機能生成アルゴリズムの提案と柱の耐座屈設計*

石田 良平^{*1}, 杉山 吉彦^{*1}Proposal of Constructive Algorithms for Optimal Design
and Application to the Design of the Strongest Columns

Ryohei ISHIDA and Yoshihiko SUGIYAMA

The present paper describes new algorithm for the optimization problem under the condition of constraint. The algorithms on the following concept are referred collectively to as constructive algorithms (CAs). Two types of chromosomes are introduced in these algorithms. One is called the main chromosome and the other the subchromosome. The condition of constraint is always satisfied with the genome on the main chromosome. The subchromosome controls the transformation of the genes on the main chromosome in the surrounding environment. The genetic algorithms (GAs) are applied only to the subchromosomes. Finally, the main chromosome acquires the required functions for optimization. To demonstrate the effectiveness of the proposed new algorithm, the algorithm is applied to the design problem of the strongest column.

Key Words: Computational Mechanics, Optimization Algorithm, Optimal Design, Buckling, Genetic Algorithms, Finite Element Method

1. 緒言

遺伝的アルゴリズム (GAs)¹⁾は、システムの最適化法の一つとして、近年急速に注目され、構造設計への応用もなされてきている^{2,3)}。このアルゴリズムが、最急降下法などの従来から用いられてきた勾配法と異なる点は、生物進化にヒントを得たアルゴリズムである点である。遺伝的アルゴリズムでは、システムの特徴を染色体上の遺伝子にコーディングし、その染色体の集団によって多点探索を行う。このことから、システムパラメータによって生成される目的関数空間が多峰性を有していても、大域的最適システムパラメータが得られやすいという長所を持つ。しかし、適用する問題の種類やコーディングの方法によっては、長所を十分に生かすことができない場合がある。したがって、パラメータをどのようにコーディングするかが探索成功の鍵になっている^{4,5)}。

本報では、制約条件付き最適化問題を解くための新しい概念に基づくアルゴリズムの一つとして、機能生成アルゴリズム (Constructive Algorithms: CAs) を

提案する。本アルゴリズムでは、GAsを基礎とするが、一つの特徴は2種類の染色体を用いることである。2種類の染色体のうち、一つを主染色体と呼び、システムの機能を表すパラメータのコーディングを行う。もう一つを副染色体と呼び、主染色体にコーディングされたパラメータの変更ルールを規定する。GAsの適用は、副染色体に対してのみ行い、最終的に、主染色体上で最適 (または準最適) なシステムパラメータが生成される。言い換えれば、副染色体が主染色体を進化させることになる。このアルゴリズムを、システムの機能を生成するという意味で、機能生成アルゴリズムと呼ぶ。

提案したCAsの応用として、軸圧縮荷重を受ける柱のオイラー座屈荷重の固有値を最大にする最適剛性分布探索問題に適用し、その有効性について検討する。なお、ここでは、最適剛性分布は離散的に得られるものとし、固有値解析には、有限要素法を用いる。

2. 遺伝的アルゴリズムの概略

まず、遺伝的アルゴリズムにおける最適解探索プロセスの要点を確認しておく。

* 原稿受付 平成5年2月26日。

^{*1} 正員, 大阪府立大学工学部(〒593 堺市学園町1-1)。

遺伝的アルゴリズム：

- 1) システムを記述するいろいろなパラメータを遺伝子(gene)にコーディングする。なお、パラメータ情報を持つ遺伝子の1セットは、ゲノム(genome)と呼ばれ、これがシステムを表現する。
- 2) 遺伝子を染色体(chromosome)の特定の位置(遺伝子座(locus))に配置する。
- 3) 同等の遺伝情報を持つ染色体の集団(population)を用いて多点探索を行う。
- 4) 探索結果を用いてシステムの評価を行い、評価に基づいて優劣をつけ、淘汰、増殖、交叉、突然変異という進化過程を経て染色体集団のパフォーマンスを高める。

