

**ЕВОЛЮЦІЙНА ОПТИМІЗАЦІЯ ПАРАМЕТРІВ ТЕХНОЛОГІЧНОГО
ПРОЦЕСУ ЗБАГАЧЕННЯ МАГНЕТИТОВИХ КВАРЦИТІВ**

Розглянуто можливості використання методів еволюційного моделювання і генетичної оптимізації параметрів технологічних процесів збагачення. Адаптовано гапліодну версію генетичного алгоритму для оптимізації багатовимірної функції мети у нейромережевому вигляді, яка визначається на підставі ідентифікації. Наведено результати комп'ютерного моделювання роботи алгоритму з верифікацією на реальних даних.

Постановка задачі в загальному вигляді та її актуальність. Розглядається проблема побудови процедури багатофакторної оптимізації у складі інтелектуальної системи керування (ІСК) технологічними процесами (ТП) збагачення руд чорних металів (магнетитових кварцитів) в умовах гірничозбагачувальних комбінатів (ГЗК) України. На сьогодні таке завдання не є повністю вирішеним. Актуальність проблеми підтверджена багатьма дослідженнями в цьому напрямі, зокрема попередніми роботами автора [1, 2].

Аналіз існуючих рішень в області багатовимірної оптимізації. Як пошукові методи для багатофакторної оптимізації технологічних функцій цілей, оптимальних та адаптивних регуляторів зараз переважно застосовуються різні модифікації градієнтних алгоритмів [3–5]. Разом з цим, добре відомо, що у випадку поганої обумовленості завдання оптимізації, що є типовим у випадку спроби апроксимації технологічних функцій (особливо в умовах суттєво нелінійних та нестационарних процесів [4, 5]), виникають певні проблеми зі збігом процесу пошуку екстремуму. Достатньо доброю альтернативою зазначеним підходам є застосування інтелектуальних підходів, еволюційних та генетичних алгоритмів (ГА) [6–8].

Генетичні алгоритми (ГА) є методами глобальної оптимізації, які базуються на теоретичних досягненнях синтетичної теорії еволюції й сучасної генетики. Головною перевагою є можливість одержання з їх допомогою квазіоптимального рішення. Завдання оптимізації цільової функції на основі нейромережевої ідентифікаційної моделі технологічних процесів збагачувальної технології [1–3], як і більшість реальних завдань багатофакторної оптимізації, є багатоекстремальним, тому всі класичні методи оптимізації, що ґрунтуються на використанні градієнта цільової функції, не можуть гарантувати знаходження найкращого рішення [4, 5].

Метою проведених досліджень є вивчення властивостей еволюційної оптимізації на підставі застосування генетичного алгоритму та подальша адаптація такого підходу для пошуку екстремуму нейромережевої моделі ТП секції збагачення магнетитових кварцитів у складі ІСК типу [3].

Викладення основного матеріалу досліджень. Розглянемо можливу процедуру знаходження уставок багатоканального інтелектуального регулятора [3], як розв'язання задачі нелінійного програмування за допомогою різновиду ГА, що у загальному вигляді представляється рівнянням:

$$f(\chi^*) = \min_{\chi \in X} f(\chi), \quad (1)$$

де $\chi \in \mathfrak{R}$ – вектор координат точки пошуку; χ^* – оптимальне рішення; X – область пошуку.

Для простоти будемо вважати, що всі можливі обмеження у вигляді рівностей або нерівностей вже враховані в цільовій функції у вигляді згортки критеріїв, за допомогою методу штрафних функцій або іншим чином [4].

Можливе розв'язання задачі (1) представляється в ГА у вигляді множинної особини $\{\chi, f(\chi)\}$. Вона включає до себе вектор $\chi(\chi_1, \chi_2, \dots, \chi_l)$, що закодований у k лінійних хромосомах (одна на кожному координату), а також відповідне значення цільової функції $f(\chi)$.

Найбільш поширеними підходами щодо практичного застосування ГА є його диплоїдна та гапліодна версії. Зазначені схеми відрізняються кількістю наборів хромосом, швидкістю збігу та здатністю знаходити глобальний оптимум (або властивостями передчасної збіжності у випадку наявності локальних екстремумів [6–9]).

