

*Tomasz Gawenda\**, *Tomasz Niedoba\**,  
*Krzysztof Przybycień\*\**, *Tadeusz Tumidajski\**

## ZASTOSOWANIE ALGORYTMÓW GENETYCZNYCH DO MODELOWANIA PROCESÓW PRZERÓBKI SUROWCÓW MINERALNYCH\*\*\*

---

### 1. Wstęp

Dynamiczny rozwój nauk technicznych i związanych z nimi problemów ekonomicznych wymaga stosowania nowych, bardziej odpowiednich i precyzyjnych metod badawczych i pogłębionych analiz ilościowych. Zastosowania matematyki w zakresie nauk technicznych, a w szczególności w problemach przeróbki surowców mineralnych idą praktycznie w kierunkach:

- wdrażania nowych metod matematycznych w opisie materiałów i procesów (przede wszystkim metod statystyki nieklasycznej);
- doskonalenie metod optymalizacji i projektowania układów technologicznych;
- stosowania doskonalszych metod numerycznych w rozwiązywaniu zagadnień związanych z modelami matematycznymi przeróbki surowców.

W klasycznych metodach statystycznych występują założenia ograniczające możliwości ich stosowania i ich niespełnienie może prowadzić do niewłaściwych rozwiązań. Generalnie należy zgodzić się z tezą Rao [8]: „*Statystyka matematyczna jest bardziej sposobem myślenia lub wnioskowania niż pęczkiem recept na mlócenie danych w celu odślonienia odpowiedzi*”. W związku z tym, aktualnie zwraca się uwagę na testy statystyczne pozwalające na sprawdzanie spełnienia wymaganych założeń w przypadku konkretnych badań empirycznych lub tworzenia innych metod wnioskowania statystycznego, w których założenia te nie występują.

---

\* Wydział Górnictwa i Geoinżynierii, Akademia Górniczo-Hutnicza, Kraków

\*\* Wydział Informatyki, Wyższa Szkoła Biznesu National-Louis University, Nowy Sącz

\*\*\* Artykuł opracowano w ramach pracy badawczej nr 18.18.100.115

W wielu zadaniach przeróbczych celem jest takie dobranie parametrów pracy maszyn (mogą to być, w szczególności, ich charakterystyki geometryczno-techniczne), które prowadzą do optymalnego przebiegu procesów. Takie zadania optymalizacyjne mogą być rozwiązywane środkami czysto matematycznymi, pod warunkiem posiadania dokładnego ich modelu heurystycznego lub metodami poszukiwania optimum na obiekcie metodami doświadczeń czynnych, a w szczególności czynnikowych.

W literaturze [3] spotyka się najczęściej opis zastosowania metod optymalizacyjnych do flotacji (zarówno optymalizacja przebiegu, jak i optymalizacja układu operacji), przy czym większość z nich można stosować do innych układów przeróbczych.

Stosowanymi technikami optymalizacyjnymi są:

- zmodyfikowana metoda kompleksowa;
- metoda poszukiwania losowego (Monte Carlo);
- programowanie liniowe;
- procedury numeryczne i kombinatoryczne;
- poszukiwanie bezpośrednie;
- teoria potencjału łańcuchów Markowa;
- metoda dekompozycji.

Każda z tych technik posiada jakieś wady. Zmodyfikowana metoda kompleksowa jest bardzo wrażliwa na przyjęte wstępnie wartości zmiennych decyzyjnych a metoda poszukiwania losowego bardzo wolno dochodzi do rozwiązania optymalnego. Programowanie liniowe zakłada liniowość funkcji celu i ograniczeń. Procedury numeryczne i kombinatoryczne stosowane do poszukiwania optymalnego układu nie zawsze odpowiednio generują rozwiązanie optymalne. Wyniki metody poszukiwania bezpośredniego dla flotacji są bardzo zależne od żądanego poziomu uzysku i zawartości w koncentracie. Teoria potencjału łańcuchów Markowa zakłada, że żądany poziom uzysku koncentratu o danej zawartości jest niezależny od zmian przepływu (masy) w urządzeniu (maszynie). Metodę dekompozycji zastosowano uwzględniając empiryczne metody projektowania i zasady praktyczne w celu generowania wartości początkowych zmiennych (punkt startu) a także macierzy przejść (w celu poprawy wartości funkcji celu) [9].

