

**Купін А.І.**

Криворізький національний університет

**Сенько А.О.**

Криворізький національний університет

**Мисько Б.С.**

Криворізький національний університет

## ОПТИМІЗАЦІЇ НА ОСНОВІ ГЕНЕТИЧНИХ ПІДХОДІВ ДЛЯ ПРОЦЕСУ ЗБАГАЧЕННЯ ЗАЛІЗНОЇ РУДИ

З огляду на те, що завдання оптимізації процесу збагачення залізної руди є задачею глобальної оптимізації в умовах нестаціонарності та нелінійності, з метою її вирішення було застосовано принципи генетичних алгоритмів. У процесі дослідження проведено оптимізацію багатовимірної функції мети, яку сформовано у процесі нейромережевої ідентифікації технологічного процесу збагачення магнетитових кварцитів. Вважається, 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. Для спрощення будемо вважати, що функція мети включатиме лише продуктивність, клас крупності, вміст заліза. Хоча аналогічна методика може бути застосована і для більшої кількості чинників. Причому незалежно від вибору головного критерію відомо, що завдання мінімізації та максимізації еквівалентні. Встановлено необхідну точність оптимізації для функції: два знаки після коми. У кожній генерації оцінюється кожна хромосома на предмет її придатності з використанням функції  $f$  на декодованому наборі змінних. Відбирається нова популяція з огляду на розраховану придатність. За допомогою операторів схрещування і мутації хромосоми комбінуються в нову популяцію. Після відбору, схрещування й мутації нова популяція готова для подальшого оцінювання. Отримані оцінки використовуються для побудови нової рулетки із секторами, пропорційним поточним значенням функції придатності. Інша частина еволюції являє собою циклічне повторення процесу. Після деякого числа генерацій, коли не спостерігається поліпшення популяції, краща хромосома представляє оптимальне рішення. Можлива також примусова зупинка алгоритму після фіксованого числа ітерацій. Застосовано генетичні оператори селекції та мутації. Це дало змогу просунутися вперед на шляху пошуку максимального значення розглянутої функції.

**Ключові слова:** генетичні алгоритми, оптимізація, збагачення залізної руди, схрещення, мутація.

**Постановка проблеми.** Завдання оптимізації цільової функції на основі нейронних мереж в умовах збагачувальної технології, як і більшість реальних задач багатofакторної оптимізації, є багатоекстремальним та погано зумовленим. Тому всі класичні методи оптимізації, що ґрунтуються на використанні градієнта цільової функції, не можуть гарантувати знаходження найкращого рішення [2].

**Аналіз останніх досліджень і публікацій.** Численні дослідження довели, що ГА є одним із кращих методів, що забезпечують вирішення багатомірних та багатоекстремальних завдань глобальної оптимізації в умовах нестаціонарності та нелінійності [3]. Дослідження [4; 5] підтвердили доцільність застосування підходу на основі процедури з ГА гапліодної версії задля оптиміза-

ції керування в умовах процесів збагачувальної технології.

Розглянемо принципи застосування ГА для оптимізації багатовимірної функції мети, яку сформовано у процесі нейромережевої ідентифікації ТП збагачення магнетитових кварцитів. Використаємо підхід застосування генетичних алгоритмів, що запропонований авторами [1].

**Постановка завдання.** Таке завдання нелінійного програмування із застосуванням ГА узагальнено формулюється як:

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

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

Крім того, припустимо, що цільова функція  $f$  може приймати лише позитивні значення;

у протилежному випадку варто додати певне постійне значення, наприклад,

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

де  $C$  – константа.

Можливе вирішення задачі (3.1) представляється в ГА у вигляді особини  $\{\chi, f(\chi)\}$ . Вона включає вектор  $\chi(\chi_1, \chi_2, \dots, \chi_k)$ , що закодований у  $l$  лінійних хромосомах (одна на кожен координату), а також відповідне значення цільової функції  $f(\chi)$ .

