遺伝的アルゴリズムを用いた2次元構造物の 最適トポロジーに関する研究

稲川 智一^{*1}, 荒川 雅生^{*2}, 山川 宏^{*2}

Optimum Topology Problem of Two-Dimensional Structures Using Genetic Algorithm

Tomokazu INAGAWA, Masao ARAKAWA and Hiroshi YAMAKAWA

Recently, there are many studies on shape optimization and some of them have provided practical tools. Unexpectedly, there are not very many studies on determining the optimum topology, in comparison with those on shape optimization techniques. Therefore, in this study, we propose a method of finding optimum topologies of 2-dimensional structures using the genetic algorithm (GA). In this report, we propose a basic method, a method which comprises multistage finite-element partitioning and adopts the allocation of genes. We apply the proposed algorithm to some examples and examine their effectiveness.

Key Words: Design Engineering, Optimum Topology Problem, Genetic Algorithm, Penalty Function, Basic Chromosome, Missing Gene, Multistage Finite-Element Partitioning, Allocation of Genes

1. 緒言

形状最適化に関する研究は、近年盛んに行なわれており、既に実用化の域に達しようとしている。その基本的考え方は、構造物の境界を動かし、挙動の変化を形状変化に伴う感度としてとらえながら、最適形状を求めるというものである。しかし形状最適化問題では、一般に構造物がとるべき形態やトポロジーまで決定できるわけではない。どのような構造形態をとるかは、設計者にとって初期的段階で意思決定を要求される問題であり、最適設計もこのような点にまで対応できることが望ましいと思われる。このような構造物のトポロジー最適化問題に関しては依然としてその研究例は多くない。例えば、材料などのミクロ構造を解析するため開発された均質化法^{(1),(2)}やCOC法⁽²⁾、また有限要素法の各要素に関する感度を考えた方法を用いた研究例^{(3),(4)}などがある程度であり、形状最適化問題と比較するとその研究例は少ない。

本研究では、近年、組合せ最適化問題の解法として注目を集めている生物などの進化をシミュレートした遺伝的アルゴリズムを用いて2次元構造物の最適トポロジーを求めることを目的とした。最適化問題の解法

として遺伝的アルゴリズムをとらえた場合、感度の計算不要な手法として分類することができる。本研究では、この利点を生かして有限要素法を併用して2次元構造物の最適トポロジーを求めるものである。一度、最適なトポロジーが求められれば、その後に既存の形状最適化手法なり、断面寸法などの最適化なりを行えば、厳密な意味で構造物の総合的な最適化がはかれるものと考えられる。

本報ではまず最初にトポロジーの最適化をはかる基礎的手法を説明する。基礎的手法とは、2次元の構造問題を対象にして有限要素法の各長方形要素の板厚に遺伝子を対応させて、遺伝的アルゴリズムへの適応をはかるというものである。基本的にはこの手法により2次元構造物の最適トポロジーを求めることが可能である。本論文ではさらに、計算時間の長短や局所的最適解からの回避などを考慮した手法として、多段階有限要素分割法と遺伝子割当法を提示する。

多段階有限要素分割法とは、有限要素の分割数や最適トポロジーを求める領域を多段階的に変える方法である。この手法は最初に少ない分割数で最適化を行い、解析の対象となった構造が存在する部分のみを改めて分割して最適化するというを行うので、常に少ない遺伝子数でしかも工学的に近似しながら最適化を行うこと目的にして開発した手法である。本手法を用いることにより、計算機のメモリ容量の軽減や、最適化にかかる時間がより短くなることが予測される。