Od kilkunastu lat są stosowane algorytmy genetyczne jako komputerowy sposób rozwiązywania wielu z przedstawionych zagadnień optymalizacyjnych. Mają one także zastosowanie do estymacji parametrów we wzorach tworzących modele heurystyczne poszczególnych urządzeń, czy ich układów.

Prezentowany artykuł będzie poświęcony zastosowaniu algorytmów genetycznych do wyznaczania postaci równania opisującego ziarno podziałowe hydrocyklonu oraz oceny ich możliwości w zakresie technik aproksymacji (weryfikacji, kalibracji modeli).

## **2. Zasady działania algorytmów genetycznych**

Algorytmy genetyczne są jedną z popularnych w ostatnich latach grupą metod sztucznej inteligencji obliczeniowej stosowanych głównie (choć nie tylko) do rozwiązywania pro-

blemów optymalizacyjnych. Wykorzystywane są głównie w sytuacjach gdy sposób rozwiązania problemu nie jest znany, dobrze określony lub możliwy do wykonania (np. w akceptowalnym czasie). Znany jest natomiast sposób oceny jakości rozwiązania.

Idea główna algorytmów genetycznych oparta jest na zasadach procesu ewolucji organizmów żywych. W procesie tym rodzice przekazują następnemu pokoleniu informację genetyczną (w pewnych losowych przypadkach nieco zmutowaną). Przetrwanie osobników i w konsekwencji zdolności rozrodcze gwarantują odpowiednią jakość materiału genetycznego, która zapewnia dążenie populacji do wypracowania najlepszych cech przystosowawczych do życia w określonym ekosystemie. Poszukiwanie rozwiązania problemu optymalizacyjnego polega więc na przekształcaniu początkowej populacji osobników w celu uzyskania kolejnej, złożonej z osobników dla których wartość funkcji przystosowania jest bliższa optimum. Przekształcenie to dokonuje się poprzez operacje krzyżowania, mutacji oraz selekcji działających na wzór wspomnianych wcześniej procesów biologicznych [1, 5].

Etapami działania algorytmu genetycznego są:

- 1) Tworzenie populacji początkowej, czyli zdefiniowanie:
  - populacji — zbioru osobników o określonym fenotypie zapisanym w postaci genotypu złożonego z chromosomów (często z jednego chromosomu);
  - osobnika — elementu przestrzeni rozwiązań problemu;
  - fenotypu — zestawu cech reprezentujących osobnika;
  - genotypu — zakodowanej reprezentacji fenotypu (odpowiednik materiału genetycznego);
  - chromosomu — uporządkowanego ciągu genów (np. bitów);
  - genu — najmniejszej jednostki struktury materiału genetycznego.

W etapie tym następuje wybranie określonej liczby elementów z przestrzeni rozwiązań — losowo, ewentualnie za pomocą jakiegoś algorytmu tzw. *preprocessingu*. Osobniki zostają zakodowane do swoich genotypów.
- 2) Część iteracyjna — wykonywana dla każdej populacji aż do zajścia warunku zatrzymania (tzw. stopu):
  - wyznaczenie wartości funkcji przystosowania (ocena populacji), czyli oceny jakości osobnika (rozwiązania). Przestrzeń rozwiązań zostaje przeprowadzona w zbiór liczb rzeczywistych. Argumentem funkcji jest fenotyp badanego osobnika. Algorytm dąży do wygenerowania osobnika o optymalnej wartości tej funkcji. Wartość tej funkcji zostaje wyznaczona dla każdego osobnika populacji;
  - wybór osobników do krzyżowania (selekcja). Z całej populacji wybiera się grupę osobników, na której zadziałają operatory genetyczne. Należy określić liczbę tej grupy oraz metodę selekcji. Najpopularniejsze to: metoda ruletki, metoda turniejowa, metoda rankingowa;
  - krzyżowanie (reprodukcja). Jest to wymiana materiału genetycznego (fragmentów chromosomów) między dwoma osobnikami populacji rodzicielskiej. W zależności od wyboru pary rodzicielskiej, liczby punktów krzyżowania, położenia za-

