

CS-70

構造同定問題への遺伝的アルゴリズムの適用

日本電子計算 正会員 森崎 美紀 関西大学 正会員 古田 均
 関西大学 正会員 広兼 道幸

1. まえがき

逆解析問題(逆問題)は、種々の観測結果より構造モデルを決定する、あるいはそのモデル内の未知パラメータを推定することといえる。この未知パラメータとしては入力変数も含まれる。構造物の残存寿命や安全裕度を評価するうえで重要となっている欠陥同定問題(非破壊検査)は、逆解析問題の一種であるといつてよい¹⁾。近年研究されてきた計算力学分野をはじめとする、最適化理論に基づく欠陥同定などの手法は、(1)同定時に CPU 負荷の重い、数値解析および最適化計算を常に複数回行う必要があること、(2)問題が複雑になると、局所的な極小値にはまり込み真の解を得にくくなること、(3)設備が大がかりになること、などの問題点があり、迅速性および簡便性の点で十分とはいいがたい。そこで、簡便でかつ迅速な検査が行える同定手法の開発が強く望まれている。このような背景のもと、本研究では遺伝的アルゴリズム(GA: Genetic Algorithms)を用いて、大規模構造物の広範囲の定量的な欠陥同定を簡便かつ迅速に行える、逆問題解析手法を開発することを目的とする。また、GA は一般的に離散値を扱うものであるが、欠陥同定問題などでは離散値のみならず実数値で表わされるより詳しい情報が必要とされる。よって本研究では、実数を扱うことのできる実数型 GA の逆問題への適用可能性についても検討を加える。

2. 実数型遺伝的アルゴリズム²⁾

実数化の手順としては、各世代の交叉、選択、突然変異のあとに得られた、その世代での各要素に対応している離散値の値の平均と標準偏差を用いて式(1)

$$N = \exp \left(- (x - \mu)^2 / 2 \sigma^2 \right) \quad (1)$$

によって与えられる分布(正規分布を基調とする)の縦軸を分割することによって実数値を求める。よって、実数値は式(2)により得られる。

$$R(p_i) = \begin{cases} \mu - \sqrt{-2 \sigma^2 \ln \left(LB + \frac{(UB-LB) C(p_i)}{2^{m-1}-1} \right)} & \text{for } C(p_i) < 2^{m-1} \\ \mu + \sqrt{-2 \sigma^2 \ln \left(UB - \frac{(UB-LB) (C(p_i) - 2^{m-1})}{2^{m-1}-1} \right)} & \text{for } C(p_i) \geq 2^{m-1} \quad (m \text{ ビットの場合}) \end{cases} \quad (2)$$

ここで、UB, LB はシステムパラメータの上下限值、 μ は前世代における個体の平均値、 σ はその標準偏差に当たるものである。 $R(p_i)$ は求められる実数値、 $C(p_i)$ は整数値である。式(2)で求めた実数を適宜、適応的に変化させながら、GA の操作を繰り返していく。しかし上述した実数化方法では、探索領域が変化していく過程で、徐々に個体の位置に偏りが見られるようになり、1 世代の GA 操作では偏りを解消することができず、最適値が探索領域の外に出てしまい最適解が得られないというオーバーシュート現象が起こる可能性がある。オーバーシュート現象が断続的に起きた場合、収束性の向上は望めない。この対策としては、1 世代ごとに探索領域を変更するのではなく、偏りを解消できる十分な世代数をおいてから探索領域を変更させることが考えられる。そこで、本研究では各世代で得られた評価値の最高値が、これまでのレコード値よりも大きくなったとき、実数値を計算し探索領域を変更させることにした。これにより、最適値が探索領域の外に出てしまうことを防ぐことが可能となった。

3. 実数型遺伝的アルゴリズムの逆問題への応用

上述した実数型 GA を逆問題へ応用する。これを説明するための例として、1 次元梁の構造同定問題を取りあげる。このとき、構造解析手法として有限要素法を用いる。図-1 のような単純梁において、要素の断面積が損傷や老

