研究論文

イントロンを用いた GA による複合材料積層円筒の
積層数と積層構成の最適化轟 章*¹, 笹井 正史*²

(2000 年 4 月 11 日受付)

Optimizations of Stacking Sequence and Number of Plies for
Laminated Cylinders Using GA with Intron GenesAkira TODOROKI*¹ and Masafumi SASAI*²

(Received April 11, 2000)

For the method to optimize stacking sequences and number of plies of composites, the present paper proposes a new intron method. The intron method is developed from the recessive gene like repair method that is employed for implements of stacking-sequence constraints without causing decrease of the design reliability of GA. The intron method is attempted for the optimizations of laminated cylinders to maximize the buckling load and to minimize the number of plies. As a result, the intron method successfully obtained the real optimal stacking sequences and the number of plies without decrease of design reliabilities.

1. 緒 言

複合材料積層構造の最適化は複合材料設計の重要な問題である。積層構成の最適化に関しては積層パラメータを用いて繊維配向角を連続変数として関式的に $\pm\theta$ の積層構成の最適化を行う最適化が Miki¹⁾, Fukunaga²⁾らによって行われている。しかし、実機の積層構成は製造上の問題と実験データ不足から 0° , $\pm 45^\circ$, 90° の限定された繊維配向角の組み合わせとなる場合があり、この場合、積層構成最適化問題は組み合わせ最適化問題となる。薄は面内強度の組み合わせ最適化問題に対してランキン法を適用している³⁾。組み合わせ最適化問題には遺伝的アルゴリズム (GA) が適しており、近年 GA を用いた最適化が実施されている⁴⁻¹⁴⁾。積層構成の最適化には剛性カップリングや巨大マトリックス割れを防ぐために組み合わせ拘束条件が導入される。例えば、 $\pm\theta$ のアングルプライは引張-せん断カップリングを避けた

め、正負の層数バランスが必要であり、また 4 層を超える同一層の積層は巨大マトリックス割れをもたらす危険性があるために禁止されるべきである。GA にこれらの組み合わせ拘束条件を導入することは簡単ではなく、ペナルティ法では GA の正答率が著しく低下し得ることが示されており、劣性遺伝子を用いた遺伝子補修法の有効性が既に著者らの前報で示されている^{14,15)}。

劣性遺伝子の補修法では、固定された積層数での積層構成最適化を想定している。しかし、一般に複合材料積層構造物の航空宇宙機器への適用を考える場合、設計要求を満足する設計の中で軽量かつ力学的特性に優れた積層構成の設計が重要であり、許容限度内での積層数最小化設計を考慮する必要がある。例えば、座屈応力最大化の問題を考える場合、構造物の座屈応力および重量はその積層数の増加に伴い増加するが、その中で設計座屈応力を満足する最小積層数およびその積層数における最適積層構成を求めることが必要であり、積層数と積層構成を同時に最適化するアルゴリズムが必要となる。

積層数最適化と積層構成最適化を同時に実施するアルゴリズムとして、Haftka らは既にエンプティ-遺伝子法を提案している⁸⁾。この手法は空状態を表す遺伝子としてエンプティ-遺伝子を染色体と積層構成の対応関係に導入している。この手法を用いることにより、積層数

*¹ 東京工業大学工学部 (152-8552 東京都目黒区大岡山 2-12-1)

Faculty of Engineering, Tokyo Institute of Technology, 2-12-1, O-okayama, Meguro-ku, Tokyo 152-8552, Japan

*² 東京工業大学大学院

最適化と積層構成最適化を同時に実施することが可能であるが、積層構成に関する拘束条件の導入に関しては、考慮されていない。また、実際のコーディングには常にエンベティー遺伝子を外側に移動して染色体中の遺伝子を並べ替える必要があり、ソフトウェアコーディングが複雑になる。

そこで本研究では、劣性遺伝子的補修法にごくわずかな修正を施すだけでコーディング可能な新しいイントロン遺伝子を導入することで、積層構成に関する拘束条件を導入し、さらに積層数最適化と積層構成最適化を同時に行うアルゴリズムを開発した。