* 1992年11月12日 第5計算力学講演会および、1993年6月16日 第3回設計工学・システム部門講演会において講演、原稿受付 1994年10月12日。

*¹ 学生員、早稲田大学大学院(〒169 東京都新宿区大久保3-4-1)。

*² 正員、早稲田大学理工学部。

この方法を遺伝的アルゴリズムの観点から見ると、一見、階層型の遺伝的アルゴリズムと似ているようであるが、例えば、文献(5,6)などに見られるツリー型の階層構造をとり、一部を制約することで収束の向上を目指した遺伝的アルゴリズムにおける手法と異なり、構造物の最適なトポロジーを得るために、有限要素法を施す領域も分割も段階的に変化する手法である。したがって遺伝的アルゴリズムの適用という観点から見ても、提示した手法は構造物の位相を決めるための固有の手法と考えると良いと思われる。また、伊藤等の研究⁽⁴⁾に見られるように、段階をおって有限要素の付加や削除を考慮する方法もあるが、本手法は荒いメッシュで大ざっぱに探索領域を決めていき、多段的にトポロジーを求めていく手法であり、伊藤らの手法とも異なる提示した遺伝的アルゴリズムの利用に適した最適なトポロジーを求める方法であると考えられる。

遺伝子割当法は、当初考慮する遺伝子の種類をあらかじめ多めに設定しておき、収束した後に、考慮する必要のない領域を削除し、遺伝子の種類を減らし、再び最適化を繰り返す方法である。したがって、文献(7,8)に見られるように単純に有限要素に遺伝子を割り当てるものではない。この手法は、基礎的手法において最適化の過程で局所的最適解に陥り、最適なトポロジーが得られないことが多く見られたことの原因が、最初からその要素が必要か否かと言った2値に限られたために生じたものと考え、より正確に最適なトポロジーを求めるために遺伝子の種類を増やし最適化を行う事により、考慮すべき領域を正確に探索できることを目的に開発された方法である。繰り返しの過程で、遺伝子のとりうる種類を減らしていくようにしたのは、最終的に得られた結果にグレースケール部分を残す事をさける目的で設定した規則である。

本手法と同様に、遺伝的アルゴリズムを用いた2次元構造物のトポロジー最適化に関する研究としてSadgren⁽⁷⁾ら、Chapman⁽⁸⁾らのものがある。しかしながら、Sadgrenらの研究では自動車のボンネットの補強としての適用をしており、構造形態や位相を決定することに主眼をおいていない。また、遺伝的アルゴリズムの適用にもあまり、大きな工夫が見られない。Chapmanらの研究では、適用度の設定に多少の工夫は見られるものの、基本的には単純に遺伝的アルゴリズムを用いているにすぎない。そのため、収束性が悪く、局所的最適解に陥りやすく、時には左右対称な構造物で左右対称な荷重をかけた場合などでも非対称性のある非現実的な結果を得るものと考えられる。

本報では、まず遺伝的アルゴリズムについて簡単に

まとめ、ついで、本研究で提示する各手法について説明する。その後、数値計算例として最適形状があらかじめ予測されるような条件下でこれらの手法を適用し、これらを比較することにより妥当性について検討を加える。

2. 遺伝的アルゴリズム

2.1 遺伝的アルゴリズムの基本事項 遺伝的アルゴリズムは生物の進化のメカニズムを模倣した探索アルゴリズムの1種であり、組合せ最適化問題に適したアルゴリズムであると考えられる。ここでは、遺伝的アルゴリズムについての基本的操作等⁽⁹⁾について簡単に触れる。

1) m個の個体からなる初期生物集団 P_0 をつくる。

(t=0) (初期化)

$$P_t = \{C_1, C_2, \dots, C_m\}^T$$

2) P_t の中から任意の2組を選び、交叉によって新しい個体を作り P_t に組み入れる。(繁殖)

$$P_t = \{C_1, C_2, \dots, C_m, C_{m+1}, \dots, C_{m+k}\}^T$$

3) P_t の各個体に対してある生起確率で、遺伝子の一部を他の任意の要素に置き換える(突然変異)。

4) P_t の各個体 C_i の適応度 $f(C_i)$ を計算する。集団としての平均適応度を考慮にいれて、各個体の選択確率を決定し、これに基づいてm個の個体を選択し、次世代の生物集団 P_{t+1} とする。(t=t+1とし2)へ)

