меньше значение целевой функции (3) и выше вероятность выбора такого решения в качестве потенциального.

Шаг 5. На основании найденного множества потенциальных решений, формирующих «родительский» пул, проводится процедура получения  $K$  «потомков» с использованием одного из заранее определенных операторов «скрещивания» (кроссинговера) [15–17].

В частности, если на некоторой итерации случайным образом были выбраны две родительские особи

$$p^u = (p_1^u, p_2^u, \dots, p_n^u) \quad \text{и} \quad p^w = (p_1^w, p_2^w, \dots, p_n^w), \quad 1 \leq u, w \leq K,$$

то в случае использования арифметического оператора «скрещивания» значения вектора потомка образуются по правилу

$$p_i = a \cdot p_i^u + (1-a) \cdot p_i^w, \quad i = 1..n, \quad (8)$$

где  $a$  – параметр, определяемый в интервале (0,1),  $n$  – предполагаемое количество активных центров.

Шаг 6. Для внесения разнообразия в образуемое множество решений и устранения проблемы преждевременного «вырождения» популяции вводится некоторый параметр «мутации»  $\mu \in (0,1)$ , определяющий вероятность случайного изменения элементов вектора образованных потомков, что позволяет избежать проблемы сходимости к локальному экстремуму. Элементы вектора, попадающие под процедуру «мутации», меняются по правилу  $x_i = x_i \pm a \cdot \delta$ , где  $\delta$  определяет допустимый интервал изменения, а параметр  $a$  является поправочным коэффициентом и определяется в интервале от 0 до 1.

Шаг 7. Для образованной популяции «потомков» рассчитывается значение целевой функции, и в случае соответствия критерию остановки

$$G(X_j^{\text{iter}}) \leq \varepsilon, \quad j = 1..K, \quad (9)$$

алгоритм следует остановить и вывести полученное решение. Иначе, перейти к четвертому шагу с целью дальнейшей репродукции.

Критерием остановки итерационного выполнения шагов 4–7 может быть также достижение предельного количества итераций выполнения алгоритма или критически малое изменение значения функции приспособленности в течение нескольких итераций. В этом случае необходимо перейти к шагу 8.

Шаг 8. Поскольку не удается подобрать параметры  $p_i, \lambda_i, i = 1..n$ , для которых выполняется условие (6), то требуется увеличить количество активных центров  $n = n + 1$ , т.к. изначально предложенного количества недостаточно. Затем необходимо перейти к шагу 2 для поиска более расширенной группы параметров.

Итерационное выполнение представленных шагов алгоритма позволяет идентифицировать не только количество активных центров, но и соответствующие параметры каждого из них.

*Результаты исследования*

Апробация созданного генетического алгоритма для решения обратной задачи формирования ММР проводилась для процесса получения 1,4-цис-полиизопрена в присутствии каталитической системы на основе сольвата хлорида гадолиния [10] с мольным составом  $GdCl_3 \cdot ni-PrOH / Al(i-C_4H_9)_3 / \text{пиперилен} = 1/20/2,5$ .

Процесс полимеризации проводили в периодическом режиме в реакторе автоклавного типа  $V = 2$  л с перемешивающим устройством и рубашкой для подачи теплоносителя. После предварительного удаления кислорода в реактор загружали расчетное количество раствора изопрена в изопентане с концентрацией 16,7 масс.%. С помощью шприца в реактор вводили 3%-й раствор диизобутилалюминийгидрида в толуоле из расчета  $3,6 \cdot 10^{-5}$  моль на 1 моль изопрена. Далее добавляли гадолиниевый каталитический комплекс в расчете 1 моль гадолиния на  $15,6 \cdot 10^3$  моль изопрена. Весь процесс проводился при избыточном давлении 2 кг/см<sup>2</sup> и температуре 38°C до конверсии изопрена 70%.

Полученный полиизопрен исследовался методом гель-проникающей хроматографии [18] с использованием жидкостного хроматографа Alliance GPCV-2000 (Waters, США), оснащенный рефрактометрическим и вискозиметрическим детекторами. Результаты анализа в виде кривой ММР представлены на рис. 1. Ширина молекулярно-массового распределения продукта представлена значением полидисперсности  $P = 4,44$ .