このように、遺伝的アルゴリズムでは、進化過程によって最終的にパフォーマンスの高い染色体が生き残り、残った染色体の持つ遺伝子情報がシステムの最適パラメータを示す。なお、遺伝的アルゴリズムに関する詳細は参考文献^{1, 4, 5)}にゆずる。参考までに、図1に、システムパラメータを染色体集団にコーディングする様子を、模式的に示す。

図1 染色体へのコーディング(GAs)

3. 機能生成アルゴリズムの提案

遺伝的アルゴリズムを基礎とした新しいアルゴリズムとして、機能生成アルゴリズムを提案する。まず、このアルゴリズムの主要な部分を遺伝的アルゴリズム的に表せば、次のように表すことができる。

機能生成アルゴリズム：

- 1) 制約条件にしたがって、初期機能分布を一つだけ任意に生成する。これを主染色体とする。
- 2) 上で定義した一つの主染色体の他に、副染色体として、主染色体上の遺伝子の移動に関する情報(たとえば、移動元や移動先の遺伝子座の指定や移動量)をコーディングした染色体を複数個用意し、主染色体と合わせて集団を形成する。
- 3) 各世代の集団内で副染色体の情報に従って主染色体上の遺伝子を移動させ、与えられた条件に対する適合度の評価を順次行う。主染色体の評価を上げた場合、世代内で主染色体の情報を更新する。
- 4) 副染色体に対してのみ、遺伝的アルゴリズムにおける進化過程を適用する。
- 5) ただし、3)で、副染色体が、移動可能な遺伝子を持たない主染色体上の遺伝子座からの移動を指定する場合がある。このような副染色体は「何もできない」ので、これを評価不能として集団から外し、不足する副染色体を次の世代でランダムに補充する。

このアルゴリズムにより、主染色体上の遺伝子の総和が常に一定に保たれるので、制約条件が常に満足されることになる。最終的に、与えられた条件に適合した機能を主染色体上に生成できる。このアルゴリズムの特徴的な点は、副染色体が主染色体の機能を変化させるための仕事をしているように見える点である。

なお、副染色体の表す情報によっては、付加的な判定条件が必要になる。以下に、具体的な副染色体のコーディングの例とそれに伴った付加的な条件について述べる。

3.1 副染色体のコーディング例⁶⁾ まず、 n ビットのバイナリー形式で主染色体の遺伝子座をコーディングするものとする。移動方向を表すためにさらに2ビット加え、 $n + 2$ ビットで副染色体をコーディングする。この場合、付加的な条件は不要である。解の最適解への収束判定条件として、主染色体上の遺伝子配置があらかじめ定められた回数以上更新されない場合、収束とみなす。門野ら⁶⁾は、これを構築型遺伝的アルゴリズム(Constructive GAs: C-GAs)と呼んでいる。

3.2 副染色体のコーディング例2 次に、同じく n ビットのバイナリー形式で主染色体の遺伝子座をコーディングするが、さらに n ビット加え、 $2n$ ビットで副染色体をコーディングする。 n ビットを移動元に、残りの n ビットを移動先にコーディングする。移動元と移動先を表す遺伝子を、どのように副染色体上で表現するかについては、全く任意であるが、ここでは、分かりやすいように $2n$ ビットの遺伝子のうち、上位 n ビットによって移動先を、下位 n ビットによって移動元を表すものとする。

$2n$ ビットによって生成される遺伝子移動のパターンは全部で 2^{2n} 種類であるが、そのうち 2^n 種類は移動先と移動元に同じ遺伝子座を指定する副染色体（例えば、 $n=4$ の場合、00100010）である。これらの副染色体は、いわば「何もしない」。先に述べた移動可能な遺伝子を持たない遺伝子座を指定した副染色体は「何もできない」ので、これらを区別する必要がある。

そこで、付加的な条件として、「何もしない」副染色体に対しては、その時点の最大評価値を与えるものとする。これは、「何もしない」副染色体を、評価を下げる副染色体に比較して優秀であるとみなすことになる。これらの「何もしない」副染色体は集団内で高い評価値を持つため、進化過程で明らかに増殖する。