遺伝的アルゴリズムにおいて問題とされるのが、遺伝子の表現である。ここでは、その注意点のみを列記する。

1) 冗長性の排除

1つの遺伝子と1つの解とが1対1対応である。

2) 致死遺伝子の抑制

交叉による致死遺伝子の生成が抑制されること。

3) 形質の遺伝

交叉によって生成される子は両親の形質を適切に継承できること。

2.2 遺伝的アルゴリズムの最適設計問題への対応

制約条件下で目的関数を最小とする設計変数を求める一般的な最適設計問題の定式化を下記に示す。

$$\begin{aligned} \text{Find } x &= \{x_1, x_2, \dots, x_n\} \\ \text{to minimize } &f(x) \\ \text{subject to } &g_j(x) \leq \hat{g}_j \quad (j=1, 2, \dots, M) \end{aligned} \quad (1)$$

ここで、 $\hat{g}_j$ は制約条件 g_j の許容値を表すものとする。また式(1)を単一の式に統合するため、ペナルティ関数を用いて対応させる。

$$p(\mathbf{x}) = f(\mathbf{x}) + \sum_{j=1}^M r_j \cdot P(g_j(\mathbf{x})) \quad (2)$$

ここで,

$$P(g_j) = \begin{cases} 0 & \text{for } g_j(\mathbf{x}) \leq \hat{g}_j \\ \frac{g_j(\mathbf{x}) - \hat{g}_j}{\hat{g}_j} & \text{otherwise} \end{cases}$$

また, r_j はペナルティの大きさを表す任意の値をとる. として, このペナルティ関数 $p(\mathbf{x})$ を適応度 $f(C_j)$ にさせればよい. P の関数を上式のようにしたのは大ききの異なる制約条件を同じ重みで評価するためである.

3. 最適トポロジー決定手法

本章では, 2次元弾性体の有限要素法解析, および遺伝的アルゴリズムを用いた2次元構造物の最適トポロジー決定手法について提示する. 最適トポロジー決定手法として, 基礎的手法, 多段階有限要素分割法, 遺伝子割当法について説明する.

3.1 最適化の領域について 本手法は, 2次元弾性体の長方形要素を用いた有限要素法解析に基づいて行われる. 最適化の対象とする領域は事前に設定した平面要素の領域と一致させる.

3.2 設計変数について 設計変数としては, 長方形要素に分割した各要素の厚み t_k をとることにする. 遺伝的アルゴリズムが基本的に組合せ最適化問題に適していることから, 設計変数のとりうる値をいくつかの段階に分けて, そのステップ値をとるものとする. すなわち,

$$t_k \in \{T_1, T_2, \dots, T_L\}$$

ただし, $T_1 < T_2 < \dots < T_L$ となる各要素厚みを表現する離散値とする.

3.3 淘汰について 新しい集団を作る際, 一定の制限を設けることにした.

[1] 適応度 $f(C_j)$ の決定に関して, ただ単に式(2)のペナルティ指数 r_j を決定するのではなく, r_j の設定は式(3)に従うものとする.

$$r_j = \text{random}(r_j^0 + R(g.n.)) \quad (3)$$

ここで, $\text{random}(A)$ は最大 A の乱数を発生する関数である. r_j^0 は初期的乱数の最大値であり, $g.n.$ は世代数を表す. また, R は任意の非減少関数とする. この式を使うことにより, 世代が進むにつれ制約条件が大きく加味されていくことになる.

[2] 基礎母集団の保存. すなわち, コーディングの際に各遺伝子がとりうる各値のみからなる染色体 (例えば, 0, 1 の2値から染色体が構成される場合, 全てが0のものとして全てが1のものを基礎母集団と呼ぶ) を常に母集団の中に残す. このように基礎母集団を集団に残すことは, 遺伝的アルゴリズムの操作

の中に常に初期状態へ引き戻す操作が期待でき, 局所的最適解から, 突然変異などに頼らず抜け出す事を期待したものである.

3.4 致死遺伝子の排除 致死遺伝子とは, 基礎母集団を除く全ての母集団において染色体内の同じ位置にある遺伝子が適応度関数を最も減少させる遺伝子を持つとき, その遺伝子を致死遺伝子と呼ぶ. このような致死遺伝子を, ある発生確率で排除させるものとする. ただし, 致死遺伝子をもつ染色体も, 突然変異の対象となることにした.

