

(17) ホモロガス構造の遺伝的アルゴリズムによる形態解析

FORM FINDING ANALYSIS OF HOMOLOGOUS STRUCTURE BY GENETIC ALGORITHM

富田 啓一* 三井 和男** 登坂 宣好***

Keiichi TOMITA, Kazuo MITSUI, Nobuyoshi TOSAKA

In this paper, a genetic algorithm (GA) is applied to the form finding problem of homologous structures. The homologous structure keeps its shape according to a functional shape given in advance. This problem has a strong nonlinearity, and the obtained form depends on the initial form, namely the initial positions of the objective nodes. Moreover, the layout of the members is deeply concerned with the existence condition of solutions. In the present study, the form finding method in which not only the positions of the objective nodes but also the layout of members are encoded to strings in the GA as the design parameters of the structure is proposed, and the effectiveness of the method is also examined.

Key Words: genetic algorithms, truss structure, form finding problem, optimal design, homologous structure

1. まえがき

遺伝的アルゴリズム⁽¹⁾(Genetic Algorithms: 以下GA)を用いてホモロガス変形を制約条件とするトラス構造物の構造設計問題を取り扱う。ホモロガス変形の定義は半谷等⁽²⁾によると「構造、あるいは、構造の一部が、変形前、後において指定された形状と同一となること」であり、このような変形を示す構造をホモロガス構造と呼ぶ。ここで考察するトラス構造における形態解析は主に位相決定問題と位置決定問題から構成される。位相の決定は目標とする解の存在条件と深く関連があり、また位置の決定の前提となるため非常に重要な問題である。また、位置の決定に対し問題が強い非線形性を有しているためNewton-Raphson法が用いられる場合が多いが、初期値への依存性が非常に強い場合や、設計パラメータの増加に伴って解空間の多峰性が顕著な場合があり、解析を困難なものにしている。本論では、この位相に関する情報と位置に関する情報の両方を遺伝子としてコーディングし、多峰性のある問題や最適配置問題に有効であるとされるGAを導入し、位相と位置の決定を同時に行なう解析法を提案し、その有効性を検討する。

2. 遺伝的アルゴリズム

GAは、生物進化のメカニズムと考えられる選択淘汰と突然変異の原理に着想を得たアルゴリズムであり、Holland⁽³⁾によって導入された確率的探索最適化の一手法である。GAでは、まずはじめに初期集団を作成する。このとき、設計パラメータを2進数等で表現することによって、染色体(chromosome)とよばれる遺

*	日本大学大学院	生産工学研究科数理工学専攻	(〒275 習志野市泉町1-2-1)
**	日本大学専任講師	生産工学部数理工学科	(〒275 習志野市泉町1-2-1)
***	工博 日本大学教授	生産工学部数理工学科	(〒275 習志野市泉町1-2-1)

伝子(string)にコーディングする。次に各世代において交叉(crossover)、突然変異(mutation)、繁殖(reproduction)という過程をある一定の終了条件を満たすまで繰り返す。

交叉は、2つの個体の遺伝子を組み換えることにより次世代の遺伝子を作る操作であり、単なるランダム探索とは異なるGAにおいて最も特徴的な過程である。子となる遺伝子に両親の遺伝子の優れた部分を組み合わせることができれば解の探索における飛躍をもたらすからである。

突然変異は遺伝子を一定の確率で変化させる操作である。突然変異はある世代における集団全体が局所解に陥ってしまったとき、この局所解から抜け出すことが可能となることが期待できることや、局所的な探索ができるといった性質がある。

繁殖では淘汰(selection)が行われ、適応度の高い遺伝子はその適応度に比例して次世代に自分と同じ遺伝子を残す確率が高くなり、逆に適応度の低い遺伝子は死滅する確率が高くなる。これによって解が収束する性質を持つ。各個体の適応度は本報では、それぞれの個体の遺伝子をいくつかの設計パラメータに解読してから、これらの評価関数値を計算し、この評価関数値から適応度を計算する。GAは必要な設計変数を用いて目的関数を解析的に記述できないような問題を簡単に解くことができるという長所をもつ。

3. 形態解析1 (1節点の位置と、レイアウトの決定)

