

実数型免疫アルゴリズムによる トラス構造物の最適化

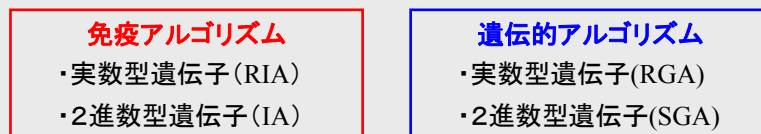
～On the optimization of truss structure by using a real immune algorithms～

鹿児島大学 加治 広之

2003年度九州支部発表会

1. 研究目的

トラス構造物の最適化問題



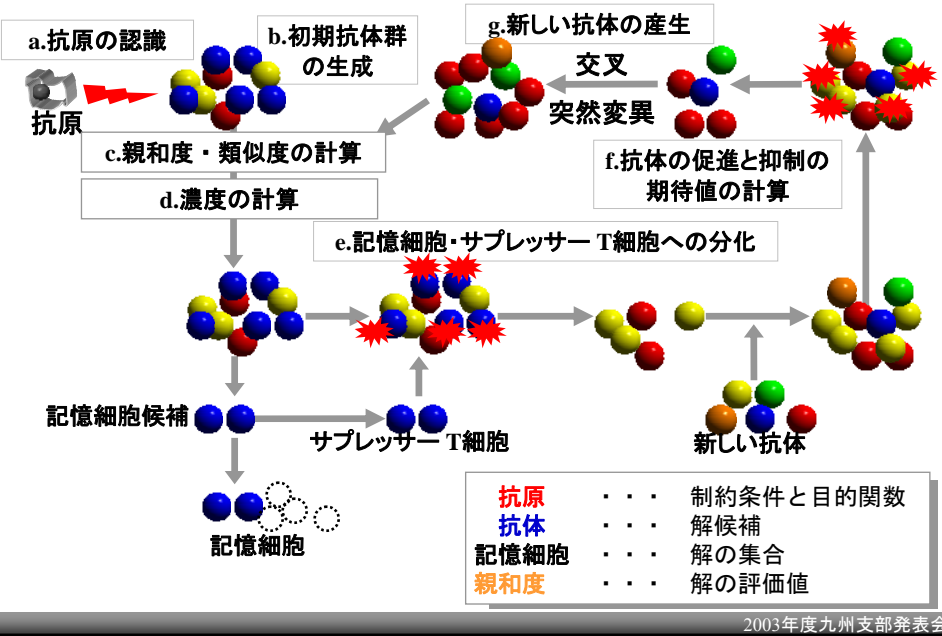
RIAの特性と有効性を示す

実数型遺伝子の特徴

- ・ 遺伝子長が短い
- ・ 遺伝子型と表現型が一致する

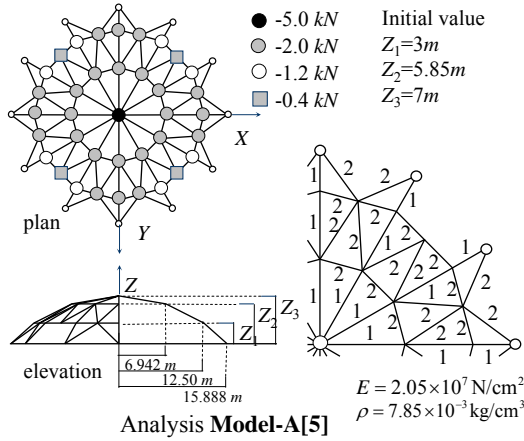
2003年度九州支部発表会

2. 免疫アルゴリズム



3. トラス構造物の最適設計への適用

・解析モデル(Model-A)



制約条件

- 許容応力度
日本建築学会設計式[6]の許容応力度
- 許容変位範囲
 $\delta_{ALL} \leq \pm 2.0 \text{ cm}$ (14)

目的関数

$$f(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = \rho \sum_{\ell=1}^{\ell} A_{\ell} L_{\ell} + p \quad (15)$$

$$\text{minimize} \rightarrow \min f(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \quad (16)$$

A_i : 断面積, ℓ : 部材数, ρ : 重量密度,
 L_i : 部材の長さ, P : ペナルティ

設計変数

- 2種類にグループ化した部材断面積 (1.0-200.0cm²)
- 鉛直座標値 Z_1, Z_2, Z_3 (初期形状から±1.0m)

4. 解析結果 (Model-A)