遺伝子とは、遺伝情報をなう構造単位であり、一般に高分子のDNAにより構成される。遺伝子内部には翻訳されないDNA領域が存在し、この領域をイントロンと呼ぶ。本研究では、このイントロンを劣性遺伝子法の拡張と位置づけ、GAにおける染色体と積層構成の対応関係に導入する。劣性遺伝子的補修法では遺伝子を3進数で表現したが、この手法では遺伝子を4進数で表現することでイントロンを遺伝子と繊維配向角の対応関係に導入できるため、プログラムコーディングが非常に簡便である。このイントロン法を用いた積層数と積層構成の最適化を複合材料円筒を例題として適用し、その有効性を検証した。

2. 最適化問題

本研究では、解析精度を検証可能であり、さらに面外と面内の剛性に関連する問題として、複合材料積層円筒殻の座屈を想定した。設計制約を考慮して設計要求荷重を満足する最軽量積層数であって、しかも座屈破壊に対する強度最大化の積層構成最適設計を例題として取り扱い、劣性遺伝子的補修法を拡張したイントロン法による拘束条件導入と積層数最適化法の有効性を検討する。本研究で解析対象とした円筒殻をFig. 1に示す。

Fig. 1に示す積層円筒において、軸方向 x 、円周方向 ϕ 、半径方向 z とし、半径 R 、殻長 L 、板厚 t であるとする。積層を構成する各プライの層厚はすべて h で等しいとし、円筒殻は両端単純支持とする。解析においては $L=3.0[\text{m}]$ 、 $R=1.0[\text{m}]$ 、 $h=0.125[\text{mm}]$ とし、使用した材料定数(T300/epoxy)は、 $E_x=133.44[\text{GPa}]$ 、 $E_y=8.78[\text{GPa}]$ 、 $E_z=3.254[\text{GPa}]$ 、 $\nu_x=0.26$ である。

両端単純支持条件の直交異方性プライCFRP円筒殻の座屈が生ずる軸圧縮応力 $\bar{N}_x/t$ は、Tasiの基礎式¹⁶⁾より上記のコンプライアンスマトリクス、 $[a]$ 、 $[b]$ 、 $[d]$ の各成分を用いた以下の式で与えられる。

Fig. 1 Configuration of laminated composite cylinder.

1) 軸対称座屈 $m=1, n=0$ の場合

$$\left(\frac{\bar{N}_x}{t_s}\right)_s = \frac{2}{Rt} \sqrt{\frac{d_{11}}{a_{22}}} \left(\sqrt{1 + \frac{b_{12}^2}{a_{22}d_{11}}} + \frac{b_{12}}{\sqrt{a_{22}d_{11}}} \right) \quad (1)$$

2) 非軸対称座屈の場合 $n \neq 0$ の場合

$$\left(\frac{\bar{N}_x}{t}\right)_u = \frac{1}{Rt} \sqrt{\frac{d_{22}}{a_{11}}} \left(\Phi_1 + \frac{(\Phi_2 + \sqrt{\Phi_1\Phi_2 + \Phi_3^2})^2}{\Phi_2} \right) / \sqrt{\Phi_1 + \Phi_2 + \Phi_3^2} \quad (2)$$

ここで、

$$\begin{aligned} \Phi_1 &= \frac{a_{11}d_{11}}{a_{22}d_{22}} \mu^4 + 2 \frac{d_{12} + 2d_{66}}{\sqrt{d_{11}d_{22}}} \sqrt{\frac{a_{11}d_{11}}{a_{22}d_{22}}} \mu^2 + 1 \\ \Phi_3 &= \frac{b_{12}}{a_{22}} \sqrt{\frac{a_{11}}{d_{22}}} \mu^4 + 2 \frac{\{0.5(b_{11} + b_{22}) - b_{66}\}}{\sqrt{a_{22}d_{22}}} \mu^2 + \frac{b_{21}}{\sqrt{a_{11}d_{22}}} \\ \mu^2 &= \frac{\lambda^2}{n^2} \sqrt{\frac{a_{22}}{a_{11}}}, \quad \lambda = \frac{m\pi R}{L} \end{aligned}$$