Отже, завдання полягає в максимізації функції  $k$  змінних  $f(\chi_1, \dots, \chi_k)$ ; при цьому кожна змінна  $\chi_i (i = \overline{1, k})$  приймає значення в 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  $D_i$  має 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  $\chi_i$  кодується як бінарний рядок довжиною  $m_i$ , що відповідає заданій точності.

**Виклад основного матеріалу дослідження.** Кожна хромосома (потенційне рішення) представляється бінарним рядком довжиною  $m = \sum_{i=1}^k m_i$ . У цьому рядку перші  $m_1$  бітів позначають  $\chi_1$  з діапазону  $[a_1, b_1]$ , другі  $m_2$  – з діапазону  $[a_2, b_2]$  і т.д. Зрештою, хромосома має такий вигляд:

$$\underbrace{010101}_{m_1} \underbrace{1110}_{m_2} \dots \underbrace{00111100}_{m_k}.$$

Задаємо, крім того, розмір популяції  $M$  (число хромосом).

Далі робота ГА здійснюється відповідно до алгоритму (рис. 1).

- у кожній генерації оцінюється кожна хромосома на предмет її придатності з використанням функції  $f$  на декодованому наборі змінних;
- відбирається нова популяція з огляду на розраховану придатність;
- за допомогою операторів схрещування і 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.

Для процесу селекції служить рулетка (генератор випадкових чисел [6, 7]) із розмірами секторів, пропорційних придатності кожного рядка. Розробка такої рулетки складається з таких кроків:

- обчислюється придатність  $\alpha(a_j)$  для кожної хромосоми  $a_j, j = \overline{1, M}$ ;
- знаходиться загальна функція придатності всієї популяції  $F = \sum_{j=1}^M \alpha(a_j)$ ;
- визначається ймовірність вибору  $p_j$  для хромосом  $a_j, p_j = \alpha(a_j)/F$ ;