Проаналізуємо можливості застосування гапліодної версії ГА для оптимізації багатовимірної функції мети, яку сформовано у процесі нейромережевої ідентифікації ТП збагачення магнетитових кварцитів [1, 2]. Використаємо підхід застосування ГА, що запропонований автором [10].

За технологічні критерії та обмеження при оптимізації будемо розглядати вирази, прийняті в роботі [1]:

$$J(Q, \beta, \beta_x) = \begin{cases} Q \rightarrow \max \\ \beta^{\min} \leq \beta \leq \beta^{\max} \\ \beta_x^{\min} \leq \beta_x \leq \beta_x^{\max} \end{cases}, \quad (2)$$

де Q – продуктивність на виході контрольної стадії або секції; $\beta; \beta^{\min}; \beta^{\max}$ – вміст корисного компоненту та відповідні обмеження (мінімальне та максимальне); $\beta_x; \beta_x^{\min}; \beta_x^{\max}$ – втрати корисного у хвостах та відповідні обмеження.

Для спрощення будемо вважати, що функція мети включатиме лише фактори, що входять до складу зазначеного критерію (2) за продуктивністю, якістю, втратами корисного у хвостах. Хоча аналогічна методика може бути застосована і для більшої (реальної) кількості чинників. Причому незалежно від вибору головного критерію відомо [4, 5], що завдання мінімізації та максимізації еквівалентні. Тобто

$$\min f(\chi) = \max \{-f(\chi)\},$$

де $f(\chi)$ – функція мети, яка підлягає оптимізації.

Крім того, припустимо, що цільова функція (1) може приймати лише позитивні значення; в протилежному випадку слід додати певне постійне значення, наприклад,

$$\max f(\chi) = \max \{f(\chi) + C\},$$

де C – певна константа.

Отже, завдання полягає у максимізації функції k змінних $f(\chi_1, \dots, \chi_k)$; при цьому кожна змінна $\chi_i (i = \overline{1, k})$ приймає значення у межах області $D_i = [a_i, b_i]$ та $f(\chi_1, \dots, \chi_k) > 0$ для кожного $\chi_i \in D_i$.

Встановимо необхідну точність оптимізації для функції $f(\chi)$: 2 знаки після коми. Тоді кожна область D_i повинна бути розділена на $(b_i - a_i) \times 10^2$ однакових відрізків.

Позначимо через m_i найменше число, що задовольняє нерівності

$$(b_i - a_i) \times 10^6 \leq 2^{m_i} - 1.$$

Тоді кожна змінна χ_i кодується як бінарний рядок довжиною m_i , що відповідає заданій точності.

Кожна хромосома (потенційне рішення) представляється бінарним рядком довжиною $m = \sum_{i=1}^k m_i$. У

цьому рядку перші m_1 бітів позначають χ_1 з діапазону $[a_1, b_1]$, другі m_2 – з діапазону $[a_2, b_2]$ тощо. У підсумку хромосома має такий вигляд:

$$\underbrace{010101}_{m_1} \underbrace{11100011}_{m_2} \dots \underbrace{11100}_{m_k}.$$

Задамо, крім того, розмір популяції M (число хромосом). Далі робота ГА здійснюється відповідно до алгоритму (рис. 1).

Основні етапи наведеного вище алгоритму такі:

- у кожній генерації оцінюється кожна хромосома на предмет її придатності з використанням функції f на декодованому наборі змінних;
- відбирається нова популяція з урахуванням розрахованої придатності;
- за допомогою операторів схрещування й мутації хромосоми комбінуються в нову популяцію.

Після деякого числа генерацій, коли не спостерігається поліпшення популяції, краща хромосома представляє оптимальне (можливо, глобальне) рішення. Можлива також примусова зупинка алгоритму після фіксованого числа ітерацій.