mienianych genów w chromosomie wyróżniamy krzyżowanie: proste, wielopunktowe, równomierne, arytmetyczne, heurystyczne. W wyniku działania operatora krzyżowania powstają (z reguły) dwa nowe osobniki i zastępują rodziców w następnej populacji;

- mutacja. Operator ten, z pewnym zdefiniowanym prawdopodobieństwem, dokonuje drobnej zmiany w kodzie genetycznym wybranego osobnika. Przy klasycznym, binarnym kodowaniu chromosomów mutacja polega na zmianie wartości pojedynczego bitu.

3) Warunki stopu algorytmu genetycznego - jego spełnienie oznacza zakończenie iteracji  
OCENA — SELEKCJA — KRZYŻOWANIE — MUTACJA.

Warunkiem takim może być:

- przekroczenie określonej liczby iteracji (generowanych pokoleń);
- przekroczenie określonego czasu przetwarzania;
- brak istotnej zmiany (poprawy) w rozwiązaniu optymalnym przez określoną liczbę iteracji;
- osiągnięcia rozwiązania o funkcji celu dostatecznie bliskiej zadanej wartości.

### 3. Model pracy hydrocyklonu — teoria i badania empiryczne

Hydrocyklony są opisywane modelami matematycznymi opartymi na danych doświadczalnych [7]. określił model pozwalający przewidywać tzw. ziarno podziałowe, oznaczone  $d_{50}$ , który jest szeroko używany do dziś. Wyszedł on z ogólnej postaci zależności

$$d_{50} = f(D_c, D_w, D_0, D_u, h, Q, \Phi, \rho) \quad (1)$$

gdzie:

- $D_c$  — średnica hydrocyklonu,
- $D_w$  — średnica dyszy wlotowej,
- $D_0$  — średnica dyszy przelewowej,
- $D_u$  — średnica dyszy wylewowej,
- $h$  — wysokość hydrocyklonu,
- $Q$  — objętościowy przepływ przez hydrocyklon (ilość nadawy),
- $\Phi$  — procent części stałych w mętach,
- $\rho$  — gęstość części stałych.

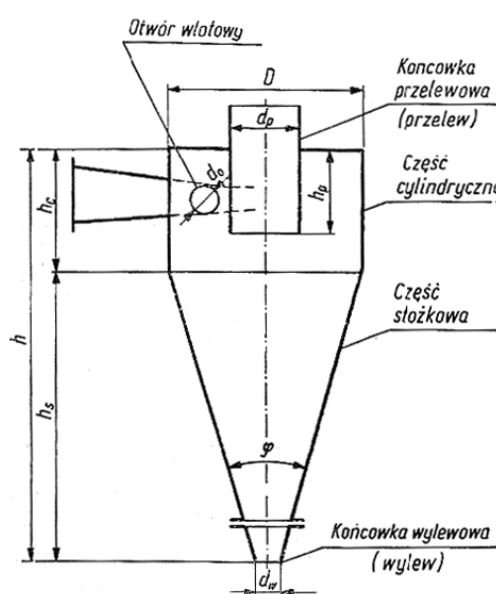
Po analizach i weryfikacji otrzymał ogólną postać wzoru:

$$d_{50} = \frac{D_c^{c_1} D_w^{c_2} D_0^{c_3} \exp[C_4 \Phi]}{D_u^{c_5} h^{c_6} Q^{c_7} \rho^{c_8}} \quad (2)$$

przy czym stałe  $C_i$  ( $i = 1, \dots, 8$ ) są dobierane na podstawie danych empirycznych dotyczących pracy hydrocyklonu.