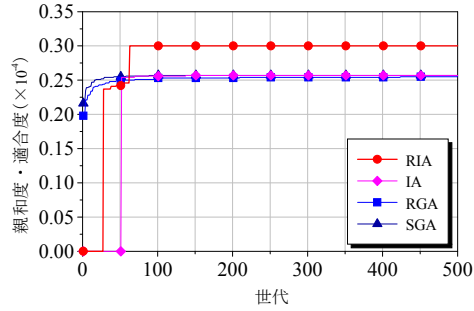


図5 親和度・適合度の世代毎の推移(Model-A)

	RIA	RGA	IA	SGA
Model-A	33,314kg	39,237kg	38,962kg	38,905kg

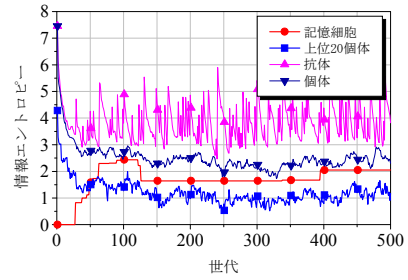


図6 RIA・RGAの情報エントロピーの推移(Model-A)

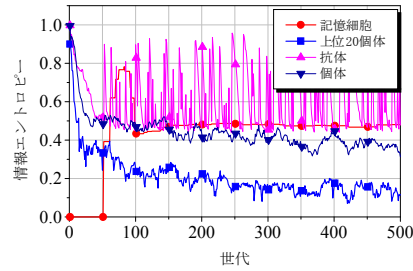
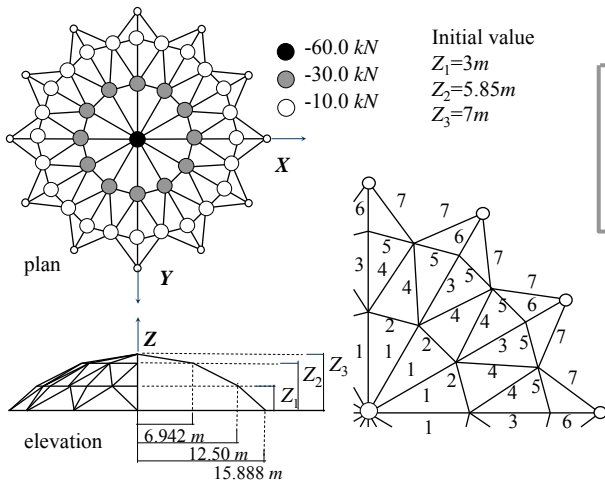


図7 IA・SGAの情報エントロピーの推移(Model-A)

・ 解析モデル(Model-B)



Analysis Model-B[5]

設計変数
 ○7種類にグループ化した
 部材断面積 (1.0-200.0cm²)
 ○鉛直座標値Z₁, Z₂, Z₃
 (初期形状から±1.0m)

$E = 2.05 \times 10^7 \text{ N/cm}^2$
 $\rho = 7.85 \times 10^{-3} \text{ kg/cm}^3$

4. 解析結果 (Model-B)

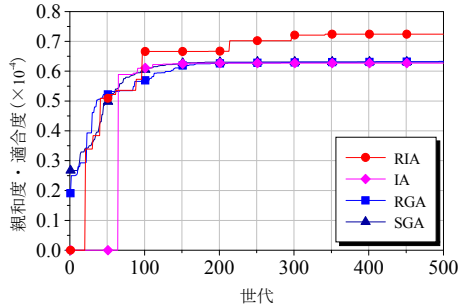


図8 親和度・適合度の世代毎の推移(Model-B)

	RIA	RGA	IA	SGA
Model-B	13,802kg	15,803kg	15,945kg	15,858kg

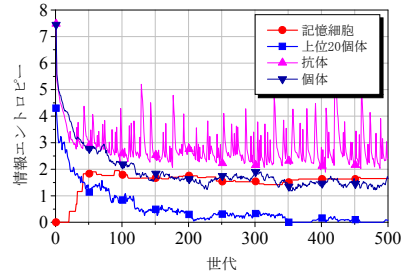


図9 RIA・RGAの情報エントロピーの推移(Model-B)