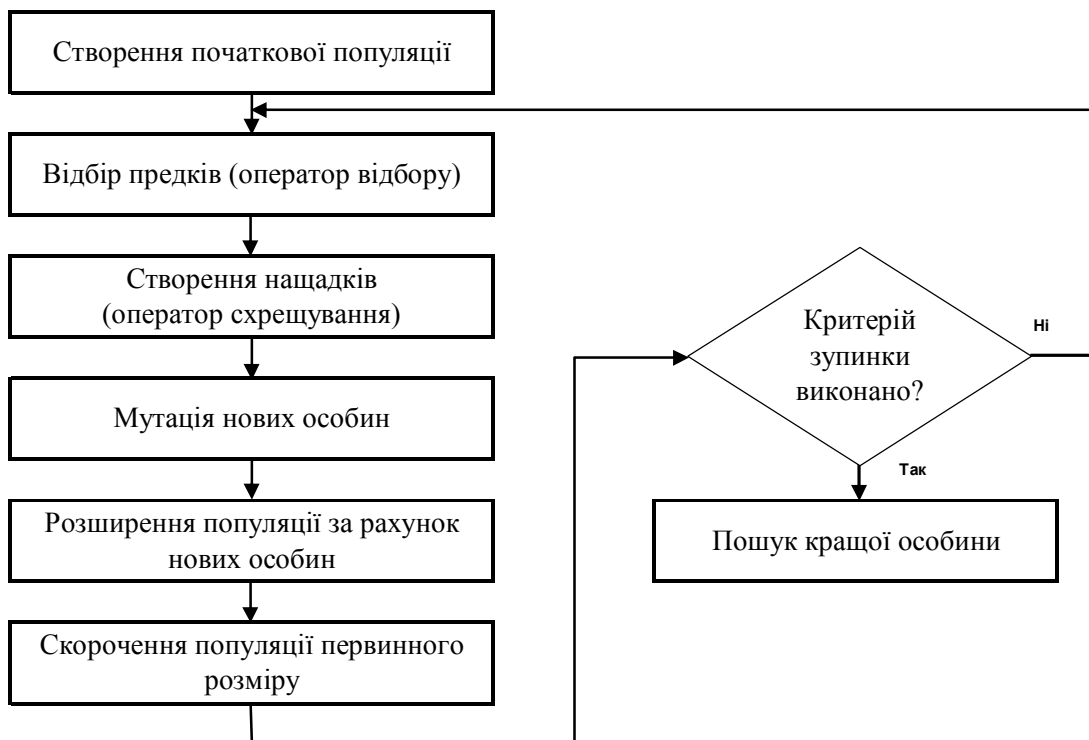


Рис. 1. Блок-схема роботи генетичного алгоритму (ГА)

Розглянемо деякі кроки більш докладно.

1. Селекція.

Для процесу селекції служить рулетка (генератор випадкових чисел) з розмірами секторів, пропорційних придатності кожного рядка. Розробка такої рулетки складається з наступних кроків:

- обчислюється придатність $\mu(a_j)$ для кожної хромосоми a_j , $j = \overline{1, M}$;
- знаходиться загальна функція придатності всієї популяції

$$F = \sum_{j=1}^M \mu(a_j);$$

- визначається ймовірність вибору p_j для кожної хромосоми a_j

$$p_j = \mu(a_j) / F;$$

- обчислюється кумулятивна (накопичена) імовірність q_j для кожної хромосоми

$$q_j = \sum_{j=1}^{j^*} p_j.$$

Процес селекції заснований на обертанні колеса M раз, і щораз відбирається одна хромосома в нову популяцію в такий спосіб:

- генерується випадкове число r з діапазону $[0, 1]$;
- якщо $r < q_1$, то вибирається перша хромосома a_1 ; у протилежному випадку відбирається j -та хромосома $a_j (2 \leq j \leq M)$ таким чином, щоб $q_{j-1} < r \leq q_j$.

Очевидно, що деякі хромосоми будуть обрані більше, ніж один раз. Кращі хромосоми дають більше копій, середні – залишаються незмінними, погані – вмирають. Нові рішення на цьому етапі не створюються.

2. Схрещування.

Задається ймовірність схрещування p_c . Очікуване число хромосом, які піддаються схрещуванню, становить $p_c \times M$.

Для кожної хромосоми з нової популяції:

- генерується випадкове число r з діапазону $[0, 1]$;
- якщо $r < p_c$, то дана хромосома вибирається для схрещування.

У такий спосіб відбираються особини для схрещування. Вибір точки схрещування теж випадковий:

– генерується випадкове число s з діапазону $[1 \dots (m - 1)]$ (m — довжина хромосоми). Це число s визначає точку схрещування.

У підсумку дві хромосоми $(b_1b_2 \dots b_sb_{s+1} \dots b_m)$ і $(c_1c_2 \dots c_sc_{s+1} \dots c_m)$ замінюються парою нащадків $(b_1b_2 \dots b_sc_{s+1} \dots c_m)$ і $(c_1c_2 \dots c_sb_{s+1} \dots b_m)$.