Wykorzystana w eksperymentach instalacja do klasyfikacji hydraulicznej surowców mineralnych w polu działania siły odśrodkowej, znajdująca się w Katedrze Przeróbki Kopaliny i Ochrony Środowiska składała się z hydrocyklonu zamocowanego w konstrukcji stalowej, ciśnieniowego zbiornika zawieszinowego, kompresora powietrza oraz przewodów ciśnieniowych.

Schemat budowy hydrocyklonu wraz z oznaczeniami przedstawiono na rysunku 1.



Rys. 1. Schemat budowy hydrocyklonu

Zaznaczone na rysunku 1 elementy konstrukcyjne hydrocyklonu są wymienne i ich wymiary spełniają rolę parametrów, którymi można regulować pracę urządzenia. Odpowiedni dobór elementów może decydować zarówno o pracy urządzenia do klasyfikacji, zagęszczania bądź wzbogacania.

W celu wykorzystania hydrocyklonu do klasyfikacji piasku kwarcowego o zagęszczeniu nadawy 15 i 20% wykorzystano następujące wybrane parametry konstrukcyjne:

- dysze wlotowe o średnicach 4,5 i 4,8 mm ( $D_w$ ) i długościach odpowiednio 4 i 6 mm;
  - dysze wylewowe o średnicach 3 i 5 mm ( $\frac{1}{2} D_0$ ) i kątach zbieżności  $7^\circ$ ;
  - dysze przelewowe o średnicach 6 i 10 mm i długościach 13 mm;
  - części stożkowe o długościach 75 i 165 mm i kątach zbieżności, odpowiednio  $15^\circ$  i  $7^\circ$ ;
- oraz stałą część cylindryczną o średnicy 30 mm.

Próbki nadawy zmielone do uziarnienia  $0\pm 0,5$  mm były przygotowane w sposób reprezentatywny i odważone po 2 kg. Ciśnienie ( $p$ ), pod wpływem którego podawano materiał do hydrocyklonu wynosiło 3 i 5 atm, przy wszystkich kombinacjach rozmiarów dysz i części stożkowych. Zagęszczenie ( $\Phi$  — procent części stałych o nadawie) przyjmowano jako równe 15 lub 20%.

Materiał podczas klasyfikacji był odbierany do osobnych pojemników, a następnie uśredniany w celu wykonania analiz granulometrycznych na analizatorze laserowym typu Analysette 22.

#### 4. Wyniki obliczeń

W celu uproszczenia procedury oraz ze względu na ograniczone możliwości pomiarowe, wyjściowe równanie Plitta uproszczono do postaci [4]:

$$d_{50} = \frac{D_w^{C_1} \exp[C_2 \Phi]}{D_u^{C_3} h^{C_4} p^{C_5}} \quad (3)$$

Następnie, przy różnych ustawieniach parametrów konstrukcyjnych hydrocyklonu dokonano serii 24 pomiarów parametru. Wyniki pomiarów podano w tabeli 1.

Wykorzystując dane eksperymentalne postanowiono porównać wyniki estymacji parametrów rozpatrywanego wzoru, prowadzonej różnymi metodami numerycznymi. Były to: klasyczna metoda linearyzacji (w tym przypadku logarytmowanie wzoru), sprowadzająca zadanie estymacji do metody najmniejszych kwadratów oraz metoda estymacji nieliniowej i procedury simpleksowej. Metoda estymacji nieliniowej wykorzystuje bardzo efektywny ogólny algorytm (quasi-newtonowski), który aproksymuje pochodne drugiego rzędu funkcji strat jako wskazania przy poszukiwaniu jej minimum. Metoda ta posiada wiele wariantów i ich stosowanie powinno brać pod uwagę jakość funkcji strat i cele obliczeń.