ただし、 a_{ij} 、 b_{ij} 、 d_{ij} は複合材料弾性マトリクスのコンプライアンスマトリクスの各成分¹⁷⁾、 m は座屈モードの軸方向半波数、 n は周方向波数である。

座屈応力としては、軸対称座屈の値と非軸対称座屈の値を比較し、両者のうち低い値を示す方を限界座屈応力として採用した。非軸対称座屈の場合の座屈解析では、 m, n を1~20の範囲で変化させ、最小値探索を実施した。探索した最小値が $m=1, n=20$ の時には $m=0$ として解析した値と比較し、小さい方の値を座屈応力として採用した。これは座屈波数の探索時間の削減のために本研究の寸法の円筒で多数解析した結果の簡易解であり、一般性は無い。なお、本研究では $0^\circ, \pm 45^\circ, 90^\circ$ から成る対称積層円筒殻を解析対象としているが、Tasiの式は各層が直交異方性であることが必要であり、本研究では設計信頼性向上の確認のために近似的に用いている。

Fig. 2 Process of genetic algorithm.

3. GA のインプリメントとイントロン法

遺伝的アルゴリズム (GA) は進化論に基づく生物の進化過程を模擬したアルゴリズムである。GA は生物が進化の過程で環境変化に適応した優秀な個体だけが子孫を残し、環境により良く適応するという適者生存のプロセスを計算機上で模擬することで最適化を実施する。ある世代に属する個体の集団の中から、環境に適応した優秀な個体が高い確率で次の世代へ子孫を残すように選択され、残りの個体は淘汰される。選択された適応度の高い個体をもとに、遺伝情報の交叉、突然変異を経て、次世代の個体が生成される。

GA で組み合わせ最適化問題を解くには、設計変数を染色体の遺伝子に暗号化し、染色体の集合である個体を組み合わせ最適化問題の解に対応させる。GA ではこの個体の集団に対し、適応度の評価、選択、交叉、突然変異の操作を行うことで、最適化を実施する (Fig. 2 参照)。

本研究では、積層板を構成する繊維の配向角として、設計に必要な利用可能データの制限とハンドレイアップ成形の制限から 0° 、 45° 、 -45° 、 90° だけを用いる。従来はこれを 3 進数で表現し、0 が 0° 層、2 が 90° 層、1 は外側から解読する解読時の奇数番目が 45° 層、偶数番目が -45° 層としていた。また、積層構成に関する拘束条件として以下の 3 つを劣性遺伝子法によって導入する。

(1) 45° 層と -45° 層の数が一致する (45° 層バランスルール)。

(2) 隣接層の配向角差を 45° 以内に抑える (配向角差ルール)。

(3) 同一繊維配向角層が 5 層以上連続しない (4 層ルール)。

劣性遺伝子法の概略を次に示す。詳細は参考文献 13) ~15) を参照されたい。

本研究では解析対象を 0° 、 $\pm 45^\circ$ 、 90° から成る対称積層円筒殻としているため、積層数 N の半分である $N/2$ 個の遺伝子を有する染色体を考える。遺伝子の値はイントロン導入で 4 進数であるが、ここでは従来の劣性遺伝子法を解説するため、0, 1, 2 から成る 3 進数とする。解説は、積層板曲げ剛性に影響の大きい外側から順に解説する。このように外側から解説することで、曲げ剛性に影響の大きい遺伝子列は可能な限りそのまま積層構成に解説され、内側で調節を自動的に実施することになる。

染色体の解説において遺伝子と積層構成の基本対応として、遺伝子 0 を 0° 層、遺伝子 1 を $\pm 45^\circ$ 層、遺伝子 2 を 90° 層と解説する。遺伝子 1 の解説においては外側から奇数番目の遺伝子 1 を 45° 層、偶数番目の遺伝子 1 を -45° 層と解説する。