実数型遺伝的アルゴリズム, 逆問題, 有限要素法, オーバーシュート

☎ 532-0011 大阪市淀川区西中島 2-12-11 (川久センタービル) TEL 06-307-5462 FAX 06-305-1968

化などで変化した場合に、その要素位置と断面積の2パラメータを同定する。図-1の場合は4要素からなっており、第2要素だけ断面積が異なっていると仮定する。本研究では、求めるべき未知パラメータを仮定して順解析を行い、評価関数が最大になるまで繰り返すことにより逆問題を解くことを考える³⁾。構築したシステムの大まかな流れを以下に示す。

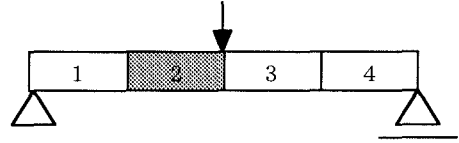


図-1 解析モデル

- (1)初期離散値を設定する。本研究では、各要素につき3ビット割り当て、断面積のばらつき範囲を0から7に分配する。この値が離散値となり、各要素1組用意する。
- (2)同定する梁にある一定の力を加えて変位を求める。通常ならばこの変位は、観測などによりあらかじめ与えられるものである。
- (3)1要素の3ビットずつ割り当て、ランダムに0または1を発生させ生成した遺伝子を任意の数用意する。4要素の場合12ビットの遺伝子となる。この遺伝子配列をもとに梁の断面積を仮定する。
- (4)図-1の梁の変位を(Z)、遺伝子を離散値と対応させ仮定した断面積の梁を有現要素法で解析し得られた変位を(Z_n)とする。この二つの差の逆数を評価関数として式(3)により評価値を求める。

$$S = 1 / \sum_{n=1}^P (Z - Z_n)^2 \quad (3)$$

- (5)評価値のレコード値が更新された場合は、上記した方法で実数値を計算し更新する。

この(1)から(5)までの手順を適応度が大きくなるように、GAを用いて繰り返し最適解を求める。

4. 数値考察例

図-1の梁に実際に数値を与え逆解析を行う。断面積を要素1=100, 要素2=50, 要素3=100, 要素4=100とし、各要素の離散値は下限0, 上限50から始めるものとする。1要素につき3ビット割り当て、母集団は40個体、交叉率は50%, 突然変異率は50%とする。ルーレット選択により個体を選び交叉する。またUB=0.9, LB=0.1とした。各要素ごとに実数値を変化させ、26世代目で一定となった。各要素の解は要素1=104.183, 要素2=49.929, 要素3=98.635, 要素4=103.594となった。

5. あとがき

大規模構造物の広範囲の定量的な欠陥同定を簡便かつ迅速に行える逆解析手法を開発することを目的とし、実数型遺伝的アルゴリズムを逆問題の最適化手法として用いることを試みた。逆解析のシステムを構築し数値計算を行った結果以下の結論を得ることができた。

- (1)実数型GAを用いることにて、設定した問題の状況に応じて実数探索領域を自動的に適応させることが可能になり、設定する実数領域やビット数に関わらず精度のよい解が得られた。
- (2)初期的な探索領域の設定に無関係なのでビット数が少なくてすみ、メモリ要領の軽減が可能になった。
- (3)前述した問題点が解消されパーソナルコンピュータを用いて、広範囲の欠陥を多大な労力や時間を要することなく迅速に同定できることが可能となった。
- (4)実数型GAを用いると最適解が探索領域の外に出てしまうという、いわゆるオーバーシュート現象が生じるが、本研究では探索領域の更新を適応度のレコード値が更新されたときのみ行うことで、オーバーシュートの問題を解決できた。

以上のことから、本研究において構造同定問題の最適化手法に、実数型GAを用いることの有用性が確かめられ、簡便かつ迅速に逆解析を行うことが可能であるシステムを構築することができた。

参考文献

- 1) 久保司郎：逆問題，培風館，1992。
- 2) 荒川雅生・萩原一郎：実数領域適応型（ARRange）遺伝的アルゴリズムの開発，日本機械学会論文集，A，1997。
- 3) 古田均：地盤工学における逆解析 6.新しい逆解析の手法，土と基礎 9月，p.73～p.77，1995。