Procedura simpleksowa nie wykorzystuje wyznaczania pochodnych funkcji strat, ale w każdej iteracji funkcji ocenianej (wyznaczonego wzoru) liczy wartość w  $m + 1$  punktach  $m$ -wymiarowej przestrzeni ( $m$  — liczba estymowanych parametrów). Poprzez odrzucenie maksymalnego wyniku poszukuje się następnego punktu i w ten sposób simpleks porusza się „w dół”. Po znalezieniu minimum, simpleks jest poszerzany w celu oceny jakości minimum (eliminacja ewentualnego minimum lokalnego). Szczegółowy opis metody jest do wglądu w plikach pomocy programu STATISTICA, za pomocą którego dokonano obliczeń.

Przy zastosowaniu techniki algorytmów genetycznych przyjęto, że fenotyp reprezentujący pojedyncze rozwiązanie jest wektorem szukanych parametrów ( $C_1, C_2, C_3, C_4, C_5$ ). Zastosowano binarne kodowanie fenotypu, gdzie genotyp składa się z jednego chromosomu — ciągu binarnego o długości 150 bitów. Powstaje on z zakodowania każdego z parametrów w 30-bitowym ciągu i konkatencji powstałych w ten sposób fragmentów chromosomu. Kodowanie przeprowadza zbiór wartości możliwych do zapisania na określonej liczbie bitów w przedział zdefiniowany jako dziedzina szukanego parametru  $C_i$  gdzie  $i = 1, 2, 3, 4, 5$ .

TABELA 1  
Wyniki eksperymentu

Numer pomiaru	$D_w$ , mm	$D_0$ , mm	$\Phi$ , %	$h$ , mm	$p$ , atm	$d_{50}$
1	4,5	6	15	75	3	330
2	4,8	6	15	75	3	400
3	4,5	10	15	75	3	320
4	4,8	10	15	75	3	420
5	4,5	6	20	75	3	420
6	4,8	6	20	75	3	540
7	4,5	10	20	75	3	460
8	4,8	10	20	75	3	500
9	4,5	6	15	75	5	210
10	4,8	6	15	75	5	280
11	4,5	10	15	75	5	220
12	4,8	10	15	75	5	240
13	4,5	6	20	75	5	240
14	4,8	6	20	75	5	310
15	4,5	10	20	75	5	320
16	4,8	10	20	75	5	250
17	4,5	6	15	165	5	220
18	4,8	6	15	165	5	200
19	4,5	10	15	165	5	160
20	4,8	10	15	165	5	220
21	4,5	6	20	165	5	295
22	4,8	6	20	165	5	320
23	4,5	10	20	165	5	250
24	4,8	10	20	165	5	270

Jakość osobnika określa wartość błędu aproksymacji, czyli sumę kwadratów odchyleń empirycznych wartości  $d_{50}$  od wartości  $d_{50}$  wyznaczonych według wzoru (2). Występujące w tym wzorze parametry  $C_i$  są fragmentami fenotypu danego osobnika (wyznaczone po odpowiednim rozkodowaniu genotypu) zaś pozostałe wielkości pochodzą z danych empirycznych.

Warunki przyjęte dla eksperymentu:

- rozmiar populacji: 1000 osobników;
- wyznaczenie populacji początkowej: losowo wygenerowane fenotypy;
- część populacji podlegająca krzyżowaniu: 85%;
- metoda krzyżowania: dwupunktowe;
- prawdopodobieństwo wystąpienia mutacji: 1%;
- metoda selekcji: Genitor selection.

W tabeli 2 podano wyniki przeprowadzonych estymacji dla zastosowanych metod, zaś w tabeli 3 wartości estymowanych parametrów równania.