3.3 解の収束判定 本報では、前節(3.2節)で述べた副染色体のコーディングと付加的条件を採用する。その結果、解の収束判定は非常に簡単化される。すなわち、最適解に近づくにしたがって、つまり、世代を経るにしたがい、世代内で「何もしない」副染色体が増加することを積極的に利用し、最適解であると判断する条件として、ある世代内で副染色体の一定割合以上

が「何もしない」場合、探索を終了するようにする。

3.4 機能生成アルゴリズム 以上の付加的条件および収束判定条件を、本章の冒頭で述べたアルゴリズムの主要部 1)~5) につけ加える。

6) 「何もしない」副染色体に対しては、その時点の最大評価値を与える。

7) 世代内で副染色体の一定割合以上が「何もしない」場合、主染色体上に最適な遺伝子分布が生成されたものとする。

上に述べたような主染色体と副染色体という考え方は、著者らの知る限り、新しく本論分において提案された概念である。ここで提案された主染色体の意味は次のように解釈できる。

主染色体：

いろいろなシステムパラメータの集合として、システム全体の機能を表す。

主染色体上の遺伝子座：

その遺伝子が存在する遺伝子座は、システムを構成するサブシステムの機能を表す。

主染色体上の遺伝子：

各遺伝子座に存在する遺伝子は、システム全体に対するサブシステムの貢献度や活性度などを表す。

従って、システムの条件が変化すれば、その変化に応じて各サブシステムの貢献度や活性度が徐々に変化し、最終的に、条件に適するシステムが生成されることになる。このような解釈のもとで、ここで提案するアルゴリズム 1)~7) を「機能生成アルゴリズム」と呼ぶことにする。

図2に、機能生成アルゴリズムを模式的に示す。

図2 機能生成アルゴリズム

4. 耐座屈最適剛性分布探索問題への適用

4.1 FEMを用いた座屈解析 まず、軸圧縮荷重による柱の曲げ座屈の有限要素解析⁷⁾について、簡単にまとめておく。

剛性方程式は、仮想仕事の原理とCastiglianoの定理から

$$\{r\} = [k]\{u\} \quad (1)$$

となる。

ここで、 $\{r\}$ ははり要素の節点内力ベクトル、 $\{u\}$ は節点変位ベクトル、 $[k]$ は剛性マトリックスである。また、軸圧縮力 P のなす仕事から、Castiglianoの定理より、

$$\{P\} = [k_g]\{u\} \quad (2)$$

を得る。ここで、 $\{P\}$ は節点外力ベクトル、 $[k_g]$ は初期応力マトリックスである。

本報では、最も簡単な場合として、はりのたわみ曲線が軸方向の3次曲線として表されるものとする。この場合、節点内力ベクトルおよび節点外力ベクトルは、要素両端のせん断力と曲げモーメントを成分とする4次元ベクトル、節点変位ベクトルは、要素両端のたわみおよびたわみ角を成分とする4次元ベクトルとなる。また、各要素の剛性および初期応力マトリックスは、それぞれ $[4 \times 4]$ のマトリックスとなる。

各要素のマトリックス方程式を用いて、全体のつりあい方程式を構成すると、座屈固有値に関する特性方程式を得る。その最小固有値が、柱のオイラー座屈荷重を与える。

4.2 耐座屈設計 柱の耐座屈設計として、両端の支持条件などの諸条件のもとで、座屈荷重を最大にする問題を、座屈荷重を最大にするような剛性分布を求める問題として扱う。ここでは、FEMと本報で提案した機能生成アルゴリズムを用いて離散的な最適剛性分布を求めるものとする。

機能生成アルゴリズムにおける主染色体の遺伝子座としてFEMの要素番号を、遺伝子座の遺伝子として剛性を、それぞれ、対応させる。

この場合、FEMの要素数を N 、柱全体にわたって移動可能な剛性の総和を $R (=M\Delta R)$ 、各要素で移動可能な離散的剛性を $R_i (=M_i\Delta R)$ ($i=1, 2, \dots, N$) とする。ここで、 M_i ($i=1, 2, \dots, N$) は各要素の移動可能な剛性の数を表す整数値、 ΔR は移動させる剛性の最小単位とする。制約条件として、移動可能な剛性の全要素のわたる総和が制限されているものとする。また、剛性の移動は、断面の図心の移動を伴わないものとする。「剛