3.5 基礎的手法 基礎的手法は構造物を有限要素に分割し, 一つの要素を遺伝的アルゴリズムの一つの遺伝子に対応させて, 有限要素法解析を行う手法である. ここでは要素の厚みを二段階, 遺伝子の種類を二種類にして最適化を行う. 本手法は本研究の基礎となる手法であるが, 計算時間の長短や局所的最適解からの回避については, 3.3, 3.4以外には考慮されていない.

3.6 多段階有限要素分割法 前項では最適化手法の基礎となる部分を示した. 本項で提示する多段階有限要素分割法は次のような手順で行われる手法である.

- 1) 構造物を, 解析のために有限要素に分割する. その際, 分割は粗めにする.
- 2) 収束するまで遺伝的アルゴリズムの操作を行なう.
- 3) 2) で残った構造要素部分だけをとりだし, 設定領域を変更後, 今度はもう少し細かく分割する.
- 4) 2) へ戻る.

1) であらかじめ粗く分割をする理由は,

- ・ 計算時間の短縮
- ・ 初期的な領域の設定において不必要な領域を削除したい

などである. このように何段階か最適化を行うことにより正確な形状が得られる. ここで注意する点は, 設定領域と分割が変わることで, 外部の力が同じでも, 内部での応力や変位が変わってくる可能性がある. そこで, 遺伝的アルゴリズムとしてはこの制約条件の影響を受けないですむように, その許容値の操作を行う.

ここでは, 応力の許容値を例にあげて説明する. 第1段階終了後における構造物の最大応力を $\sigma_{\max,1}$, 応力の許容値を $\sigma_{a,1}$ とし, 第2段階初期形状における構造物の最大応力を $\sigma_{\max,2}$ とした場合, 求める第2段階の応力の許容値 $\sigma_{a,2}$ は次のように表される.

$$\frac{\sigma_{\max,1} - \sigma_{a,1}}{\sigma_{a,1}} = \frac{\sigma_{\max,2} - \sigma_{a,2}}{\sigma_{a,2}} \quad (4)$$

この多段階有限要素分割法を用いることによる利点

として、有限要素法解析にかかる時間が短縮されるということがあげられる。また、基礎的手法よりも最適化の世代数がかかることはあっても、分割数が少ないので解析にかかる時間は少なくなる。

3.7 遺伝子割当法について 基礎的手法では遺伝的アルゴリズムの遺伝子を二種類、すなわち要素の厚みを二段階にして最適化を行った。しかし、遺伝子を二種類にして最適化した場合、最適解が求められずに局所的最適解に陥る可能性がある。そこで、予め遺伝子の種類を増やして遺伝的アルゴリズムの操作を行い、徐々にその数を減らしていく手法を提示する。

遺伝子の種類を n 種類、すなわち要素の厚みを n 種類として解析を行った場合、解は n 種類の遺伝子で表される。要素の厚みが薄い部分は取り除き、厚い部分は確定部分、中間の部分は不確定部分とする。中間部分のみを改めて今度は $n-1$ 種類の遺伝子で最適化する。そこで得られた解を今度は $n-2$ 種類の遺伝子で解析するというように、遺伝子の種類が2種類になるまで最適化を続ける。そこで得られたのが、最適トポロジーである。

この手法は、中間層の部分を残し、他の部分は染色体から外して解析を行うので、段階を経るにしたがって遺伝子数が減っていき、計算時間の上での利点が望まれる。また、グレースケールで終了させたのちに、ある閾値で位相を抽出するよりは正確な解が求められるところに利点がある。

4. 数値計算例

本章では、本手法の妥当性と有効性を確認するために最適形状が他の手法等で計算されているような2次元構造物について、本報で提示した手法を用いて数値計算を行ってみた。

4.1 軸力のみを想定した場合 軸力のみを受ける構造物の最適形状を調べるために、図1に示すような初期領域を用いて提示した手法を用いて最適形状を検討した。この場合予測される最適形状としては柱状構造物が考えられる。