3.1 ホモロガス構造

図-1に示すトラス構造を考える。部材の断面積および弾性定数は一定であるとする。また、実線で示される部材は存在が決定しているものとし、破線で示される部材は形態解析によってその配置が決定される部材であってその存在は未定である。図-1に示すように上弦節点に同一の鉛直方向荷重を作用するとき、ホモロガス変形は節点1、2、3の鉛直方向変位が同一となることを意味するが、適当に選んだ形態は一般にこれを満足しない。本研究では前述の破線で示される部材の配置と節点4のy座標値 y_4 を設計パラメータとして、ホモロガス変形を満足する形態を解析する。

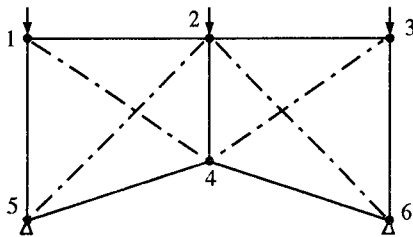


図-1 解析モデル

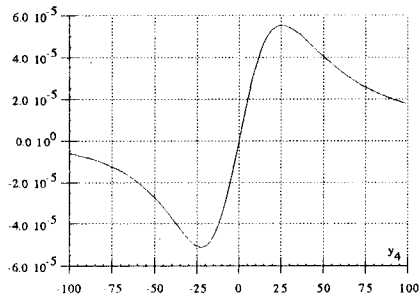


図-2 y_4 -感度曲線

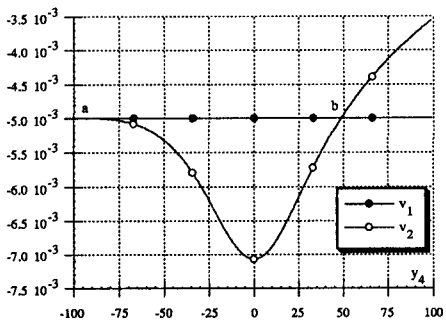


図-3 y_4 -変位曲線(レイアウトA)

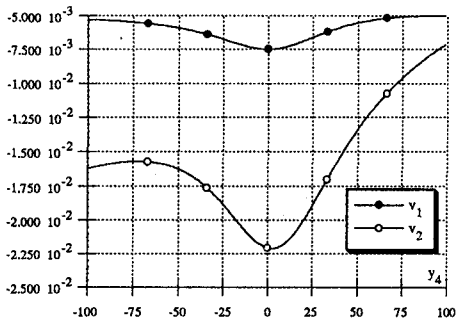


図-4 y_4 -変位曲線(レイアウトB)

この問題は本来強い非線形性を有する問題であり、そのため何らかの形で Newton-Raphson 法のような非線形方程式の数値解析手法が用いられることが多い。しかし、これらの方法は初期値への依存性が非常に強い場合があり、期待した形態が得られない場合がある。また、これらの方法では設計パラメータに対する感度解析を必要とするが、この感度は図-2に示すように設計パラメータ y_4 の増加および減少にともなって 0 に漸近する傾向があり、初期値によっては解が求められない場合や、収束計算の過程で感度 0 の領域に陥り解析できない場合があり、感度を求める必要のない GA の有効性が期待される点である。図-3、4はそれぞれ図-5、6の部材配置に対する設計パラメータ y_4 と節点1、2の鉛直方向変位を示したものである。図-3では2つの曲線の交差するaとbの位置にホモロガス変形を満足する解が存在する。しかし、図-4ではホモロガス変形を満足する解は存在せず、部材の配置、すなわち位相の決定が目標とする解の存在条件と深く関係することがわかる。このような問題は通常の数値解析手法では取り扱いが難しく、この点も GA の有効性が期待される点である。

3.2 評価関数と適応度

トラスの各節点についての変位を計算し、節点1、2、3についての鉛直方向の変位をそれぞれ v_1 、 v_2 、 v_3 とすれば、評価関数は式(1)で表すことができる。

$$f = (v_1 - v_2)^2 + (v_1 - v_3)^2 \quad (1)$$

この f を 0 または最小にする遺伝子を見つけだす。適応度については f を小さい順に並び換えて、それぞれに順位を付けその順位が高いものに高い適応度を与え低いものに低い適応度を与えた。