3. Мутація.

Задається ймовірність мутації p_m . Очікуване число змінених бітів складе $p_m \times m \times M$. Кожен біт у всіх хромосомах у всій популяції має рівний шанс піддатися мутації, тобто змінитися з 0 на 1 або навпаки. Це здійснюється в такий спосіб:

– генерується випадкове число r з діапазону $[0, 1]$;

– якщо $r < p_m$, то біт змінюється.

Після відбору, схрещування й мутації нова популяція готова для подальшого оцінювання. Отримані оцінки використовуються для побудови нової рулетки із секторами, пропорційними поточним значенням функції придатності. Інша частина еволюції представляє циклічне повторення процесу.

Скористаємося наведеними поясненнями для вирішення завдання оптимізації цільової функції, яку отримано в результаті нейромережевої ідентифікації ТП збагачення магнетитових кварцитів (на прикладі показників переділу 2-ї стадії 14 секції РЗФ-2 Південного ГЗК). Для цього візьмемо за основу критерій (2.1). Тоді завдання оптимізації у спрощеній формі зводиться до знаходження максимуму функції:

$$f(\chi_1, \chi_2) = Q(\beta, \beta_x) \rightarrow \max,$$

де Q – продуктивність секції збагачення, т/год.; β – якість проміжного продукту ТП на виході секції за вмістом корисного компоненту (заліза загального), %; β_x – загальні втрати корисного у хвостах, %.

Крім того, згідно з (2) приймемо: інтервали зміни аргументів функції мети $40,2 < \beta < 55,3$ та $9,7 < \beta_x < 11,4$; розмір популяції $M = 20$; ймовірності схрещування $p_c = 0,25$; ймовірності мутації $p_m = 0,25$.

Припустимо, що необхідна точність становить 4 цифри після коми для кожної змінної. Тоді діапазон для змінної χ_1 , що становить 15,1 %, повинен бути розділений на $15,1 \times 10000$ рівних відрізків. Це означає, що для першої частини хромосоми буде потрібно 18 бітів, тому що

$$2^{17} < 151000 < 2^{18}.$$

Для другої змінної χ_2 з діапазоном, рівним 1,7 %, умова встановленої точності вимагає, щоб весь діапазон був розділений на $1,7 \times 10000$ рівних відрізків. Таким чином, для цієї змінної необхідно 15 бітів, оскільки

$$2^{14} < 17000 < 2^{15}.$$

Загальна довжина хромосоми (вектор потенційного рішення) складе $m = 18 + 15 = 33$ біти, з яких перші 18 кодують першу змінну, а ті 15, що лишилися, другу змінну. Розглянемо, наприклад, такий рядок (010001001011010000 111110010100010).

Перші 18 бітів визначають таке значення змінної χ_1

$$\begin{aligned} \chi_1 &= 40,2 + \text{decimal}(010001001011010000)_2 \otimes \frac{55,3 - 40,2}{2^{18} - 1} = \\ &= 40,2 + 70352 \otimes \frac{15,1}{262143} = 40,2 + 4,05 = 44,25. \end{aligned}$$

Останні 15 бітів, декодовані за аналогією з вищенаведеним рівнянням, дають для змінної χ_2 значення, що дорівнює 11,35. Таким чином, хромосома (010001001011010000 111110010100010) відповідає $(\chi_1, \chi_2) = (44,25; 11,35)$, що визначає для цільової функції таке значення $f(\chi_1, \chi_2) = f(44,25; 11,35) = 180,24$.

Створимо початкову популяцію, що складається з 20 рядків, у кожній з яких значення 33 бітів ініціюються випадковим способом.

Припустимо, що після ініціювання отримана популяція, яка наведена в табл. 1.

Таблиця 1

Початкова популяція для оптимізації

Номер рядка	Рядки із закодованими хромосомами
1	10011010000000111111101001101111
2	111000100100110111001010100011010
3	000010000011001000001010111011101

4	100011000101101001111000001110010
5	00011101100101001101011111000101
6	000101000010010101001010111111011
7	001000100000110101111011011111011
8	100001100001110100010110101100111
9	010000000101100010110000001111100
10	000001111000110000011010000111011
11	011001111110110101100001101111000
12	110100010111101101000101010000000
13	111011111010001000110000001000110
14	010010011000001010100111100101001
15	111011101101110000100011111011110
16	110011110000011111100001101001011
17	011010111111001111010001101111101
18	011101000000001110100111110101101
19	000101010011111111110000110001100
20	101110010110011110011000101111110

Тепер необхідно декодувати кожну хромосому й обчислити функцію придатності кожного рядка (визначається шляхом обчислення відповідних значень функції, що оптимізується). Після декодування одержуємо результат, показаний у табл. 2.