性の総和」という用語は、物理的には意味がないものと思われるが、便宜上このように表現した。このとき、問題は、制約条件

$$\sum_{i=1}^N R_i = R \quad (3)$$

または

$$\sum_{i=1}^N M_i = M \quad (4)$$

のもとで、オイラー座屈荷重を最大にする問題になる。

なお、この問題において、考えられる剛性分布の総数は、次式から求められる。

$$\frac{(M+N-1)!}{M!(N-1)!}$$

たとえば、 $N=16$ 、 $M=100$ のとき、考えられる剛性分布は

$$\frac{115!}{100!15!} \approx 2.40 \times 10^{18}$$

通りである。

5. 数値例

さて、具体的に問題を設定する。FEMの要素数 $N=16$ とする。一様剛性を持つ柱の各要素の剛性を1とした場合、移動可能な剛性の最小単位を0.1とし、各要素の剛性の9単位分に相当する剛性(0.9)を移動可能とする。このことを第4章で導入したパラメータを用いて表せば、剛性が一様な柱を初期設計とした場合、

$$\Delta R = 0.1, M_i = 9 \quad (i=1, 2, \dots, N),$$

$$N = 16, M = 144 (=9 \times 16)$$

となる。この場合、考えられる剛性分布の総数は

$$\frac{159!}{144!15!} \approx 4.06 \times 10^{20}$$

通りである。

副染色体のコーディングとして、第3章に述べたアルゴリズムにしたがって、次のようにコーディングする。16個の要素の要素番号(0-15)をバイナリー形式で表す場合、4ビットを必要とする。この4ビットコードを二つ用いて、主染色体上の遺伝子の移動元と移動先を表す。従って、副染色体は8ビットで構成される。8ビットの遺伝子のうち、上位4ビットによって移動先を、下位4ビットによって移動元を表す。一度に移動させる剛性量は1単位(ΔR)とする。なお、8ビットコードによって生成される剛性移動のパターンは全部で256種類であり、そのうち16種類が「何もしない」移動パターンである。

シミュレーションでは、まず、一様乱数を用いて主染色体上の初期遺伝子分布（初期剛性分布）を生成した。乱数発生のための種をシミュレーション開始時刻によって定めた。同様に、副染色体上の遺伝子も一様乱数を用いて生成した。なお、副染色体集団の個体数を30とした。増殖率、交叉率、突然変異率を、それぞれ、20%、40%、20%とし、最大50世代までとして計算を行った。また、「何もしない」副染色体の割合が世代内の95%以上に達した場合、最適解が得られたものとして探索を終了した。

柱の両端支持条件としては、1)固定/固定(C/C)、2)固定/単純支持(C/S)、3)単純支持/単純支持(S/S)および4)固定/自由(C/F)の4種類が考えられる。しかし、1)および3)の支持条件は、4)の条件によって生成できるので、基本的な支持条件としては、C/SおよびC/Fの2種類となる。したがって、この2種類について解析を行うことにする。

図3に、両端の支持条件がC/Sの場合の固有値の世代ごとの変化を示す。同じく、図4に、両端の支持条件がC/Fの場合の変化を示す。これらの図からわかるように、世代を経るごとに固有値が増加していることがわかる。また、「何もしない」副染色体の増殖によって、C/Sの場合49世代目、C/Fの場合42世代目で探索は終了した。

表1および表2に各要素の剛性を M_i によって示す。実際の剛性は $(M_i+1)\Delta R$ である。これらの表は、初期剛性分布(Initial)、探索結果(Final)および一様剛性(Uniform)の場合の剛性分布と固有値を示している。また、比較のために、本アルゴリズムによる探索結果を初期剛性分布として、副染色体の全パターン(256通り)について剛性移動を行った場合を示す。この剛性

分布に対してさらに同じ処理を行っても、固有値の増加はみられなかった。したがって、これは本報で扱った条件に対しての厳密値(Exact)と考えられる。

これらの表からわかるように、初期剛性分布がかなりランダムに生成されているにも関わらず、得られた探索結果は厳密値に近いことがわかる。結果として得

図3 固有値の世代ごとの変化(C/S)