3.3 設計変数のコード化

(1) 節点の位置のコード化

節点4の鉛直座標を y_4 とし、 y_4 が区間 $[L_a, L_b]$ の中にあるものとする。位置のコード化のために y_4 のとりうる値を 0 から 255 の 2 進数で表現し、これを位置を示す遺伝子とする。したがって遺伝子と y_4 の間には次の関係式が成立する。ここで、 N は遺伝子の意味する 0 から 255 の 10 進数である。

$$y_4 = L_a + N \frac{L_b}{255} \quad (2)$$

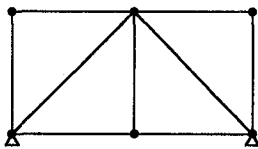


図-5 レイアウトA

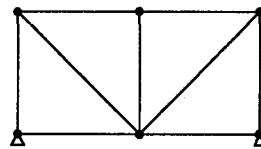


図-6 レイアウトB

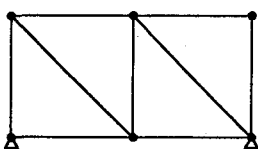


図-7 レイアウトC

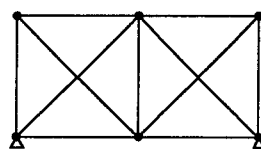


図-8 レイアウトD

(2) 位相のコード化

トラスの部材のレイアウトを遺伝子にコード化する。本報では簡単にするために図-2～5に示したような4種類のパターンをあらかじめ決めておき2桁の2進数で表現する。図-5のレイアウトを2進コード00、図-6のレイアウトは2進コード01とコード化し同様に図-7、図-8のレイアウトをそれぞれ10、11とコード化する。

(3) 位置と位相の遺伝子へのコード化

前述したように位置の情報を持つ長さ8の遺伝子と位相の情報を持つ長さ2の遺伝子をつなぎ合わせて図-9の様な遺伝子型とした。

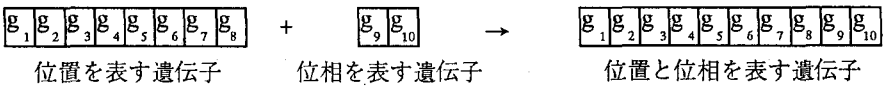


図-9 位置と位相の遺伝子へのコード化

3.4 解析結果

図-1のトラス構造モデルについて $L_a = 0$ 、 $L_b = 90$ として節点4のy座標 y_4 を限定して解析を行なった結果、図-10に示す部材数9のホモガス構造Aと図-11に示す部材数11のホモガス構造Bの2つの解が存在することになる。先ほど示した解析例では図-8のレイアウトDにおける解に収束している。実際にGAで解析するとどちらか一方の解に収束する。しかし、どちらかの解に収束するような制約条件、例えば部材数の制限などを考慮すれば解の選択をすることができる。ところでこのような制約条件は特に考慮にいれず、何回か計算を行なったところ図-10及び図-11の様な解が得られた。集団の大きさは50個体、交叉率は0.4、突然変異率0.005、遺伝子の長さは12である。

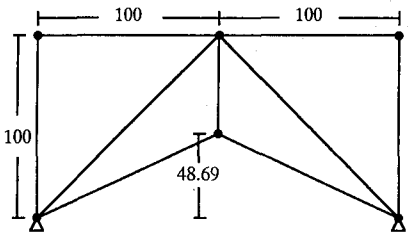


図-10 ホモガス構造A

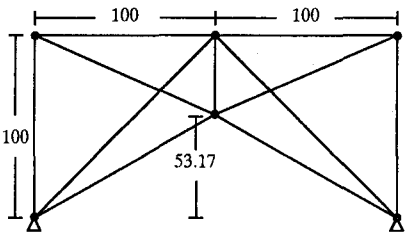


図-11 ホモガス構造B

4. 形態解析2 (2節点の位置と、レイアウトの決定)

4.1 解析モデル

次に、図-12に示す様なトラス構造の数値解析を行ない、形態変化を受ける節点数が増加した場合について、本論で提案した解析法の有効性を検討する。節点1～5をホモガス変形を受ける節点とし、鉛直方

向変位を同一とするホモロガスモードを採用する。対称構造であることを考慮すると、評価関数は式(1)を用いることができる。また、形態変化を受ける節点として節点7～9を選び、そのy方向座標と破線で示された斜材の有無を設計パラメータとする。適応度は3.2で述べたとおりである。