また染色体の解説は 2 段階に分け、第 1 段階で拘束条件 (1) (2) を、第 2 段階で拘束条件 (3) を導入する。

第 1 段階では、染色体の外側に位置する遺伝子から基本対応通りに解説し、順次拘束条件 (1) (2) をチェックする。拘束条件を満足している場合には次の遺伝子の解説を行い、拘束条件に違反している場合には遺伝子の読み替えを行う。

遺伝子の読み替えは、遺伝子 0 の場合にはまず $\pm 45^\circ$ 層と読み替える。この際積層構成の外側から交互に 45° 層、 -45° 層が存在するように 45° 層または -45° 層に読み替える。読み替えを行った結果に対し拘束条件 (1) (2) をチェックし、拘束条件を満足する場合には 45° 層または -45° 層に解説し、拘束条件に違反する場合にはさらに 90° 層と読み替え、拘束条件 (1) (2) を再度チェックする。 $\pm 45^\circ$ 層、 90° 層のいずれに読み替えても拘束条件 (1) (2) に違反する場合には基本対応通り 0° 層と解説する。同様に遺伝子 1 は 90° 、 0° の順に、遺伝子 2 は 0° 、 $\pm 45^\circ$ の順に読み替える。どの繊維配向角層に読み替えても拘束条件 (1) (2) に違反する場合には基本対応通りに解説し、違反する拘束条件の数に応じてペナルティを与える。この操作を染色体中の遺伝子すべてに対し行うことで、ほとんどの染色体が拘束条件 (1) (2) を満足する積層構成に解説され、解説結果が拘束条件に違反する積層構成の場合には、ペナルティに

Fig. 3 Example of decoding by repair system.

よって淘汰されることとなる。例として染色体 {01122220} が解読される過程を Fig. 3 に示す。

本研究では、積層数も最適化するため、イントロンを導入する。生物における遺伝子とは、遺伝情報をにう構造単位であり、一般に高分子の DNA により構成される。実際の遺伝子内部には翻訳されない DNA 領域が存在し、この領域をイントロンと呼ぶ。

本研究では、このイントロンを劣性遺伝子法による拘束条件導入の拡張と位置づけ、GA における染色体と積層構成の対応関係に導入する。著者らの前報では、遺伝子を 3 進数で表し、それぞれの値を各繊維配向角に対応させていたが、この対応関係においてイントロン i を導入する。つまり、染色体中の遺伝子を 0, 1, 2, i の 4 進数で表し、遺伝情報を有する遺伝子数 (0, 1, 2 の総数) を用いて積層数を表し、遺伝情報を有する各遺伝子の値 (0, 1, 2) の順列によって積層構成を表す (Fig. 4 参照)。0, 1, 2 の解釈は劣性遺伝子法と全く同じであり、単に 4 が翻訳されない (遺伝情報を有しない) イントロン遺伝子となる。この手法により、一定の長さを有する染色体によって、積層数の異なる積層構成を表すことが

Fig. 5 Decoding process using intron genes.

可能となる。劣性遺伝子の補修法では遺伝子を 3 進数で表現したが、この手法では遺伝子を 4 進数で表現することだけでイントロンを遺伝子と繊維配向角の対応関係に導入できるため、拘束条件の導入と同じコーディングアルゴリズムで処理可能であり、ソフトウェアコーディングが非常に簡便であるという特徴を有する。ソフトウェアコーディングでの変更は単に、遺伝子を表す基数を 4 に変更して、整数 3 ($=i$: イントロン) に対応するデコード用の部分プログラム (何もしないという作業) を追加するだけである。

さらに本研究では、イントロンを劣性遺伝子の拡張と位置づけているため、遺伝子に対する操作を施さず保存する。このように遺伝子に対する直接操作を排除することで、GA による最適化を GA パラメータだけで制御することが可能となる。

ここで、イントロン法による染色体の解読例を Fig. 5 に示す。図のように、イントロン法は遺伝子の直接操作を排除し、染色体の解読時に遺伝子の読み替えを行うことで、積層数の異なる積層構成の表現と拘束条件の導入を行う。そのため、劣性遺伝子の補修法を一部変更するだけで、積層構成に関する拘束条件を導入し、さらに積層数最適化と積層構成最適化を同時に実施することが可能なアルゴリズムである。

この最適化問題において、積層円筒殻の座屈応力最大化を目的とするため、GA における各個体の適応度評価を行う目的関数は、各個体の座屈応力とすることが望ましい。しかし、式 (1), (2) で与えられる座屈応力は直交異方性体を仮定した場合のものであるため、解の直交

Fig. 4 Transfer of genetic information using introns.