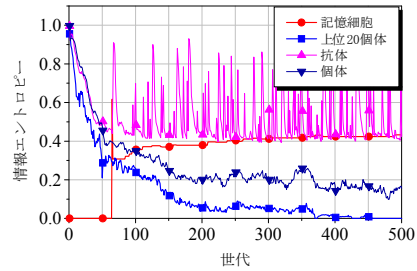
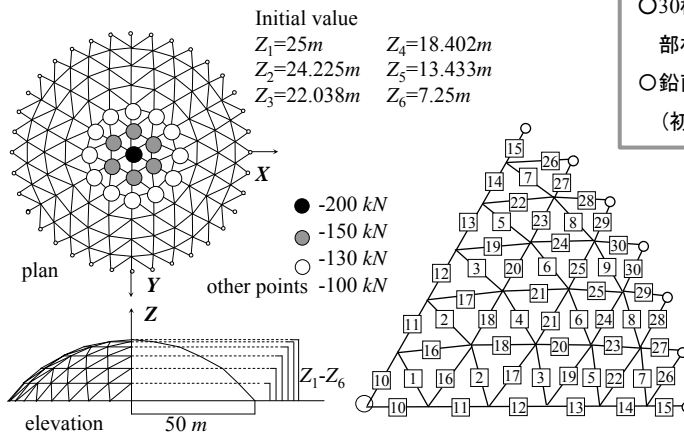


図10 IA・SGAの情報エントロピーの推移(Model-B)

・ 解析モデル(Model-C)



設計変数
 ○30種類にグループ化した
 部材断面積 (10.0-500.0cm²)
 ○鉛直座標値 Z_1-Z_6
 (初期形状から ±1.0m)

$\rho = 7.85 \times 10^{-3} \text{ kg/cm}^3$
 $E = 2.05 \times 10^7 \text{ N/cm}^2$

Analysis Model-C

4. 解析結果 (Model-C)

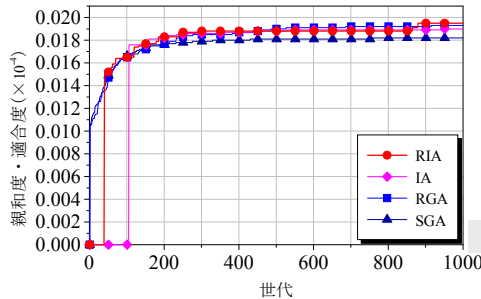


図11 親和度・適合度の世代毎の推移(Model-C)

	RIA	RGA	IA	SGA
Model-C	513,883kg	518,081kg	527,665kg	549,919kg

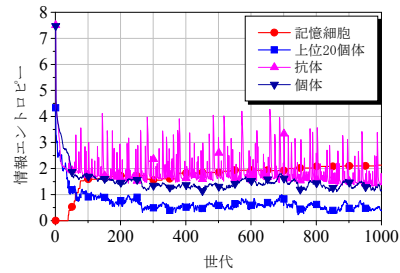


図12 RIA・RGAの情報エントロピーの推移(Model-C)

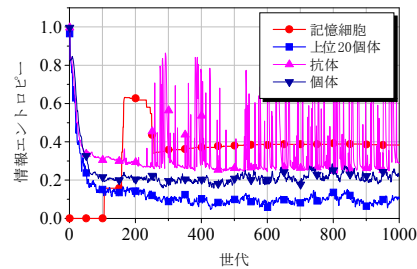


図13 IA・SGAの情報エントロピーの推移(Model-C)

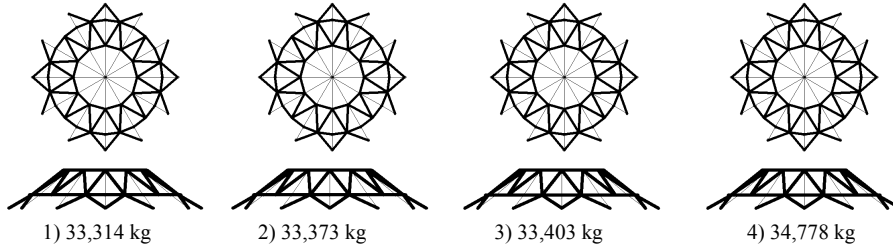
5. まとめ

○ORIAは従来のIAと同様に、多様性を維持した探索が行われ、準最適解においても多様性を維持していることが確認できた。

○ORIAの実数型遺伝子は構造物の形状をそのまま表現しているためIAより直接的に解の多様性に反映できる。

○設計変数が多く遺伝子長が長いモデルにおいても多様性のある解が得られた。

4. 解析結果 (Model-A)