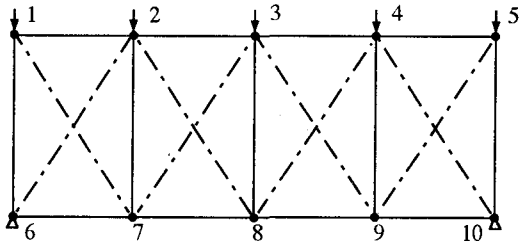


図-12 解析モデル

4.2 設計変数のコード化

(1) 節点の位置のコード化

節点7,8の位置を3.3(1)の節点の位置のコード化で述べたとおりとする。ただしNは0から1023の10進数である。y₇、y₈は次式に示すものである。y₇、y₈はそれぞれ、遺伝子g₅～g₁₄、g₁₅～g₂₄にコーディングするものとする。

$$y_7, y_8 = L_s + \frac{N L_b}{1023} \tag{3}$$

(2) 位相のコード化

長さ4の遺伝子を考えて遺伝子g₁～g₄にそれぞれ図-12に示す斜材の存在の有無(有=1、無=0)を記述する。

(3) 位置と位相の遺伝子へのコード化

部材の存在の有無の情報を長さ4の遺伝子に記録し1024通りの位置の情報を長さ10の遺伝子に記録することにする。y₇、y₈の2つの位置を決定するために位置の情報を表す遺伝子の長さは20となる。さらに位相を表す長さ4の遺伝子と合わせて位置と位相を表す遺伝子の長さは24となる。この様子を図-13に示す。

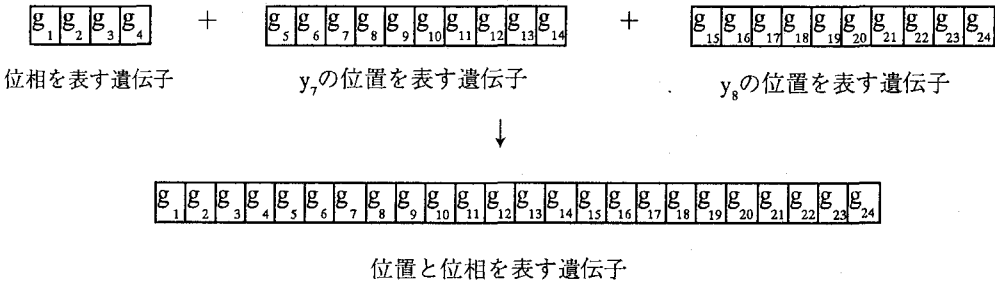


図-13 位置と遺伝子の遺伝子へのコード化

4.3 解析結果

また、形態変化を受ける節点が2のトラス構造モデルについても $L_a = 0$ 、 $L_b = 100$ として節点7、8のy座標 y_7 、 y_8 を限定して解析を行なった結果を図-14に示す。パラメーター等は先程示したとおりである。

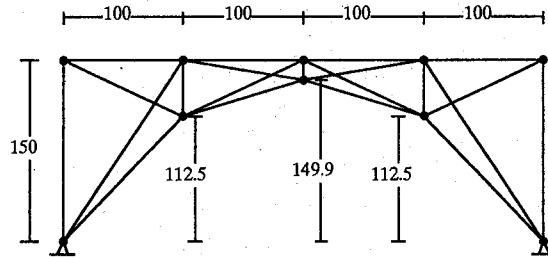


図-14 ホモロガス構造C

5. おわりに

変形モードを目標とする種々の形態解析の中で、ホモロガス変形を目標とするトラス構造の形態解析をとりあげ、これに遺伝的アルゴリズムを導入した。本報では考慮される位相パターンが4種類で形態変化を受ける節点数が1または2の場合に対し、その有効性が示された。今後は位相を決定しなければならない部材数や、位置を決定しなければならない節点数など、設計パラメータが増加した場合、さらには連続体の形態解析に適用して、位相及び位置決定の形態解析に対する有効性を検討したい。

参考文献

- 1) D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley(1989)
- 2) 半谷裕彦, 関富玲, ホモロガス変形を制約条件とする立体トラス構造の形態解析, 日本建築学会構造系論文報告集, 405, 97-102(1989).
- 3) Holland, J., Adaptation in Natural and Artificial Systems, The University of Michigan, 1975., and MIT Press, 1992.
- 4) 尾田十八, 最適化手法を用いた構造解析法, 第42回応用力学連合講演会, 63-64(1993).
- 5) 富田啓一, 三井和男, 登坂宣好, 遺伝的アルゴリズムによるホモロガス構造の形態解析, 第7回計算力学シンポジウム報文集(印刷中)(1993).