Table 1 GA parameters.

Pzrameters	Values
Population size	10
Generation upper limit	500
Probability of crossover (P_c)	0.8
Probability of mutation (P_m)	0.8
Number of mutated genes (per one chromosome)	2

異方性近似の適切性を異方性パラメータにより評価する¹⁸⁾。異方性パラメータ γ , δ の値が 0.2 よりも小さい場合には、直交異方性近似可能である。

$$\gamma = \frac{D_{11}^*}{(D_{11}^{*3} D_{22}^*)^{1/4}}, \quad \delta = \frac{D_{26}^*}{(D_{11}^* D_{22}^{*3})^{1/4}} \quad (3)$$

そこで最適化問題に対し、次のように目的関数 f を定義した。ここで、最大の f 値を有する個体（積層数と積層構成）を GA で求めることになる。

$$f = \left\{ p \left(16 - \frac{n}{2} \right) + q \frac{\min(\bar{N}_x/t)}{\sigma_d} \right\} \times 10 / (1 + \gamma + \delta) \quad (4)$$

$$\text{i) } \frac{\min(\bar{N}_x/t)}{\sigma_d} < 1 \text{ のとき } (p, q) = (0, 1) \quad (5)$$

$$\text{ii) } 1 \leq \frac{\min(\bar{N}_x/t)}{\sigma_d} < 2 \text{ のとき } (p, q) = (1, 1) \quad (6)$$

$$\text{iii) } \frac{\min(\bar{N}_x/t)}{\sigma_d} \geq 2 \text{ のとき } (p, q) = (1, 0) \quad (7)$$

ここで σ_d はこの応力で座屈しないことが要求されている与えられた設計応力である。式 (4) 右辺第 1 項は積層数を最小化するための項であり、第 2 項は座屈応力を最大化するための項であり、各積層構成の座屈応力と設計応力の比に応じて p , q の値を変化させることで、2 つの最適化の重みを変化させている。例えば、設計応力 σ_d に比較して座屈応力が小さいとき（過小積層数の場合）、積層数の項を除去し（式 (5) の場合）、逆に、設計応力 σ_d に比較して座屈応力が 2 倍以上大きいとき（過大積層数の場合）、積層数の最適化が優先されるために座屈応力の項を除去する。 $n/2$ は積層数の半分を表し、 α , β は $\gamma \geq 0.2$, $\delta \geq 0.2$ の場合に $\alpha = \gamma$, $\beta = \delta$ の値を取るペナルティーである。

GA による最適化において、本研究で用いた各パラメータを Table 1 に示す。ここで、本研究では突然変異確率を各染色体に対し 0.8 とし、染色体中で突然変異を起こす遺伝子数を 2 に固定している。

4. 計算結果と考察

積層数 n が 8 から 32 までの偶数である対称積層 CFRP 円筒殻を解析の対象とする。そこで、16 遺伝子を有する染色体を積層構成に対応させる。つまり 16 遺伝子からなる染色体では 32 層以下の積層円筒が表現される。イントロン法が有効であることを確認することを目的として、積層数を 8 から 32 までのそれぞれの数にまず固定し、従来の劣性遺伝子を用いた方法で、各積層数での最大座屈荷重を与える積層構成を GA で求めた。結果を Table 2 に示す。表中には最大座屈荷重も示してある。

次に、与えられた設計応力（この応力で座屈しないことが要求される応力）として 50, 75, 100 [MPa] の 3 通りについて、イントロン法を用いた GA により積層構成最適化と積層数最適化を実施した。得られた結果を Table 3 に示す。