TABELA 2

**Porównanie wyników teoretycznych i empirycznych dla modelu hydrocyklonu**

Numer pomiaru	Empiryczny	Linearyzacja	Estymacja nieliniowa	Simpleks	Algorytmy genetyczne
1	330	317,7481	317,8330	317,8329	317,75
2	400	415,5795	413,3431	413,3464	413,27
3	320	307,9178	311,3841	311,3809	311,31
4	420	402,7226	404,9562	404,9554	404,89
5	420	421,3822	418,1223	418,1349	418,00
6	540	551,1215	543,7697	543,7905	543,66
7	460	408,3458	409,6384	409,6467	409,53
8	500	534,0714	532,7364	532,7515	532,64
9	210	194,6679	189,0245	189,0256	189,13
10	280	254,6042	245,8272	245,8306	245,99
11	220	188,6455	185,1892	185,1884	185,30
12	240	246,7275	240,8392	240,8402	241,00
13	240	258,1593	248,6695	248,6785	248,81
14	310	337,6439	323,3956	323,4100	323,60
15	320	250,1725	243,6239	243,6303	243,77
16	250	327,1981	316,8338	316,8447	317,05
17	220	187,0123	188,2321	188,2238	188,20
18	200	244,5915	244,7967	244,7879	244,77
19	160	181,2267	184,4128	184,4029	184,38



TABELA 2 cd.

Numer pomiaru	Empiryczny	Linearyzacja	Estymacja nieliniowa	Simpleks	Algorytmy genetyczne
20	220	237,0245	239,8296	239,8186	239,81
21	295	248,0067	247,6270	247,6237	247,58
22	320	324,3655	322,0400	322,0382	322,00
23	250	240,3341	242,6026	242,5969	242,56
24	270	314,3305	315,5057	315,5008	315,48
$s_r$	–	34,8586	34,3817	34,3817	34,3812

TABELA 3

**Parametry równania modelu hydrocyklonu**

Numer pomiaru	Linearyzacja	Estymacja nieliniowa	Simpleks	Algorytmy genetyczne
$C_1$	4,1590	4,0712	4,0714	4,0726
$C_2$	0,0564	0,0548	0,0548	0,0548
$C_3$	0,0615	0,0401	0,0401	0,0401
$C_4$	0,0509	0,0053	0,0054	0,0063
$C_5$	0,9592	1,0173	1,0173	1,0156

Rysunek 2 pokazuje graficzną prezentację przebiegu krzywych dla empirycznych wyników pomiarów oraz wyników otrzymanych za pomocą metody algorytmów genetycznych.



**Rys. 2.** Przebieg zmienności wartości  $d_{50}$  otrzymanych empirycznie (podane) i metodą algorytmów genetycznych

## 5. Podsumowanie i uwagi końcowe

Modelowanie matematyczne procesów przeróbczych uwzględniające parametry techniczno-technologiczne maszyn stanowi podstawę symulacyjnego projektowania tych procesów oraz ich układów. Przeprowadzona i przedstawiona w artykule metodyka pozyskiwania takich modeli pozwala na sformułowanie kilku wniosków ogólnych i szczegółowych.

Przeprowadzony eksperyment (oparty częściowo na planie doświadczeń czynnikowych) dostarczył wyników obarczonych błędami, które nie były oceniane (doświadczeń nie powtarzano). Uzyskiwane wyniki estymacji parametrów podstawowego wzoru nie mają więc charakteru obowiązujących ogólnie. Przy modelowaniu poszczególnych urządzeń przeróbczych należy uwzględniać ten fakt i dążyć do takiej organizacji badań, które pozwolą na uogólnienie rezultatów.

Przy organizacji przestrzeni badań czynnikowych powinno uwzględniać się wyniki odpowiedzi badanego procesu na zmiany wartości pojedynczych czynników (zmiennych sterujących, decydujących o przebiegu). Złe rozłożenie punktów badań w przestrzeni czynnikowej może zmieniać istotność ocen poszukiwanych estymatorów.