図1 設定領域と最適化の結果

基礎的手法を用いて最適化された結果を図1に、そ

のとき与えた制約条件を表1示す。

表1 許容値の設定		
constraints		values
1(stress)	[N]	3.75×10^6
2(x-dis.)	[m]	1.00×10^{-8}
3(y-dis.)	[m]	1.50×10^{-5}
4(str. eng.)	[Nm]	5.00×10^{-1}

目的関数として領域全体の体積を考え、制約条件としてミーゼスの相当応力、荷重点におけるx方向、y方向変位、ひずみエネルギーの上限値を想定した。

$$p(x) = m(x) + \sum_{j=1}^4 r_j \cdot P(g_j(x)) \quad (5)$$

subject to

$$g_1 : \sigma(t) \leq \hat{g}_1 : \text{応力制約}$$

$$g_2 : u(t) \leq \hat{g}_2 : \text{変位制約}$$

$$g_3 : v(t) \leq \hat{g}_3 : \text{変位制約}$$

$$g_4 : U(t) \leq \hat{g}_4 : \text{ひずみエネルギー}$$

where

$$T = \{1.00 \times 10^{-4}, 1.00 \times 10^{-2}\}^T : \text{要素の厚み}$$

$$t = \{t_1, t_2, \dots, t_n\}^T : \text{設計変数の取りうる離散値}$$

なお、 T のコード化の際に 1.00×10^{-4} を1とし 1.00×10^{-2} を2としている。またペナルティ値 r_j に関して、

$$r_j^0 = 1.00 \times 10^2, R(g, n) = 1.00 \times 10 \times g, n. \quad (6)$$

とする。また、突然変異発生確率は1.28%、致死遺伝子の排除確率を10.0%とした。本例題は軸力のみを考慮しているので、左右対称になるように四角形要素の染色体を割り当てている。図1のマスクングがかかっている要素は離散値として"2"の遺伝子を持った部分である。この形を見ると最適解として柱状構造物をとると思われ予想通りであることがわかる。また、収束の状況を図2に示す。

図2 適応度関数の収束状況

次に、同じ構造物を遺伝子割当法を用いて解析を行った。遺伝的アルゴリズムの遺伝子の種類を増やして、実際に解析を行いその結果を示す。最初に遺伝子の種類を三種類にし、要素の厚みを次のように設定した。

$$T = \{1.00 \times 10^{-4}, 5.00 \times 10^{-3}, 1.00 \times 10^{-2}\}$$

制約条件を表2の様に設定した。

表2 許容値の設定

constraints		values	
		STEP 1	STEP 2
1(stress)	[N]	3.75×10^6	3.75×10^6
2(x-dis.)	[m]	1.00×10^{-8}	1.00×10^{-11}
3(y-dis.)	[m]	1.50×10^{-5}	1.53×10^{-5}
4(str. eng.)	[Nm]	5.00×10^{-1}	5.07×10^{-1}

最適化の結果は図3の左側に示す通りである。色の濃い部分は要素の厚みが 1.00×10^{-2} でトポロジーの一部として確定した部分、色の薄い部分は要素の厚みが 5.00×10^{-3} でこの段階の最適化では不確定の部分、白い部分は要素の厚みが 1.00×10^{-4} で不要な部分である。ここまでの第一段階の最適化である。

図3 設定領域と最適化の結果

不要部分を取り除いて次の段階の最適化（第二段階）に移る。第二段階では、遺伝子の種類を二種類、要素の厚みを次のように設定した。

$$T = \{1.00 \times 10^{-4}, 1.00 \times 10^{-2}\}$$

最適化の結果は図3の右側に示す通りである。ここで、収束の様子を図4に示す。

図4 適応度関数の収束状況

段階が変わるとき、集団の平均値が大きくなっているのは、遺伝的アルゴリズムの各個体が初期値に戻るからである。また、集団の中の最小値が大きくなっているが、それは基礎コードのみで表された個体は含めずに考えているためであり、実際は基礎コードのみの個

