303 遺伝的アルゴリズムを用いたケーブルネットアンテナの欠陥同定

Identification of Cable Net Antenna Damage Using Genetic Algorithm

○ 馬淵 崇(近畿大院)、正 山本 和夫(近畿大)、

山根 一広(近畿大院)、山田 哲之(近畿大院)、

Takashi MABUCHI, Kazuo YAMAMOTO, Kazuhiro YAMANE, Noriyuki YAMADA

Kinki University, 930 Uchita-cho, Naga-gun, Wakayama

Key word: Cable Net Antenna, Large Space Structure, Inverse Problem, Genetic Algorithm

1. 緒言

遺伝的アルゴリズム (GA) は、近年従来の最適化手法に変わり解析手法として様々な分野で応用されている。本論では、ケーブルネットアンテナの欠陥同定に対して応用を試みた。感度解析、ニューラルネットワークなどといった手法では困難な複数欠陥の同定に対しての有用性を検討する。

2. 解析モデルおよびケーブルの形状方程式

本論で用いるケーブルモデルを Fig.1 に示す。モデルの左右および下端が完全拘束され、すべてのケーブルが完全に結合されていれば上辺のノードは所定の鏡面（通常は放物面）を形成する。いずれかのケーブルが欠落していれば上辺のノードは所定の鏡面とは異なる形状を形成する。その形状から欠落ケーブルの位置を推定する。

このケーブル系の全弾性歪エネルギー式は

$$U = \sum_{j=1}^{nc} \frac{E_j A_j}{2l_j} \left\{ \sqrt{(x_1^j - x_2^j)^2 + (y_1^j - y_2^j)^2} - l_j \right\}^2 \quad (1)$$

ケーブル形状を記述する変数式は

$$\{q_k\} = \{x_1, y_1, \dots, x_m, y_m\}^T \quad (2)$$

左右および下辺の拘束条件は

$$h_t = h_t(q_k) = 0 \quad (t = 1, \dots, R) \quad (3)$$

(3) を持つ (1) の停留原理から形状を支配する釣り

$$\text{合い式は } \frac{\partial U}{\partial q_k} + \lambda_t \frac{\partial h_t}{\partial q_k} = f_k \quad (4)$$

ただし、 (x_1^j, y_1^j) : ノード J1 の座標、

(x_2^j, y_2^j) : ノード J2 の座標、 nc : ケーブル本数、

E_j, A_j, l_j : ケーブル J のヤング率、断面積、自然長、

f_k : ケーブルに作用する外力

Fig.1 ケーブルモデルのコンフィギュレーション

3. GA によるアルゴリズム

鏡面誤差はケーブルの剛性により横方向ケーブルよりも縦方向ケーブルに大きく影響されることから、本論では Y 軸方向ケーブルのみを欠陥同定の対象とする。鏡面の形状は次の誤差関数で評価する。

$$E = \sum_{i=1}^{np} \{y_i - \delta_i\}^2 \quad (5)$$

ここで、 δ_i はケーブルが切断している場合の上辺のノードの Y 座標、 np はその数である。

GA によるアルゴリズムの概略を示す。

- ① 推定対象ケーブルを設定し、同数の遺伝子座を持つ複数の遺伝子をランダムに生成する。(バイナリ表示、1: 欠落、0: 欠落なし)
- ② (5) 式の E を用いて $1/(1+E)$ を適応度としその順に並べ替えを行う。
- ③ 適応度の高い遺伝子に対して交叉 (1 点、2 点) および突然変異の遺伝子オペレーションをそれぞれ任意回数、任意箇所にランダムに発生させる。
- ④ オペレーションごとに生成されたと同数の遺伝子を適応度の低い順に削除し、生成された遺伝子に置き換える。

5. 数値計算例

ここでは、ケーブル 1 本に欠落がある場合と、2 本ある場合を考える。

1) 1 本欠落

Fig.2 一本欠落のコンフィギュレーション

この 1 本欠落の場合、遺伝子座数 12、遺伝子数 50、世代数 100、操作率 50 パーセント、操作の内訳が 50 パーセントを突然変異でおこなう。Fig.3 に世代による最良適応度の変化を示す。適応度が 1 に収束したのは 4 世代目であった。

Fig.3 適応度の変化（一本欠落）

2) 2 本欠落

Fig.4 二本欠落のコンフィギュレーション

二本の場合、同様に遺伝子座数 12、遺伝子数 100、世代数 100、操作する割合 50 パーセント、操作の内訳が、1 点交叉が 10 パーセント、二点交叉が 10 パーセント、突然変異が 50 パーセントで行った。Fig.6 に世代による最良適応度の変化を示す。適応度が 1 に収束したのは 9 世代目であった。

Fig.6 適応度の変化（二本欠落）

さらに、遺伝子が正解に収束した個数を世代別に Fig.7 に図示した。これによれば、22 世代目において操作する遺伝子の正解に収束している。

Fig.7 収束遺伝子数

前述の正解に収束した遺伝子の世代ごとの変化を示した。

Fig.8 正解への収束

他の解析例は紙面の都合で省略し講演会当日に報告する。