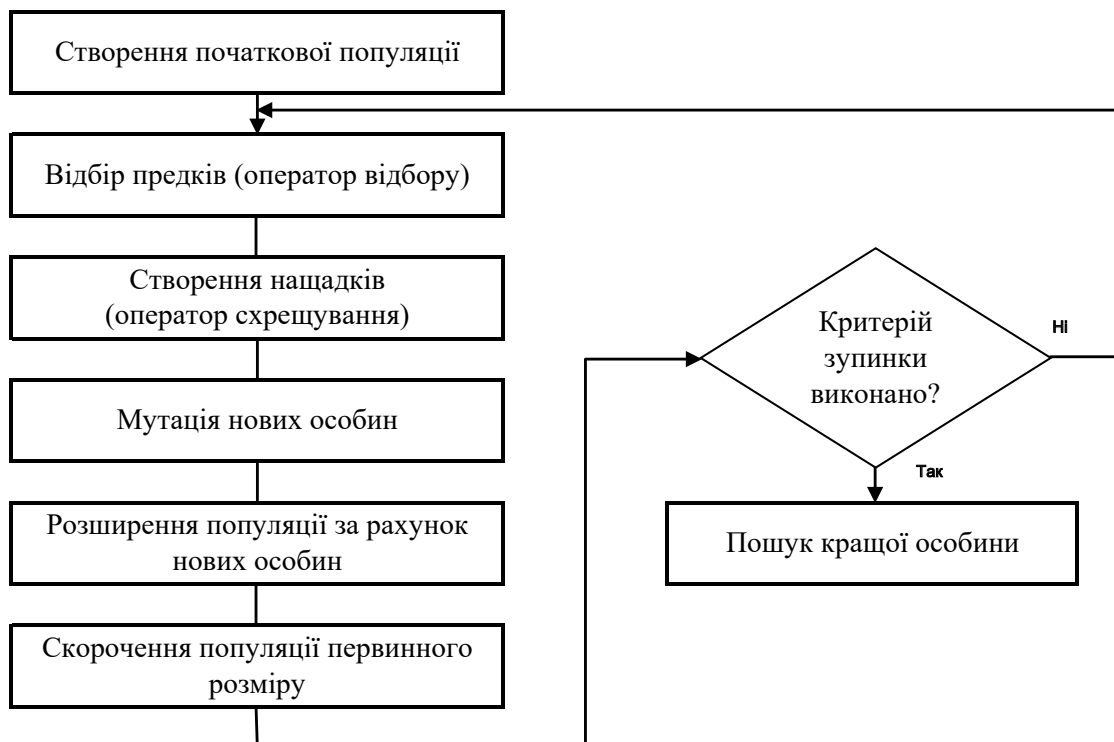


Рис. 1. Блок-схема роботи генетичного алгоритму (ГА)

– обчислюється кумулятивна імовірність  $q_j$  кожної хромосоми  $q_j = \sum_{j=1}^m p_j$ .

Процес селекції заснований на обертанні колеса  $M$  раз, і щоразу 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.

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 ця 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  $(b_1 b_2 \dots b_s b_{s+1} \dots b_m)$  і  $(c_1 c_2 \dots c_s c_{s+1} \dots c_m)$  замінюються парою нащадків  $(b_1 b_2 \dots b_s c_{s+1} \dots c_m)$  і  $(c_1 c_2 \dots c_s b_{s+1} \dots b_m)$ .

Мутація. Задається ймовірність мутації  $p_m$ . Очікуване число змінених бітів становитиме  $p_m \times m \times M$ . 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 з секторами, пропорційним поточним значенням функції придатності. Інша частина еволюції являє собою циклічне повторення процесу.

Скористаємося наведеними поясненнями для вирішення завдання оптимізації цільової функції, яку отримано в результаті нейромережевого

Таблиця 1

Початкова популяція для оптимізації

№	Рядки із закодованими хромосомами	№	Рядки із закодованими хромосомами
1	000000111111010011011111	10	1000110000011010000111011
2	0100110111001010100011010	11	1110110101100001101111000
3	0011001000001010111011101	12	0111101101000101010000000
4	0101101001111000001110010	13	1010001000110000001000110
5	100101001101011111000101	14	1000001010100111100101001
6	001001010100101011111011	15	1101110000100011111011110
7	0000110101111011011111011	16	0000011111100001101001011
8	0001110100010110101100111	17	1111001111010001101111101
9	0101100010110000001111100	18	0000001110100111110101101
10	1000110000011010000111011	19	0011111111110000110001100
11	1110110101100001101111000	20	0110011110011000101111110

Таблиця 2

Початкова популяція для оптимізації

Номер рядка	Функція	Придатність	Номер рядка	Функція	Придатність
1	f(29,25;31,56)	129,64	11	f(67,94;31,11)	136,91
2	f(41,48;31,63)	109,73	12	f(49,03;30,8)	128,75
3	f(36,89;31,88)	121,23	13	f(55,48;30,09)	125,69
4	f(43,59;30,14)	139,56	14	f(50,25;32,29)	134,74
5	f(53,27;32,49)	136,75	15	f(65,09;32,52)	126,38
6	f(34,77;31,91)	117,92	16	f(29,91;31,05)	110,48
7	f(30,83;32,23)	109,87	17	f(69,01;31,12)	141,43
8	f(33,42;31,73)	125,91	18	f(29,2;32,46)	131,15
9	f(43,3;30,16)	129,69	19	f(39,2;30,5)	138,26
10	f(51,82;31,35)	138,39	20	f(45,76;30,48)	106,47

прогнозування ТП збагачення магнетитових кварцитів (на прикладі показників переділу 1-ї стадії секції РЗФ Південного ГЗК). 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.;  $\beta$  – вміст фракції 10–20 мм, %;  $Fe_3$  – вміст корисного компоненту (заліза загального), %.

Крім того, прийmemo інтервали зміни аргументів функції мети  $28,6 < \beta < 71,02$  та  $30 < Fe_3 < 32,56$ , розмір популяції  $M=20$ , ймовірності схрещування  $p_c=0,25$ , ймовірності мутації  $p_m=0,25$ .