Table 3 より得られた最適積層構成は設計応力および積層構成に関する拘束条件 (1) (2) (3) を満足していることがわかる。また、Table 2 と Table 3 の結果を比較すると、Table 3 において設計応力として 50, 75, 100 [MPa] を与えた場合の結果と Table 2 における積層数が 16, 22, 28 の結果が一致していることがわかる。これは、イントロンを用いた GA により得られた最適積層構成と各積層数における最適積層構成が一致していることを示している。また、座屈荷重の要求条件も満足している。これよりイントロンを用いた GA により積層構成最適化と積層数最適化が有効に実施されていることがわかる。

GA は確率論的探索手法であり、アルゴリズムの優劣は統計的に比較されなければならない。イントロン法は 3 進数から 4 進数を用いるように変更されており、このために解空間全体が拡大されている。そのため、GA の設計信頼性が低下している可能性がある。そこで、正解と同一積層数の場合の劣性遺伝子の補修法の設計信頼性とイントロン法を用いた場合の設計信頼性を比較した結果を Table 4 に示す。設計信頼性 R は以下の式を用いて計算した。

$$R(\%) = \frac{N_o}{N_r} \times 100 \quad (8)$$

ここで、 N_r は GA の乱数の初期値を変化して繰り返し計算した計算回数であり、 N_o は最適積層構成が得られた回数である。式 (8) において、GA の計算回数は積層数が 8~20 の場合が 100 回であり、積層数が 22~

Table 2 Optimal stacking sequence of each number of plies.

Number of plies	Buckling stress [MPa]	Stacking sequence	Buckling mode
8	23.20	[0/45/90/-45]s	(1,∞)
10	33.25	[90/45/0/-45/90]s [0/45/90/-45/90]s	(7,5) (13,20)
12	38.53	[0/45/90/-45/0/0]s [90/45/0/-45/90/90]s	(17,20) (15,14)
14	49.28	[90/45/0/-45/-45/90/45]s [0/45/90/-45/-45/0/45]s	(1,0) (1,∞)
16	58.52	[90/45/0/-45/0/45/90/-45]s [0/45/90/-45/90/45/0/-45]s	(5,3) (11,20)
18	67.11	[45/0/-45/90/45/90/-45/0/0]s [45/90/-45/0/45/0/-45/90/90]s	(1,0) (1,∞)
20	72.66	[45/0/-45/90/45/90/90/-45/0/0]s [45/90/-45/0/45/0/0/-45/90/90]s	(19,20) (19,20)
22	80.23	[0/45/90/-45/0/45/90/-45/-45/0/45]s [90/45/0/-45/90/45/0/-45/-45/90/45]s	(1,∞) (1,0)
24	91.10	[45/0/-45/90/90/45/0/-45/90/45/0/-45]s [45/90/-45/0/0/45/90/-45/0/45/90/-45]s	(1,∞) (1,0)
26	98.34	[45/0/-45/90/45/90/-45/90/45/90/-45/0/0]s [45/90/-45/0/45/0/-45/0/45/0/-45/90/90]s	(20,19) (13,15)
28	103.50	[45/0/-45/90/45/90/-45/0/45/90/90/-45/0/0]s [45/90/-45/0/45/0/-45/90/45/0/0/-45/90/90]s	(20,19) (7,8)
30	112.93	[0/45/90/-45/0/45/90/-45/90/45/0/-45/-45/0/45]s [90/45/0/-45/90/45/0/-45/0/45/90/-45/-45/90/45]s	(1,0) (1,∞)
32	121.72	[45/90/-45/0/0/45/90/-45/0/45/90/-45/90/45/0/-45]s [45/0/-45/90/90/45/0/-45/90/45/0/-45/0/45/90/-45]s	(14,19) (16,13)

Table 3 Optimal stacking sequences of cylinders using intron.