Таблиця 2

Початкова популяція для оптимізації

Номер рядка	Функція	Придатність
1	$f(49,28;11,25)$	231,51
2	$f(53,55;9,98)$	67,47
3	$f(40,68;9,99)$	173,74
4	$f(48,48;11,19)$	154,87
5	$f(41,94;10,33)$	225,54
6	$f(41,39;9,99)$	161,10
7	$f(42,21;11,28)$	142,59
8	$f(48,11;10,30)$	159,77
9	$f(44,00;10,98)$	143,48
10	$f(40,65;10,39)$	189,32
11	$f(46,33;10,60)$	208,37
12	$f(52,56;9,84)$	133,60
13	$f(54,33;10,98)$	243,08
14	$f(44,54;10,75)$	176,86
15	$f(54,29;10,65)$	267,56
16	$f(52,41;10,59)$	212,37
17	$f(46,57;10,17)$	121,85
18	$f(47,04;10,76)$	137,16
19	$f(41,45;11,00)$	178,82
20	$f(51,14;10,36)$	121,58

З отриманих даних видно, що друга хромосома має найменшу придатність, а хромосома a_{15} – найбільшу.

Перейдемо до конструювання рулетки, необхідної для процесу селекції. Загальна придатність всієї популяції становить величину

$$F = \sum_{j=1}^{20} \mu(a_j) = 3450,64.$$

Імовірності вибору p_j для кожної хромосоми відповідно до вищевказаного правила наведені в табл. 3.

Таблиця 3

Значення ймовірностей кожної хромосоми

Рядок	Імовірність p_j	Рядок	Імовірність p_j
-------	-------------------	-------	-------------------

1	0,067	11	0,060
2	0,019	12	0,038
3	0,050	13	0,070
4	0,044	14	0,051
5	0,065	15	0,077
6	0,046	16	0,061
7	0,041	17	0,035
8	0,046	18	0,039
9	0,041	19	0,051
10	0,054	20	0,035

Кумулятивні ймовірності для кожної хромосоми наведені в табл. 4.

Таблиця 4

Кумулятивні ймовірності кожної хромосоми

Рядок	Ймовірність q_i	Рядок	Ймовірність q_i
1	0,067	11	0,538
2	0,086	12	0,577
3	0,137	13	0,647
4	0,181	14	0,698
5	0,247	15	0,776
6	0,293	16	0,837
7	0,335	17	0,873
8	0,381	18	0,912
9	0,423	19	0,964
10	0,478	20	1,000

Далі необхідно зробити 20 обертів рулетки, щораз відбираючи єдину хромосому для нової популяції. Нехай випадкова послідовність 20 чисел з діапазону $[0, 1]$ має вигляд, показаний у табл. 5.

Таблиця 5

Випадкові числа з діапазону $[0, 1]$

0,513	0,175	0,308	0,534	0,947
0,171	0,702	0,226	0,494	0,424
0,703	0,389	0,227	0,368	0,983
0,005	0,765	0,646	0,767	0,780

Перше число r_1 , більше, ніж q_{10} і менше, ніж q_{11} , тому для нової популяції вибирається хромосома a_{11} ; друге число r_2 більше, ніж q_3 і менше, ніж q_4 , отже, другим для нової популяції вибирається рядок a_4 і т.д.

Остаточна нова популяція має вигляд, наведений у табл. 6.

Як видно з табл. 6, гірша в початковій популяції (рядок 2) після селекції не потрапила в наступну генерацію, а краща в початковій популяції (рядок 15) з'явилася в новій популяції три рази.

Наступним кроком у проведенні ГА є схрещування. Застосуємо його до отриманої нової популяції. Задана ймовірність схрещування становить величину $p_c = 0,25$, тому в середньому повинне піддатися схрещуванню 25 % вихідних хромосом. Далі для кожної хромосоми в новій популяції генеруємо випадкове число r з діапазону $[0, 1]$; якщо $r < 0,25$, то вибираємо дану хромосому для схрещування.