体が最小値をとっている。

2つの手法で得られた各々のトポロジーは、最適なトポロジーと予想される柱状構造物とみなすことができ、手法の有効性が確認できる。

次に、荷重の変った場合を基礎的手法で最適化した例を図5に、許容値の設定を表3に示す。

図5 設定領域と最適化の結果

表3 許容値の設定

constraints		values
1(stress)	[N]	7.50×10^6
2(x-dis.)	[m]	4.50×10^{-3}
3(y-dis.)	[m]	1.50×10^{-3}
4(str. eng.)	[Nm]	6.00×10^{-1}

この形状は、2部材トラスと類似した構造物であることがわかる。適応度関数の収束の様子を図6に示す。

図6 適応度関数の収束状況

図6では、適応度関数の上昇が見られる。これは、制約条件を満たさないものが母集団に残っており、ペナルティ値が世代を重ねるごとに大きくなっていくためである。この図から、150世代までは、制約を満たさない染色体があるために、目的関数もペナルティ関数の影響を受けて上下していることがわかる。しかしその後、制約を満たすようになってからは、ほぼ増加せずに目的関数、適応度関数をともに下げていることがわかる。

次に、同じ構造物を多段階有限要素分割法で最適化を行った結果を図7に示す。図7のマスキングがかかっている要素は離散値として"2"の遺伝子を持った部分であり、図7の上段は第1段階の最適化の結果、世代数50世代で得られた最適解である。第2段階では、第

1段階で残った部分(左の色の塗ってある部分)をさらに細かくして遺伝的アルゴリズムによる最適化を行う(図7下段左)。第2段階に移行する際に、形状が変化するため、式(4)を用いて制約条件を決め直す。それにより求められた制約条件を表4に示す。そして、表4の条件で遺伝的アルゴリズムによる最適化を行い、第1段階の始めから数えて100世代で収束した最適解を図7の下段左に示す。

図7 領域設定と最適化の結果

表4 許容値の設定

constraints	values		
	STEP 1	STEP 2	STEP 3
1(stress) [N]	2.00×10^6	3.70×10^6	7.04×10^6
2(x-dis.) [m]	2.50×10^{-3}	3.14×10^{-3}	3.83×10^{-3}
3(y-dis.) [m]	6.00×10^{-6}	7.84×10^{-6}	1.01×10^{-5}
4(str. eng.) [Nm]	3.00×10^{-1}	3.80×10^{-1}	4.68×10^{-1}

第2段階で残った部分をさらに細かく分割して第3段階の遺伝的アルゴリズムによる最適化に移る。第3段階の制約条件も第2段階と同様に求め、それを表4に示す。

第3段階の遺伝的アルゴリズムを用いた最適化は250世代で収束し、それで得られた最適解を図7の下段右に示す。この解は一連の最適化で得られた解でもある。図8にこれらの適応度の収束の様子を示す。

図8 適応度関数の収束状況

段階が変わるとき、集団の平均値が大きくなっているのは、先の遺伝子割当法によるものと同じ理由である。

基礎的手法と多段階有限要素分割法で得られたトポロジーは、非常に良く似たものとなっている。多段階有限要素分割法で収束するのにかかった世代数は基礎的手法と同じくらいであるが、有限要素の要素の数が少ないので、最適化にかかる時間は短くなっており、本手法の有効性が確認できる。

4.2 ミッチェルトラスに近いトポロジーとなる場合

次に、文献(1-3,7)にみられるミッチェルトラスに近いトポロジーとなる場合について本手法でどのようなのか検討を加えた。図9にメッシュの状況と最適化形状を示す。設定した許容値を表5に、収束の状況を図10に示す。

図9 設定領域と最適化の結果

表5 許容値の設定

constraints	values
1(stress) [N]	5.00×10^7
2(x-dis.) [m]	1.50×10^5
3(y-dis.) [m]	1.00×10^2
4(str. eng.) [Nm]	2.50×10^2

図10 適応度関数の収束状況

この例題について多段階有限要素分割法を適用して得られた最適化形状を図12に示す。設定した許容値を表6に、収束の状況を図13に示す。これらの結果を通じて、得られた最適化形状が図11に示すようなミッチェルトラスに近いトポロジーであることがわかる。また、これらの結果は文献(1)-(3)に見られる結果と類似しており、本手法の有効性の一端が確認できる。