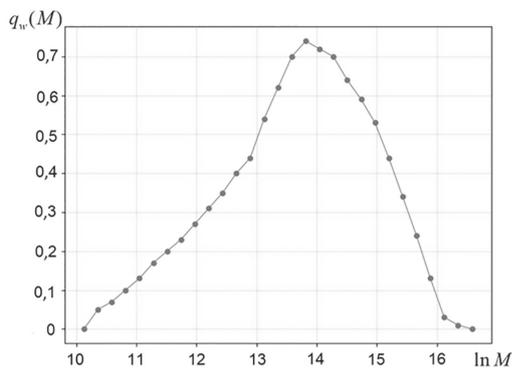


Рис. 1. Молекулярно-массовое распределение продукта полимеризации изопрена на каталитической системе  $GdCl_3 \cdot ni-PrOH / Al(i-C_4H_9)_3 / \text{пиперилен}$ .

Поскольку ширина молекулярно-массового распределения превышает значение 2, то реализация генетического алгоритма началась с предположения о существовании как минимум  $n = 2$  различных типов активных центров. С целью идентификации параметров  $p_i, \lambda_i, i = 1..n$  был сформирован вектор  $q_w^{экс}$  из  $m = 29$  точек, определяющих равномерное дискретное разбиение исходного ММР для различных значений и определен функционал, который требовалось минимизировать:

$$F(p_1, p_2, \lambda_1, \lambda_2) = \sum_{i=1}^m (q_w^{экс}[i] - p_1 K(\lambda_1, M[i]) - p_2 K(\lambda_2, M[i]))^2, \quad i = 1..m. \quad (10)$$

С использованием заданных граничных точек  $(\ln M)_{\min} = 10,13$  и  $(\ln M)_{\max} = 16,58$  на основании соотношения  $\ln \lambda = -\ln M$  были рассчитаны параметры  $\lambda_{\min} = 6,3 \cdot 10^{-8}$  и  $\lambda_{\max} = 4 \cdot 10^{-5}$ , используемые при определении граничных условий при формировании начальной популяции потенциальных решений. В качестве критерия остановки алгоритма использовалось значение  $\varepsilon = 5 \cdot 10^{-3}$ . Параметр  $p_1$  был равномерно задан на отрезке от 0 до 1, а параметр  $p_2$  определялся, исходя из выражения  $p_1 + p_2 = 1$ , за счет чего задача свелась к нахождению трех параметров системы  $p_1, \lambda_1, \lambda_2$ .

Процедура получения потенциальных «потомков» на пятом шаге реализации алгоритма проводилась с использованием в ка-

честве основного оператора арифметического кроссингвера с параметром  $a = 0,5$ . Параметр мутации определялся значением  $\mu = 0,3$ .

В ходе вычислительных испытаний было обнаружено, что заданный критерий эффективности не был достигнут, а генетический алгоритм прекратил свою работу по истечении предельного количества итераций. Наилучшее приближение расчетной кривой ММР к экспериментальной было достигнуто при следующих параметрах:  $\lambda_1 = 3,51 \cdot 10^{-6}, \lambda_2 = 7,93 \cdot 10^{-7}, p_1 = 0,45, p_2 = 0,55$ . Минимальное значение целевой функции (10) при этом составило  $F(p_1, p_2, \lambda_1, \lambda_2) = 0,138$ . Полученная расчетная кривая ММР для каждого типа АЦ и их суперпозиция представлены на рис. 2.

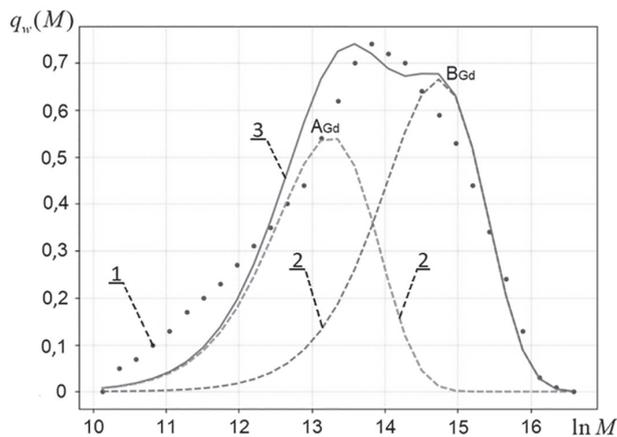


Рис. 2. Сравнение экспериментальной и расчетной кривой ММР. 1 – исходная экспериментальная кривая ММР (точки); 2 – расчетная кривая для каждого из двух АЦ (штрих); 3 – суммарная расчетная кривая ММР (линия).