Zdając sobie sprawę z ograniczeń związanych z realizacją eksperymentu przeprowadzono estymację parametrów wzoru stosując różne techniki (metody) obliczeniowe. Oceniając błędy aproksymacji należy stwierdzić, że najlepsze efekty dała technika oparta na algorytmach genetycznych. Klasyczna metoda najmniejszych kwadratów (analiza regresji) zastosowana do zlinearyzowanej postaci wzoru dała błąd aproksymacji największy, przy czym wykazała, że parametry  $C_2$  i  $C_4$  są nieistotne. Może to być wynikiem wystąpienia pewnych zgrupowań punktów doświadczalnych lub tzw. punktów dźwigniowych [10].

Obliczenia prowadzone za pomocą programu STATISTICA (estymacja nieliniowa i procedura simpleksu) dały analogiczne wyniki.

Metody algorytmów genetycznych są powszechnie stosowane do symulacji i projektowania układów procesów (maszyn) technologii przeróbki surowców mineralnych [2, 3, 6, 9]. Ich zastosowanie w rozwiązywaniu prezentowanego w artykule zagadnienia okazało się najlepsze.

Przypuszczalnie jednym z głównych powodów przewagi tej metody jest zdolność algorytmów genetycznych do wychodzenia z ekstremów lokalnych dzięki działaniu na populację operatorem mutacji. Unikanie tego zjawiska jest także efektem rozpoczynania poszukiwań od całej populacji możliwych rozwiązań a nie pojedynczego punktu jak w tradycyjnych metodach optymalizacyjnych.

Pewne znaczenie może mieć również fakt, że *AG* (algorytmy genetyczne) oceniają jakość rozwiązania bezpośrednio z przyjętej funkcji dopasowania (błędu). Ten swego rodzaju uniwersalizm, czy też niezależność pracy algorytmów genetycznych od znajomości charakterystyki problemu, w oderwaniu od jego matematycznych (lub co więcej numerycznych) zawłości, „słabości” czy niestabilności, powoduje zwiększenie skuteczności działania w stosunku do deterministycznych i często wymagających skomplikowanego przetwarzania numerycznego metod gradientowych.

Wydaje się, że wdrażanie programów opartych na algorytmach genetycznych powinno zmienić jakość (dokładność), niezbędnego w niektórych zakresach zastosowań, modelowania matematycznego (w tym symulacji) w przeróbce surowców mineralnych.

#### LITERATURA

- [1] *Goldberg D.E.*: Algorytmy genetyczne i ich zastosowania. Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa, 1998
- [2] *Green J.C.A.*: Optimization of Flotation networks. *International Journal of Mineral Processing*, vol. 13, pp. 83–103, 1984
- [3] *Guria C., Verma M., Gupta S.E., Mehrotra S.P.*: Simultaneous optimization of the performance of flotation circuits and their simplification using the jumping gene adaptations of genetic algorithm. *International Journal of Mineral Processing*, vol. 77, pp. 165–185, 2005
- [4] *Karr C.L., Yeager D.*: Calibrating computer models of mineral processing equipment using genetic algorithms. *Minerals Engineering*, vol. 8, no. 9, pp. 989–998, 1995
- [5] *Michalewicz Z.*: Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne. Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa, 2003
- [6] *Mitra K., Gopinath R.*: Multiobjective optimization of an industrial grinding operation using elitist nondominated sorting genetic algorithm. *Chemical Engineering Science* 59, pp. 385–396, 2004
- [7] *Plitt L.R.*: A mathematical model of the hydrocyclone classifier. *CIM Bulletin*, vol. 69, pp. 114–123, 1976
- [8] *Rao C.R.*: Statystyka i prawda. Wyd. Naukowe PWN, Warszawa, 1994
- [9] *Schena G., Zanin M., Chiarandini A.*: Procedures for the automatic design of flotation networks. *International Journal of Mineral Processing*, vol. 52, pp. 137–160, 1997
- [10] *Tumidajski T., Saramak D.*: Metody i modele statystyki matematycznej w przeróbce surowców mineralnych. Wydawnictwo AGH, Kraków, 2009