Таблиця 6

Нова популяція хромосом ГА

Новий номер рядка	Хромосома	Старий номер рядка
1	01100111110110101100001101111000	11
2	100011000101101001111000001110010	4
3	00100010000011010111101101111011	7
4	01100111110110101100001101111000	11
5	000101010011111111110000110001100	19

Новий номер рядка	Хромосома	Старий номер рядка
6	100011000101101001111000001110010	4
7	1110111011011110000100011111011110	15
8	00011101100101001101011111000101	5
9	011001111110110101100001101111000	11
10	000010000011001000001010111011101	3
11	1110111011011110000100011111011110	15
12	010000000101100010110000001111100	9
13	00010100001001010100101011111011	6
14	100001100001110100010110101100111	8
15	101110010110011110011000101111110	20
16	100110100000001111111010011011111	1
17	000001111000110000011010000111011	10
18	111011111010001000110000001000110	13
19	1110111011011110000100011111011110	15
20	110011110000011111100001101001011	16

Таблиця 7

Випадкові числа з діапазону [0, 1] для процедури схрещування

0,82	0,15	0,62	0,31	0,34
0,91	0,51	0,40	0,60	0,78
0,03	0,86	0,16	0,67	0,75
0,58	0,38	0,20	0,35	0,82

Припустимо, що послідовність випадкових чисел визначено з табл. 7. Помітно, що для схрещування відбираються хромосоми з номерами 2,11,13 й 18, оскільки значення випадкових чисел на цих позиціях менше, ніж 0,25. Відзначимо, що в цьому випадку число відібраних хромосом вийшло парним, тому легко скласти батьківські пари. У протилежному випадку необхідно додати або забрати одну хромосому. Склад батьківських пар також випадковий, наприклад, за одну таку пару виберемо рядки a_2, a_{11} й іншу – рядки a_{13}, a_{18} . Для кожної із цих двох пар генеруємо випадкове число s з діапазону [1,32] (нагадаємо, що 33 – загальне число бітів у хромосомі), що визначає положення точки схрещування. Для першої пари це число складе 9, а для другої — 20.

Перша пара хромосом

$$a_2 = 100011000|101101001111000001110010;$$

$$a_{11} = 111011101|101110000100011111011110,$$

після схрещування дає таку пару нащадків:

$$a_2^* = 100011000|101110000100011111011110;$$

$$a_{11}^* = 111011101|101101001111000001110010.$$

Друга пара хромосом

$$a_{13} = 00010100001001010100|1010111111011;$$

$$a_{18} = 11101111101000100011|0000001000110.$$

У результаті схрещування дає таку пару нащадків:

$$a_{13}^* = 00010100001001010100[0000001000110;$$

$$a_{18} = 11101111101000100011|1010111111011.$$

Після схрещування популяція приймає вигляд, наведений у табл. 8.

Таблиця 8

Популяція хромосом після схрещування

Номер рядка	Хромосома
1	011001111110110101100001101111000
2*	100011000101110000100011111011110
3	001000100000110101111011011111011
4	011001111110110101100001101111000
5	000101010011111111110000110001100
6	100011000101101001111000001110010
7	111011101101110000100011111011110

8	000111011001010011010111111000101
9	011001111110110101100001101111000
10	000010000011001000001010111011101
11*	111011101101101001111000001110010
12	010000000101100010110000001111100
13*	000101000010010101000000001000110
14	100001100001110100010110101100111
15	101110010110011110011000101111110
16	100110100000001111111010011011111
17	00000111000110000011010000111011
18*	111011111010001000111010111111011
19	111011101101110000100011111011110
20	110011110000011111100001101001011

Примітка: * – схрещені хромосоми.

Перейдемо тепер до оператора мутації, що виконується на побітовій основі. Задана ймовірність мутації $p_m = 0,01$, тому очікуване число бітів, які підлягають мутації, складе 1 % від загального числа бітів у популяції. В останній є $33 \times 20 = 660$ бітів, отже, у середньому число бітів-мутантів складе 6–7 од. Кожен біт у популяції має рівний шанс піддатися мутації, тому для кожного біта генеруємо випадкове число r з діапазону $[0,1]$; якщо $r < 0,01$, то даний біт мутується. У цілому, необхідно розіграти 660 випадкових чисел, з яких у цьому випадку тільки 5 задовольняють необхідній умові. Положення біта й відповідне значення випадкового числа наведені в табл. 9.