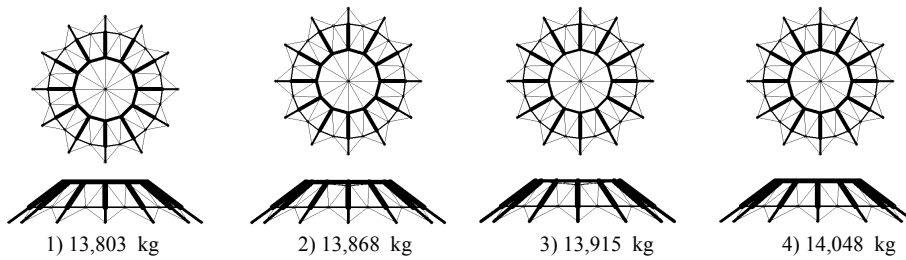


RIAによる準最適解の形状とその重量(Model-A)

各手法により得られた準最適解の重量kg(Model-A)

	RIA	RGA	IA	SGA
1)	33,314	39,237	38,962	38,906
2)	33,373	39,237	38,976	38,906
3)	33,403	40,111	38,984	38,906
4)	34,778	40,856	38,996	38,906

4. 解析結果 (Model-B)

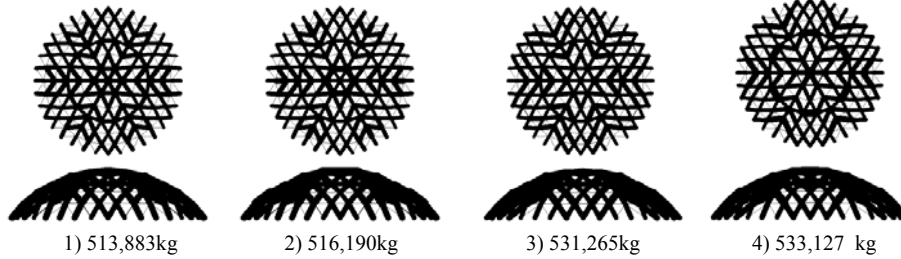


RIAによる準最適解の形状とその重量(Model-B)

各手法により得られた準最適解の重量kg(Model-B)

	RIA	RGA	IA	SGA
1)	13,803	15,804	15,945	15,859
2)	13,868	15,804	15,976	15,859
3)	13,915	15,804	15,993	15,859
4)	14,048	15,804	15,999	15,859

4. 解析結果 (Model-C)



RIAによる準最適解の形状とその重量(Model-C)

各手法により得られた準最適解の重量kg(Model-C)

	RIA	RGA	IA	SGA
1)	513,883	518,082	527,666	549,920
2)	516,190	518,082	534,597	549,920
3)	531,265	518,111	537,697	549,930
4)	533,127	521,455	538,295	550,369

3. 2遺伝子へのコード化と多様性

- 遺伝子へのコード化
- Model-A

設計変数：鉛直座標値 $Y_a=Y_c, Y_b$

実数型 1×2 (設計変数の数) = 2

2進数型 $10(\text{bit}) \times 2$ (設計変数の数) = 20

- Model-B

設計変数：グループ化した部材断面積 (7種類)

鉛直座標 Z_1, Z_2, Z_3 (3種類)

実数型 1×10 (設計変数の数) = 10

2進数型 $10(\text{bit}) \times 10$ (設計変数の数) = 100

- Model-C

設計変数：グループ化した部材断面積 (30種類)

鉛直座標 Z_1-Z_6 (6種類)

実数型 1×36 (設計変数の数) = 36

2進数型 $10(\text{bit}) \times 36$ (設計変数の数) = 360

- 多様性

$$H_j(N) = \sum_{i=1}^S -p_{i,j} \log p_{i,j} \quad (11)$$

$$p_{ij} = \frac{\text{遺伝子座}j\text{に出現した}i\text{番目の記号の総数}}{N} \quad (12)$$

$$H(N) = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M H_j(N) \quad (13)$$