Design stress	Optimal stacking sequences	Buckling stress	Buckling mode
50 [MPa]	[90/45/0/-45/0/45/90/-45]s [0/45/90/-45/90/45/0/-45]s	58.52 [MPa]	(5,3) (11,20)
75 [MPa]	[0/45/90/-45/0/45/90/-45/-45/0/45]s [90/45/0/-45/90/45/0/-45/-45/90/45]s	80.23 [MPa]	(1,∞) (1,0)
100 [MPa]	[45/0/-45/90/45/90/-45/0/45/90/90/-45/0/0]s [45/90/-45/0/45/0/-45/90/45/0/0/-45/90/90]s	103.50 [MPa]	(20,19) (7,8)

32 の場合が 500 回である。Table 4 において、イントロン法は積層数を固定しないで最適化が開始されるため、表中には得られた最適解の積層数とその際の設計応力を用いて示した。例えば設計応力 50 MPa の最適化においては、GA の集団中には 8 遺伝子（非イントロン遺伝子）の染色体以外の染色体（イントロン数の異なる染色体）が存在するが、最適解は 16 層（8 遺伝子）に相当

することを意味している。

Table 4 から明らかなように、イントロン法は設計信頼性の低下はほとんど認められない。このことから、イントロン法は積層数と積層構成を同時に最適化する手法として非常に有効であることが明らかになった。

Table 4 Reliability of the intron method.

Number of plies	Reliability of recessive gene like repair (%)	Reliability of intron method (%)
8	100	—
10	100	—
12	100	—
14	100	—
16	100	100[50 MPa]
18	100	—
20	100	—
22	83.8	89.8[75 MPa]
24	36	—
26	98.8	—
28	85.6	74.6[100 MPa]
30	10.2	—
32	37.2	—

5. 結 言

複合材料積層構造の積層数と積層構成を同時に最適化する方法として、GA の積層構成拘束条件導入手法である劣性遺伝子法を拡張したイントロン法を提案し、その有効性を複合材料積層円筒の積層構成と積層数同時最適化の問題を例題として確認した。その結果、イントロン法は劣性遺伝子法から簡単に拡張可能であり、ソフトウェアインプリメントが簡単であるだけでなく、積層構成を固定した劣性遺伝子法とほぼ同等の設計信頼性を有する手法であることが明らかになった。

参 考 文 献

- 1) M. Miki : ASTM STP, 864 (1985), p. 387.
- 2) H. Fukunaga & H. Sekine : *AIAA J.*, **30** (1992), 2791-2793.
- 3) 薄 一平 : 機論 A, **55**, 516 (1989), 1892-1899.
- 4) R. Le Riche & R.T. Haftka : *AIAA J.*, **31** (1993), 951-956.
- 5) 轟 章, 渡辺 究, 小林英男 : 機論 A, **60** (1994), 1266-1271.
- 6) 福永久雄, 関根英樹 : 日本航空宇宙学会誌, **42** (1994), 371-380.
- 7) K. Yamazaki : AIAA-96-1539-CP (1996), p. 1882.
- 8) P.N. Harrison, R. Le Riche & R.T. Haftka : AIAA-95-1163-CP (1995), p. 58.
- 9) 座古 勝, 高野直樹, 辻上哲也, 竹田憲生 : 材料, **45**, 12 (1996), 1316-1321.
- 10) S.N. Grangadharan & Y. Fiocca : AIAA-97-1236 (1996).
- 11) 青木義男, 福嶋裕輔, 邊 吾一 : 機論 A, **63** (1997), 1028-1035.
- 12) 太田佳樹, 成田吉弘, 引地 圭 : 第 7 回設計工学・システム部門講演会講演論文集 (1997), p. 234.
- 13) 轟 章, R.T. Haftka : 機論 A, **64**, 621 (1998), 1138-1145.
- 14) 轟 章, R.T. Haftka : 機論 A, **64**, 618 (1998), 514-521.
- 15) 轟 章, 笹井正史 : 機論 A, **65**, 631 (1999), 614-620.
- 16) J. Tasi : *AIAA J.*, **4**, 6 (1966), 1058-1062.
- 17) 三木光範, 福田武人, 元木信弥, 北條正樹 : 機械システム入門シリーズ 8 複合材料, 共立出版, 東京 (1997).
- 18) M.P. Nemeth : *AIAA J.*, **24**, 11 (1986), 1831-1835.