Графическое представление расчетной кривой ММР и полученное значение целевой функции продемонстрировали, что данное ММР нельзя описать двумя типами активных центров, поэтому их количество было увеличено до  $n = 3$ , и задача оптимизации свелась к идентификации уже пяти параметров системы  $p_i, \lambda_i (i = 1..3)$ , поскольку  $p_3 = 1 - p_1 - p_2$ .

Продолжение работы генетического алгоритма для обновленного значения позволило достичь заданного критерия эффективности, а итерационный поиск прекратился при достижении значения целевой функции –  $4,7 \cdot 10^{-3}$ . Наилучшее приближение расчетной кривой ММР к экспериментальной было достигнуто при следующих значениях параметров:  $\lambda_1 = 1,23 \cdot 10^{-5}, \lambda_2 = 2,34 \cdot 10^{-6}, \lambda_3 = 6,85 \cdot 10^{-7}$  при соответствующих  $p_1 = 0,142, p_2 = 0,447, p_3 = 0,411$ . Поскольку итерационное выполнение алгоритма прекратилось по достижению заданного значения критерия эффективности, то полученные результаты можно считать окончательными. Таким образом, результаты вычислительных испытаний показали, что по результатам работы генетического алгоритма можно выделить три типа активных центров: А –  $\ln M = 11,31$ , В –  $\ln M = 12,96$  и С –  $\ln M = 14,19$ , при этом содержание активных центров типа А в катализаторе составляет 14,2%, типа В – 44,7% и типа С – 41,1%.

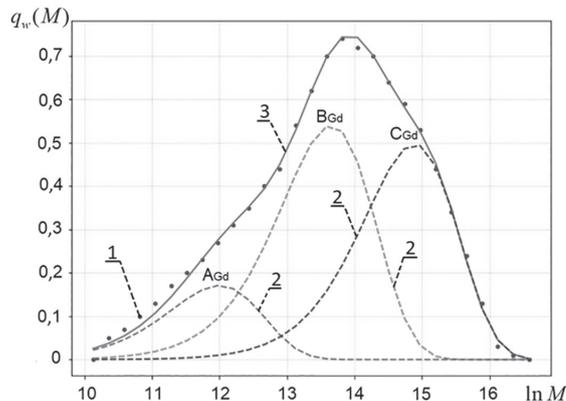


Рис. 3. Сравнение экспериментальной и расчетной кривой ММР. 1 – исходная экспериментальная кривая ММР (точки); 2 – расчетная кривая для каждого из трех АЦ (штрих); 3 – суммарная расчетная кривая ММР (линия).

Полученная расчетная кривая ММР для каждого типа активных центров и их суперпозиция представлены на рис. 3. Анализ полученных кривых позволяет убедиться в адекватности получаемых расчетных результатов, а незначительное отклонение расчетной кривой ММР от экспериментальной наблюдается лишь в области низкомолекулярных фракций.

#### Заключение

Таким образом, разработан алгоритм оценки кинетической неоднородности катализатора, позволяющий на основании единственного допущения о том, что распределение на каждом типе активных центров описывается одним из модельных распределений, в автоматическом режиме решить задачу подбора числа активных центров и долей каждого типа с использованием эвристического метода оптимизации. В силу достаточно высокой размерности пространства параметров и наличия большого количества локальных решений для решения обратной задачи выбран генетический алгоритм, способность которого одновременно исследовать как новые области пространства параметров, так и улучшать найденные решения позволяет гарантированно достигать глобального оптимума задачи.

Определены итерационные шаги генетического алгоритма, в основе которого лежит вариативность количества различных типов активных центров, определяющего количество неизвестных параметров системы. Апробация генетического алгоритма для продукта полимеризации изопрена в присутствии каталитической системы на основе сольвата хлорида гадолиния с мольным составом  $GdCl_3 \cdot n\text{-PrOH}/Al(i-C_4H_9)_3/\text{пиперилэн} = 1/20/2,5$  позволила идентифицировать наличие трёх типов активных центров: А –  $\ln M = 11,31$ ; В –  $\ln M = 12,96$  и С –  $\ln M = 14,19$ . Содержание активных центров типа А в катализаторе составляет 14,2%, типа В – 44,7% и типа С – 41,1%.