M : 遺伝子座の数

N : 抗体 (固体) 数

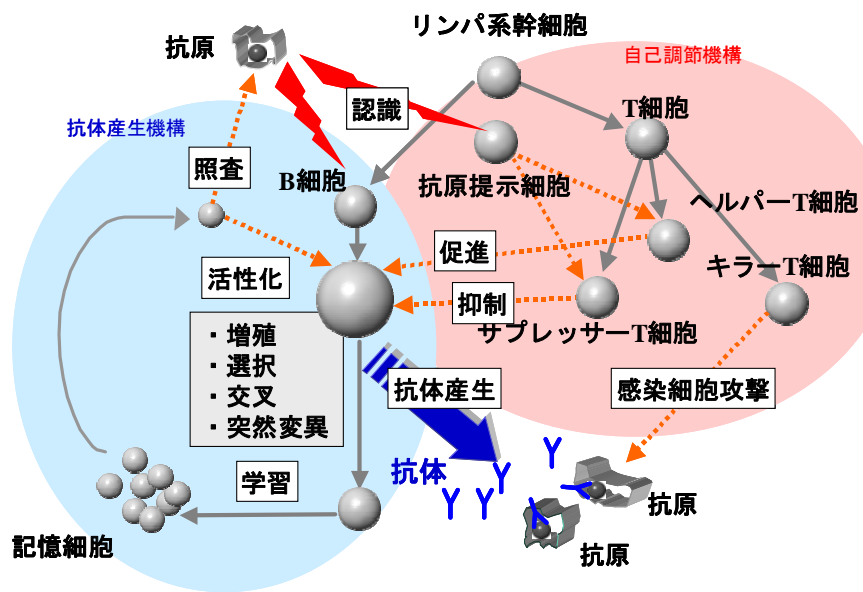
S : 遺伝子のとり得る記号の数

$H_j(N)$: 遺伝子座 j の情報エントロピー

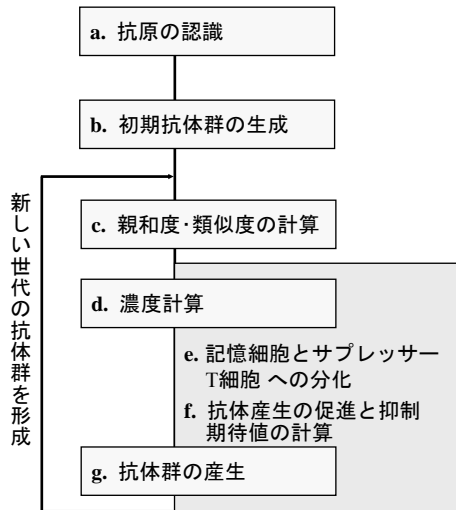
$H(N)$: 抗体 (固体) の平均情報エントロピー

実数型遺伝子

二進数型	0 1 1	1 0 1	0 1 0	1 0 0	1 1 1
実数型	10.2	2.8	3.2	5.2	25.3



2.2 免疫アルゴリズム



a. 抗原の認識

・抗原を入力情報として認識する

抗原 ... 最適化問題の制約条件と目的関数

抗体 ... 最適化問題の解候補

記憶細胞 ... 最適化問題の解の集合

抗原と抗体の親和度 ... 解の評価値

b. 初期抗体群の生成

・乱数を用いて初期抗体(解候補)群を生成する。

c. 親和度・類似度の計算

・抗原と抗体 v の親和度 Φ_v
抗体 v と抗体 w の類似度 Ψ_{vw} を次式よって計算する。

$$\Phi_v = \frac{1}{f(\mathbf{x}, \mathbf{y})} \quad \Psi_{vw} = \frac{1}{1 + H_{vw}} \quad \begin{array}{l} f(\mathbf{x}, \mathbf{y}) : \text{目的関数} \\ H_{vw} : \text{抗体間の距離} \end{array} \quad (1a,b)$$

d. 濃度計算

・各抗体の濃度 Θ_v を計算する

$$\Theta_v = \frac{1}{N} \sum_{w=1}^N \pi_{vw} \quad \pi_{vw} = \begin{cases} 1 & \Psi_{vw} \geq T_{\pi 1} \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2a,b)$$

e. 記憶細胞とサプレッサーT細胞 への分化

- ・ Θ_v が閾値 T_π を超えた抗体 v を記憶細胞候補 v に分化する、記憶細胞 m に記憶する
- ・ 記憶細胞候補 v と同じものをサプレッサー細胞 S とし分化する
- ・ S と抗体との類似度 Ψ_{vs} を計算する
- ・ Ψ_{vs} が閾値 T_s を超えた抗体 v を消滅させる

f. 抗体産生の促進と抑制, 期待値の計算

- ・ 親和度の低いものから $N/2$ 個の抗体を消滅する
- ・ 抗体 v の期待値 E_v を計算する

$$E_v = \frac{\Phi_v \prod_{s=1}^S 1 - \Xi_{vs}}{\Theta_v \sum_{i=1}^N \Phi_v} \quad \Xi_{vs} = \begin{cases} \Psi_{vs} & \Psi_{vs} \geq T_{\pi 2} \\ 0 & otherwise \end{cases} \quad (3a,b)$$