Припустимо, що необхідна точність становить 2 цифри після коми для кожної змінної. Тоді діапазон для змінної  $x_1$ , що становить 42,42%, має бути розділений на  $42,42 \times 100$  рівних відрізків. Це означає, що для першої частини хромосоми буде потрібно 13 бітів, тому що  $2^{12} < 4242 < 2^{13}$ .

Для другої змінної  $x_2$  з діапазоном, що дорівнює 2,56%, умова встановленої точності вимагає, щоб весь діапазон був розділений на  $2,56 \times 100$  рівних відрізків. Таким чином, для цієї змінної необхідно 12 бітів, оскільки  $2^{11} < 2560 < 2^{12}$ .

Загальна довжина хромосоми (вектор потенційного рішення) становитиме  $m = 13 + 12 = 25$  бітів, з яких перші 13 кодують першу змінну, а ті 12, що лишилися, – другу змінну.

Створимо початкову популяцію, що складається з 20 рядків, у кожній з яких значення 25 бітів будуть ініційовані випадковим способом (табл. 1).

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.

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

$$F = \sum_{j=1}^{20} \mu(a_j) = 2538,95.$$

Ймовірності вибору  $p_j$  для кожної хромосоми, відповідно до вищевказаного правила, наведені в табл. 3.

Кумулятивні ймовірності для кожної хромосоми наведені в табл. 4.

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

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.

Таблиця 3

Значення ймовірностей кожної хромосоми

Рядок	Ймовірність $p_j$	Рядок	Ймовірність $p_j$
1	0,0511	11	0,0539
2	0,0432	12	0,0507
3	0,0477	13	0,0495
4	0,0550	14	0,0531
5	0,0539	15	0,0498
6	0,0464	16	0,0435
7	0,0433	17	0,0557
8	0,0496	18	0,0517
9	0,0511	19	0,0545
10	0,0545	20	0,0419

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.

Таблиця 4

Кумулятивні ймовірності кожної хромосоми

Рядок	Ймовірність $q_j$	Рядок	Ймовірність $q_j$
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

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

Популяція хромосом після схрещування

№	Хромосома	№	Хромосома
1	1110110101100001101111000	11*	100101001101011111000101
2*	010110101101011111000101	12	1010001000110000001000110
3	1101110000100011111011110	13*	1110110101100000000111011
4	0000001111111010011011111	14	1110110101100001101111000
5	0101101001111000001110010	15	0001110100010110101100111
6	1101110000100011111011110	16	1101110000100011111011110
7	1110110101100001101111000	17	0011111111110000110001100
8	1101110000100011111011110	18*	1000110000011011101111000
9	000011010111101101111011	19	0110011110011000101111110
10	100101001101011111000101	20	0000001110100111110101101

Примітка: \* – схрещені хромосоми

Таблиця 6

Нова популяція хромосом ГА

Новий номер рядка	Хромосома	Старий номер рядка
1	1110110101100001101111000	11
2	0101101001111000001110010	4
3	1101110000100011111011110	15
4	0000001111111010011011111	1
5	0101101001111000001110010	4
6	1101110000100011111011110	15
7	1110110101100001101111000	11
8	1101110000100011111011110	15
9	000011010111101101111011	7
10	100101001101011111000101	5
11	100101001101011111000101	5
12	1010001000110000001000110	13
13	1110110101100001101111000	11
14	1110110101100001101111000	11
15	0001110100010110101100111	8
16	1101110000100011111011110	15
17	0011111111110000110001100	19
18	1000110000011010000111011	10
19	0110011110011000101111110	20
20	0000001110100111110101101	18

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 має піддатися схрещуванню 25% вихідних хромосом. Тут робимо в такий спосіб: для кожної хромосоми в новій популяції генеруємо випадкове число  $r$  з діапазону  $[0,1]$ ; якщо  $r < 0,25$ , то вибираємо цю хромосому для схрещування.