 図11 ミッチェルトラスの例⁽¹⁰⁾

表6 許容値の設定

constraints	values	
	STEP 1	STEP 2
1(stress) [m]	8.00×10^6	9.81×10^6
2(x-dis.) [m]	1.00×10^{-7}	1.01×10^{-7}
3(y-dis.) [m]	2.00×10^{-4}	2.18×10^{-4}
4(str. eng.) [Nm]	9.00×10^1	3.10×10^{-2}

STEP 1 (generation = 100)

STEP 2 (generation = 300)

図13 適応度関数の収束状況

5 結 言

1) 遺伝的アルゴリズムを用いた2次元構造物の最適トポロジー問題の解法を提示した。提示した手法では、遺伝子に対応する4角形有限要素の板厚をもたせ、遺伝的アルゴリズムへの適応をはかった。適応度関数にペナルティ関数を用いることで、制約条件を加味することが出来た。また、ペナルティ値の操

作により、局所的最適解からの回避をはかった。基礎的な形質を遺伝の過程で残すために基礎母集団を設け、各世代の母集団にこれを加えることで形質の遺伝を考えた。また、アルゴリズムの収束性向上のために致死遺伝子という概念を設定した。

2) 基礎的手法をあらかじめ最適形状が判断できるような構造物に適用した結果、既存の方法とほぼ同様な結果が得られ、その有効性の一端が確認できた。得られた結果は、厳密に節点位置を与えてはいないものの、概略の形態は把握でき、本手法の有効性の一端が確認できた。

3) 遺伝的アルゴリズムを用いた2次元構造物の最適トポロジー問題のさらに発展させた解法として、対象とする解析の領域や分割数を段階的に変え、各段階において得られた設定で遺伝的アルゴリズムによる最適化を行う多段階有限要素分割法と予め遺伝子の種類を増やして遺伝的アルゴリズムによる最適化を行い、多段的に設定領域と遺伝子の種類を縮小していく遺伝子割当法を提示した。

4) 多段階有限要素分割法をあらかじめ最適形状が判断できるような構造物に適用した結果、基礎的手法で得られた形状とほぼ同様な結果が得られ、計算時間も短縮され、その有効性が確認できた。

また遺伝子割当法を用いて、最終形状が判断できる構造物に適用した結果、局所的最適解に陥る可能性も下がり、また従来手法とほぼ同様な結果が得られ、その有効性が確認できた。

参考文献

- 1) K.Suzuki, N.Kikuchi, "A homogenization method for shape and topology optimization", Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering, Vol.93, No.3, (1991), p.291-318
- 2) M.Zhou, G.I.N.Rozvany, "The COC algorithm, Part II: Topological, geometrical and generalized shape optimization", Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering, Vol.89, No.1, (1991), p.309-336
- 3) 伊藤,大河内, "機械構造の計量化計画(複数負荷に対応した構造設計計画)", 第1回設計工学・システム部門講演会講演論文集, (1992), p.201-204
- 4) 河辺,吉田, "低振動構造の基本設計を支援する形状と位相の最適化方法の研究", 機論, Vol. 60, No. 577, (1994), p.2992-2988
- 5) J.R.Koza, "Hierarchical Genetic Algorithms Operating on Populations of Computer Programs", Proc. of IJCAI-89, (1989), pp.768-774

- 6) 北野宏明, 遺伝的アルゴリズム, (1993), 産業図書
 - 7) E.Sandgren,E.Jensen,J.W.Welton,"Topological Design of
Structural Components Using Genetic Optimization
Methods",ASME,AMD,115,(1990),p.31-43
 - 8) C.D.Chapman,K.Saitou,M.J.Jakiela,"Genetic Algorithms
as An Approach to Configuration and Toporogy
Design",Advances in Design Automation,ASME,Vol.1,
(1993),p.485-498
 - 9) D.Goldberg,"Genetic Algorithm", (1989),Addison-Wesley
 - 10) W.S.Hemp,"Optimum Structures",Oxford University
Press(1973),p.98
-