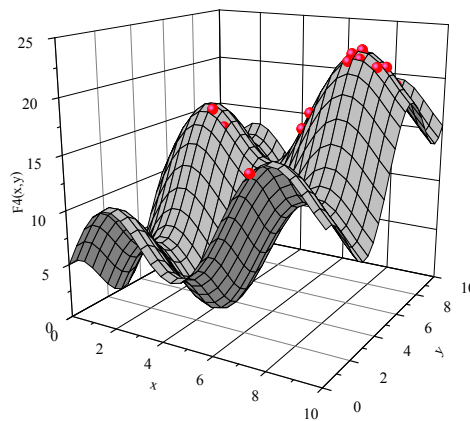
S : サプレッサー T細胞の総数

g. 抗体群の産生

- ・ 予め定めた交叉方法、突然変異方法により抗体を産生する

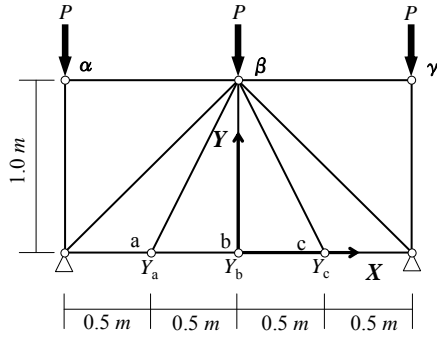
多峰性関数の最大値探索問題

$$F4(x, y) = x + y + 4(\sin x + \cos y) + 1 \quad (0.0 \leq x \leq 10.0) \quad (0.0 \leq y \leq 10.0)$$



3. トラス構造物の最適設計への適用

・ 解析モデル(Model-A)



Analysis Model-A[4]

設計変数

○鉛直座標値 $Y_a=Y_c, Y_b$ (初期形状から±1.0m)

$$E = 2.05 \times 10^7 \text{ N/cm}^2$$

$$P = 9.8 \text{ kN}$$

制約条件

Euler座屈を考慮

目的関数

$$f(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = (v_\alpha - v_\beta)^2 + (v_\alpha - v_\gamma)^2 + 1 \quad (4)$$

$$\text{minimize} \rightarrow \min f(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \quad (5)$$

ただし、制約条件を満たさない場合

$$f(\mathbf{x}, \mathbf{y}) = p \quad (6)$$

$v_\alpha, v_\beta, v_\gamma$: 上弦節点 α, β, γ の鉛直方向変位

P : ペナルティパラメーター

3. 解析結果(Model-A)

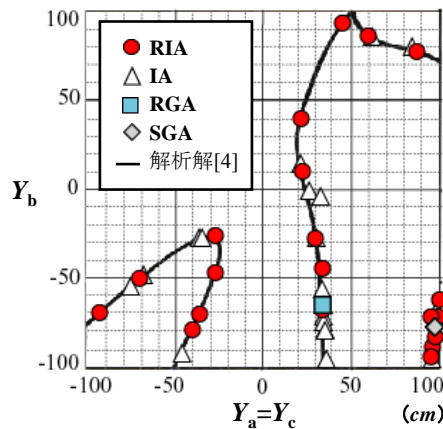


図3 文献[4]との解の比較(Model-A)

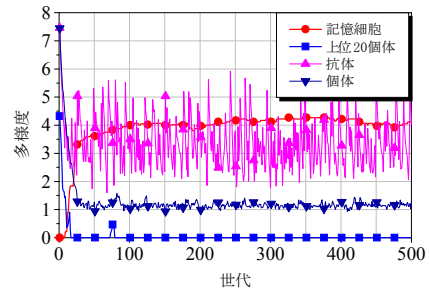


図5 RIA・RGAの多様度の推移(Model-A)

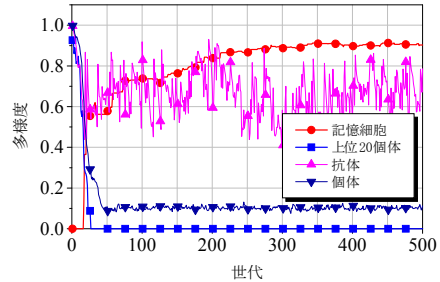


図6 IA・SGAの多様度の推移(Model-A)