З табл. 7 помітно, що для схрещування відбираються хромосоми з номерами 2, 11, 13 і 18, оскільки значення випадкових чисел на цих позиціях менше, ніж 0,25. Зазначимо, що в

цьому разі 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, однією такою парою виберемо рядки  $a_2, a_{11}$  й іншою – рядки  $a_{13}, a_{18}$ . Для кожної із цих двох пар генеруємо випадкове число  $s$  з діапазону  $[1,24]$  (нагадаємо, що 25 – загальне число бітів у хромосомі), що визначає положення точки схрещування. Для першої пари це число становитиме 9, а для другої – 16.

Перша пара хромосом

$$a_2 = 01011010|01111000001110010;$$

$$a_{11} = 10010100|11010111111000101,$$

після схрещування дає таку пару нащадків:

$$a_2^* = 01011010|11010111111000101; a_{11}^* = 10010100|01111000001110010.$$

Друга пара хромосом

$$a_{13} = 111011010110000|1101111000;$$

$$a_{18} = 100011000001101|0000111011,$$

у результаті схрещування дає таку пару нащадків:

$$a_{13}^* = 111011010110000|0000111011; a_{18}^* = 10001000001101|1101111000.$$

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

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

Розглянемо роботу оператора мутації, що виконується на побітовій основі. Задана

ймовірність мутації  $p_m = 0,01$ , тому очікуване число бітів, які підлягають мутації, становитиме 1% від загального числа бітів у популяції. В останній є  $33 \times 20 = 660$  бітів, отже, у середньому число бітів-мутантів становитиме 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 цей біт мутує. Загалом необхідно розіграти 660 випадкових чисел, з яких у цьому разі тільки 5 задовольняють необхідній умові. Положення біта й відповідне значення випадкового числа наведені в табл. 9.

Таблиця 9

**Позиція біту, що мутує в популяції**

Позиція біту	Випадкове число
112	0,00021
349	0,00994
418	0,00880
429	0,00542
472	0,00283

Для визначення положення біта, що мутував у рядках популяції, скористаємося табл. 10. Помітно, що 5 хромосом піддалися мутації.

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

Таблиця 10

**Положення біту, що мутував у популяції**

Положення біту	Номер хромосоми	Номер біту у хромосомі
112	5	12
349	14	24
418	17	18
429	18	4
472	19	22

У цій же таблиці в останньому стовпчику наведені значення функції придатності, отримані для вихідної популяції після селекції, схрещування й мутації. Кращий рядок має значення функції придатності в останній популяції  $Q_{18}=139,91$  т/год., що перевищує найбільшу величину у початковій популяції ( $Q_{15}=139,56$  т/год.). При цьому збільшується вміст класу 10–20 мм (54,47%), та вміст заліза (30,48%). Крім того, і загальна придатність дорівнює  $F=2583,98$ , що перевищує аналогічну величину на початку роботи ГА.

**Висновки.** Таким чином, за один крок процедури виконання ГА вдалося просунути вперед на шляху пошуку максимального значення розглянутої функції. Далі необхідно знову застосувати селекцію, схрещування й мутацію, оцінити отриману генерацію з погляду її придатності тощо доти, поки не буде задовольнятися умова зупинки (рис. 1).