#### Благодарности

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-21-00380, <https://rscf.ru/project/24-21-00380/>.

#### Литература

1. Monakov Y., Sigaeva N., Urazbaev V. Active sites of polymerization. Multiplicity: Stereospecific and kinetic heterogeneity. Leiden: Brill Acad. Publ., 2005. 397 p.
2. Захаров В.П., Мингалеев В.З., Берлин А.А., Насыров И.Ш., Жаворонков Д.А., Захарова Е.М. Кинетическая неоднородность титановых и неодимовых катализаторов производства 1,4-цис-полиизопрена // Химическая физика. 2015. Т. 34, №3. С. 69–75.
3. Тихонов А.Н., Гончарский А.В., Степанов В.В., Ягола А.Г. Численные методы решения некорректных задач. М.: Наука, 1990. 232 с.
4. Усманов Т.С., Усманов А.С., Усманов С.М., Ягола А.Г. Обратные задачи формирования молекулярно-массового распределения в процессах полимеризации // Вычислительные методы и программирование. 2006. Т. 7, №4. С. 294–299.
5. Усманов Т.С., Спивак С.И., Усманов С.М. Обратные задачи формирования молекулярно-массовых распределений. М.: Химия, 2004. 252 с.
6. Бигаева Л.А., Усманов А.С., Гайсин Ф.Р., Усманов С. М. Обратная задача молекулярно-массового распределения и анализ функций распределения // Башкирский химический журнал. 2014. Т. 21, №2. С. 65–59.
7. Усманов А.С., Спивак С.И., Насыров И.Ш., Усманов С.М. Расчет функции распределения активных центров в процессе ионно-координационной полимеризации // Системы управления и информационные технологии. 2004. №4. С. 34–38.
8. Захаров В.П., Мингалеев В.З., Захарова Е.М., Насыров И.Ш., Жаворонков Д.А. Совершенствование стадии приготовления неодимового катализатора в производстве изопренового каучука // Журнал прикладной химии. 2013. Т. 86, №6. С. 967–971.
9. Мифтахов Э.Н., Мустафина С.А., Морозкин Н.Д., Насыров И.Ш. Оценка эффективности влияния трубчатого турбулентного аппарата на кинетику процессов получения полимеров // Инженерные технологии и системы. 2023. Т. 33, №3. С. 388–402.
10. Мифтахов Э.Н., Мустафина С.А., Насыров И.Ш., Фаизова В.Ю. Исследование кинетической неоднородности каталитической системы на основе сольвата хлорида гадолиния в производстве 1,4-цис-полиизопрена // Журнал прикладной химии. 2022. Т. 95, №3. С. 375–381.
11. Miftakhov E.N., Mustafina S., Akimov A., Mustafina S. Simulation approach to study kinetic heterogeneity of gadolinium // e-Polymers. 2024. V. 24(1).
12. Пантелеев А.В., Скавинская Д.В., Алёшина Е.А. Мета-эвристические алгоритмы поиска оптимального программного управления. М.: Инфра-М, 2024. 396 с.
13. Simon D. Evolutionary Optimization Algorithms. Wiley, John Wiley & Sons Limited, 2013. 776 p.
14. Katoch S., Chauhan S.S., Kumar V. A review on genetic algorithm: past, present, and future // Multimedia Tools and Applications. 2021. Vol. 80(5). P. 8091–8126.
15. Kii T., Yaji K., Fujita K., Sha Z., Seepersad C. Latent Crossover for Data-Driven Multifidelity Topology Design // Journal of Mechanical Design. 2024. Vol. 146(5).
16. Aladdin A., Rashid T. A New Lagrangian Problem Crossover – A Systematic Review and Meta-Analysis of Crossover Standards // Systems. 2023. Vol. 11(3).
17. Pretorius K., Pillay N. Neural network crossover in genetic algorithms using genetic programming // Genet Program Evolvable Mach. 2024. Vol. 25(7).
18. ГОСТ Р 57268.1-2016 (ИСО 16014-1:2012) Композиты полимерные. Определение средней молекулярной массы и молекулярно-массового распределения полимеров методом эксклюзионной хроматографии. М.: Стандартинформ, 2016. 18 с.