Таблиця 9

Позиція мутованого біта у популяції

Позиція біта	Випадкове число
112	0,00021
349	0,00994
418	0,00880
429	0,00542
602	0,00283

Для визначення положення мутованого біта в рядках популяції скористаємося табл. 10. Помітно, що 4 хромосоми піддалися мутації, причому один з рядків з номером 13 двічі поміняв значення бітів.

Таблиця 10

Положення мутованого біта у популяції

Положення біта	Номер хромосоми	Номер біта у хромосомі
112	4	13
349	11	19
418	13	22
429	13	33
602	19	8

Остаточна популяція після операторів схрещування та мутації наведена у табл. 11.

Таблиця 11

Популяція після схрещування та мутації

Номер рядка	Хромосома	Функція придатності
1	01100111111011010110000110111000	$f(46,33;10,60) = 208,37$
2*	10001100010111000010001111101110	$f(48,48;10,65) = 161,99$
3	00100010000011010111101101111011	$f(42,21;11,28) = 142,59$
4**	01100111111001010110000110111000	$f(46,33;10,60) = 208,37$
5	00010101001111111110000110001100	$f(41,45;11,00) = 178,82$
6	100011000101101001111000001110010	$f(48,48;11,19) = 154,87$
7	11101110110111000010001111101110	$f(54,29;10,65) = 267,56$
8	00011101100101001101011111000101	$f(41,94;10,33) = 225,54$
9	01100111111011010110000110111000	$f(46,33;10,60) = 208,37$
10	00001000001100100000101011101101	$f(40,68;9,99) = 173,74$
11**	111011101101101001011000001110010	$f(54,29;10,34) = 296,84$
12	010000000101100010110000001111100	$f(44,00;10,98) = 143,48$
13**	000101000010010101000100001000111	$f(41,39;9,81) = 201,96$
14	100001100001110100010110101100111	$f(48,11;10,30) = 159,77$
15	101110010110011110011000101111110	$f(51,14;10,36) = 121,58$
16	100110100000001111111010011011111	$f(49,28;11,25) = 231,51$
17	000001111000110000011010000111011	$f(40,65;10,39) = 189,32$
18*	11101111101000100011101011111011	$f(54,33;11,27) = 245,57$
19**	111011111101110000100011111011110	$f(54,35;10,65) = 245,66$
20	110011110000011111100001101001011	$f(52,41;10,59) = 212,37$

Примітки: * – схрещені хромосоми; ** – рядки, що піддалися мутації; 0,1 – біти, значення яких було змінено в процесі мутації.

У цій же таблиці в останньому стовпці наведені значення функції придатності, отримані для вихідної популяції після селекції, схрещування й мутації. Кращий рядок має значення функції придатності в останній популяції $Q_{11} = 296,84$ т/год., що перевищує найбільшу величину у початковій популяції ($Q_{15} = 267,56$ т/год.). При цьому якість промпродукту не змінилася ($\beta = 54,29$ %), а втрати корисного у хвостах навіть незначно зменшилися ($\beta_x = 10,34$ % проти 10,65 % на початку оптимізації). Крім того, і загальна придатність дорівнює $F = 3978,28$, що набагато перевищує аналогічну величину на початку роботи ГА. Таким чином, за один крок процедури виконання ГА вдалося значно просунути вперед на шляху пошуку максимального значення розглянутої функції. Далі необхідно знову застосувати селекцію, схрещування й мутацію, оцінити отриману генерацію з погляду її придатності та ін. доти, поки не буде задовольнятися умова зупинки (рис. 1).

Остаточні результати комп'ютерного моделювання повного процесу генетичної оптимізації параметрів ТП збагачення із застосуванням програмного пакета Gene Hunter, що наведено на рис. 2, збігаються з представленою методикою та аналітичними розрахунками. При цьому, час збігу знаходження необхідного рішення (значень вектора потенційних уставок для ІСК) не перевищує однієї хвилини.