Таблиця 11

**Популяція після схрещування та мутації**

№	Хромосома	Функція придатності
1	1110110101100001101111000	$f(67,94;31,11)=136,91$
2*	0101101011010111111000101	$f(43,65;32,49)=129,19$
3	1101110000100011111011110	$f(65,09;32,52)=126,38$
4	0000001111111010011011111	$f(29,25;31,56)=129,64$
5**	010110100111 <u>0</u> 000001110010	$f(43,59;30,14)=139,56$
6	1101110000100011111011110	$f(65,09;32,52)=126,38$
7	1110110101100001101111000	$f(67,94;31,11)=136,91$
8	1101110000100011111011110	$f(65,09;32,52)=126,38$
9	0000110101111011011111011	$f(30,83;32,23)=109,87$
10	1001010011010111111000101	$f(53,27;32,49)=136,75$
11*	1001010011010111111000101	$f(53,27;32,49)=110,54$
12	1010001000110000001000110	$f(55,48;30,09)=128,75$
13*	1110110101100000000111011	$f(67,94;30,07)=116,26$
14**	11101101011000011011110 <u>1</u> 0	$f(67,94;31,11)=136,91$
15	0001110100010110101100111	$f(33,42;31,73)=125,91$
16	1101110000100011111011110	$f(65,09;32,52)=126,38$
17**	00111111111100001 <u>0</u> 0001100	$f(39,2;30,34)=134,19$
18***	100 <u>1</u> 110000011011101111000	$f(54,47;32,39)=139,81$
19**	0110011110011000101111110	$f(45,76;30,48)=136,11$
20	000000111010011111010 <u>0</u> 101	$f(29,2;32,45)=131,15$

Примітки: \* – схрещені хромосоми; \*\* – рядки, піддані мутації; 0,1 – біти, значення яких було змінено у процесі мутації

**Список літератури:**

1. Купін А.І., Сенько А.О., Мисько Б.С. Ідентифікація та автоматизоване керування в умовах процесів збагачувальної технології на основі методів обчислювального інтелекту : монографія / ред. О.Г. Самойлюк. Кривий Ріг, 2018. 298 с.
2. Zhang B., H. Muhlenbein Evolving optimal neural networks using genetic algorithms with Occam's razor. *Complex systems*. 1993. № 7. P. 199–220.
3. Goldberg D.E. Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. Mass. : Addison-Wesly, 1989. 412 p.
4. Купін А.І. Інтелектуальна ідентифікація та керування в умовах процесів збагачувальної технології : монографія. Кривий Ріг : КТУ, 2008. 204 с.
5. Купін А.І. Еволюційна оптимізація параметрів технологічного процесу збагачення магнетитових кварцитів. *Вісник Житомирського державного технологічного університету*. Житомир, 2008. № 4. С. 230–239.
6. Денисов А.А., Колесников Д.Н. Теория больших систем управления. Ленинград : Энергоиздат. Ленингр. отд-ние, 1982. 287 с.
7. Молчанов А.А. Моделирование и проектирование сложных систем. Киев : Вища школа, 1988. 359 с.

**Kupin A.I., Senko A.O., Mysko B.S. OPTIMIZATION BASED  
ON A GENETIC APPROACH TO THE PROCESS OF IRON ORE BENEFICIATION**

*Given that the task of optimizing the process of iron ore enrichment is a task of global optimization in the conditions of non-stationarity and nonlinearity, the principles of genetic algorithms were applied to solve it. In the course of the study, the optimization of the multidimensional objective function was formed, which was formed in the process of neural network identification of the technological process of enrichment of magnetite quartzites. It is considered that all possible restrictions in the form of equalities or inequalities have already been taken into account in the objective function in the form of a convolution of criteria, by the method of penalty functions or otherwise. For simplicity, we assume that the purpose function will include only performance, size class, iron content. Although a similar technique can be applied to more factors. Nevertheless, regardless of the choice of the main criterion, it is known that the minimization and maximization problems are equivalent. In each generation, each chromosome is evaluated for its suitability using the function  $f$  on the decoded set of variables. A new population is selected based on calculated fitness. With the help of crossing and mutation operators, chromosomes are combined into a new population. After selection, crossing and mutation, the new population is ready for further evaluation. The estimates obtained are used to construct a new roulette with sectors proportional to the current value of the fitness function. The other part of evolution is a cyclic repetition of the process. After a number of generations, when there is no population improvement, the best chromosome is the optimal solution. A forced stop of the algorithm after a fixed number of iterations is also possible. Genetic operators of selection and mutation have been applied. This made it possible to move forward in the search for the maximum value of the function under consideration.*

**Key words:** genetic algorithms, optimization, iron ore dressing, intersection, mutation.