図4 固有値の世代ごとの変化(C/F)

表1 機能生成アルゴリズムによる剛性探索結果(C/S)

Element	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	Eigen Value
Initial	1	18	3	15	14	7	7	10	7	0	15	6	18	14	5	4	7.35878
Final	14	12	8	5	1	3	7	11	13	14	14	14	12	9	5	2	24.22687
Uniform	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	20.19090
Exact	12	11	8	4	1	4	8	11	13	14	14	14	12	10	6	2	24.28822

表2 機能生成アルゴリズムによる剛性探索結果(C/F)

Element	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	Eigen Value
Initial	16	16	9	4	1	0	3	10	14	20	0	18	1	21	6	5	0.90876
Final	14	14	13	13	14	13	11	10	10	9	7	6	5	3	2	0	2.98356
Uniform	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	2.46740
Exact	14	14	14	13	13	12	11	11	10	9	7	6	5	3	2	0	2.98706

られた固有値は、C/Sの場合、厳密値の99.75%であり、C/Fの場合、99.88%であるので、準最適値としてきわめてよい結果が得られている。また、これらは一様剛性の場合に比較して、C/Sの場合、約1.20倍、C/Fの場合、約1.21倍になっており、与えられた支持条件に対する耐座屈設計になっていることがわかる。

図5(a)-(c)に、両端の支持条件がC/Sの場合の離散的剛性分布を示す。図6(a)-(c)にC/Fの場合について示す。これらの図で、(a)は初期分布、(b)は探索結果、(c)は厳密な分布である。

6. 結言

本報では、制約条件付きの最適化問題を解くためのアルゴリズムの一つとして「機能生成アルゴリズム」を提案し、柱の耐座屈最適設計問題に適用した。

まず、提案したアルゴリズムでは、

- 1)一つの主染色体と複数の副染色体という概念を導入し、副染色体にのみ遺伝的アルゴリズムの進化過程を適用している。
- 2)本報で採用した副染色体のコーディングによって、4種類(評価を上げる、評価を下げる、「何もできない」および「何もしない」)の副染色体が存在する。

3)4種類のうち「何もしない」副染色体に対して、それが現れた時点の最高評価値を与えることによって、これらは世代を経るごとに増殖する。

4)解の収束判定条件として、世代内で副染色体の一定割合以上が「何もしない」場合、探索を終了する。

本アルゴリズムの耐座屈設計への適用では、

- 1)主染色体に剛性分布を、副染色体に剛性移動に関する情報を、それぞれ、コーディングした。
- 2)本アルゴリズムによって、厳密な解に非常に近い準最適な離散的剛性分布が得られることを示し、提案した「機能生成アルゴリズム」の有効性を示すことができた。

参考文献

- 1) Goldberg, D. E., Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, ADDISON-WESLEY PUB. Co., Inc. (1989)
- 2) 文献1)のpp. 136-137
- 3) 杉本, G Aの工業設計への応用に向けて, 数理科学, No. 353, pp. 45-50 (1992)
- 4) 和田, 遺伝的アルゴリズムと機械の進化, 数理科学, No. 328, pp. 47-51 (1990)
- 5) 星野, 遺伝的アルゴリズム[1]-その信仰と現実, bit, Vol. 24, No. 9, pp. 945-955 (1992), 同[2]-だまし問題、人工生命, bit, Vol. 24, No. 10, pp. 1094-1104 (1992)
- 6) 門野・石田・杉山, 遺伝的アルゴリズムによる柱の耐座屈設計, 日本機械学会関西学生会卒業研究発表講演会講演前刷集, p. 47(1993)
- 7) 川井・藤谷, 座屈問題解析, 培風館 (1991)

(a) Initial Rigidty Distribution

(b) Final Rigidty Distribution

(c) Exact Rigidty Distribution

図5 剛性分布(C/S)

(a) Initial Rigidty Distribution

(b) Final Rigidty Distribution

(c) Exact Rigidty Distribution

図6 剛性分布(C/F)