The image shows a screenshot of the GeneHunter software interface. It features a large data table with columns labeled: *S₁*, *S₂*, *S₃*, *R₁₂*, *R₁₃*, *R₂₃*, *V₁₂*, *V₁₃*, *V₂₃*, *P₁₂₁(P)*, *P₁₃*, *P₂₃*, *S₄*, *S₅*, and *Predicted*. The table contains numerous rows of numerical values. A small dialog box is overlaid on the table, asking: "Сформувати подальше рішення?" with "Так" and "Ні" buttons. The table data is partially obscured by this dialog box.

Рис. 2. Генетична оптимізація ТП стадії збагачення у середовищі GeneHunter

Висновки. У результаті короткострокової оптимізації ТП збагачення магнетитових кварцитів із застосуванням еволюційних методів було доведено ефективність використання генетичної процедури для пошуку оптимуму нейромережової функції мети, яку отримано у результаті інтелектуальної ідентифікації технологічних параметрів в умовах секції РЗФ.

Отримані результати можуть бути застосовані при синтезі автоматизованих систем інтелектуального керування в умовах процесів збагачувальної технології.

ЛІТЕРАТУРА:

1. *Купін А.І.* Обґрунтування використання технологій штучного інтелекту для управління технологічним процесом збагачення магнетитових кварцитів // Вісник КТУ. – Кривий Ріг: КТУ, 2003. – Вип. 1. – С. 51–55.
2. *Назаренко В.М., Купін А.І.* Інтелектуальне управління технологічним процесом збагачення магнетитових кварцитів //Матеріали XIII Міжнародної конференції з управління «Автоматика-2006». – Вінниця: Універсум-Вінниця, 2006. – С. 467.
3. *Купін А.І.* Дослідження багатоканальних моделей нейромережової ідентифікації в умовах технологічних процесів збагачення // Вісник КТУ. – 2008. – № 21. – С. 139–143.
4. *Черноруцький І.Г.* Методи оптимізації в теорії управління.– СПб.: Питер, 2004. – 256 с.
5. Методы классической и современной теории автоматического управления / Под ред. К.А. Пупкова, Н.Д. Егунова. Т. 4: Теория оптимизации систем автоматического управления. – М.: Изд-во МГТУ им. Баумана, 2004. – 741 с.
6. *Гладков Л.А., Курейчик В.В., Курейчик В.М.* Генетические алгоритмы.– М.:ФИЗМАТЛИТ, 2006.– 320 с.
7. *Рудковская Д., Пилинский М., Рутковский Л.* Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечеткие системы. – М.: Горячая линия–Телеком, 2006. – 452 с.
8. *Скобцов Ю.А.* Основы эволюционных вычислений. – Донецк: ДонНТУ, 2008. – 330 с.
9. *Goldberg D. E.* Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. – Addison-Wesly, 1989. – 412 p.
10. *Кричевский М.Л.* Интеллектуальные методы в менеджменте.– СПб.: Питер, 2005. – 304 с.

КУПІН Андрій Іванович — кандидат технічних наук, доцент, завідувач кафедри комп'ютерних систем та мереж Криворізького технічного університету.

Наукові інтереси:

- інтелектуальні системи керування;
- штучний інтелект.

Подано 10.11.2008

Купін А.І. Еволюційна оптимізація параметрів технологічного процесу збагачення магнетитових кварцитів

Купин А.И. Эволюционная оптимизация параметров технологического процесса обогащения магнетитовых кварцитов

Kupin A.I. Evolutionary optimization of parameters of technological process of concentrating of magnetite's quartzites

УДК 681.51: 622.7

Эволюционная оптимизация параметров технологического процесса обогащения магнетитовых кварцитов / А.И. Купин

Рассмотрены возможности использования методов эволюционного моделирования и генетической оптимизации параметров технологических процессов обогащения. Адаптировано гаплоидную версию генетического алгоритма для оптимизации многомерной функции цели в нейросетевом виде, которая определяется на основании идентификации. Приведены результаты компьютерного моделирования работы алгоритма с верификацией на реальных данных.

УДК 681.51: 622.7

Evolutionary optimization of parameters of technological process of concentrating of magnetite's quartzites / A.I. Kupin

It is considered opportunities of use of methods of evolutionary modelling and genetic optimization of parameters of technological processes of enrichment. It is adapted haploid the version of genetic algorithm for optimization of multivariate function of the purpose as a neural network which is determined on the basis of identification. Results of computer modelling of work of algorithm with verification on the real data are resulted.