一般化伝達剛性係数法を利用した骨組構造物の位相最適化*

盆子原 康博^{*1}, 近 藤 孝 広^{*2}, 坂 尾 大 輔^{*3}
崔 銘 秀^{*4}, 黒 木 宏 之^{*5}, 坂本 裕一郎^{*6}Topology Optimization of a Framed Structure
Using Generalized Transfer Stiffness Coefficient MethodYasuhiro BONKOBARA^{*7}, Takahiro KONDOU, Daisuke SAKAO,
Myung-Soo CHOI, Hiroyuki KUROKI and Yuichiro SAKAMOTO^{*7} Department of Mechanical Engineering, Kyushu University,
744 Motoooka, Nishi-ku, Fukuoka-shi, Fukuoka, 819-0395 Japan

Use of genetic algorithms as an effective tool for searching sets of Pareto-optimal solutions in the context of multi-objective optimization problems has attracted considerable attention in various engineering fields. This paper presents a topology optimization method of framed structures using a genetic algorithm and the generalized transfer stiffness coefficient method (GTSCM). The GTSCM is well suited for the computation of constraint and the objective function values since stress and vibration analysis can easily be conducted by simply providing the structural data corresponding to the genotype of the individual. Two-objective optimization problems that minimize the total weight and maximize the first natural frequency under the displacement and the stress constraint are formulated, and a genetic algorithm based on the ground structure approach is developed. The present algorithm fully utilizes the benefits of the GTSCM in order to efficiently improve computation. Effective methods of genetic operations for the optimization of topology problems are also proposed.

Key Words: Genetic Algorithm, Optimum Design, Framed Structure, Multi-Objective Optimization, Generalized Transfer Stiffness Coefficient Method

1. 結 言

遺伝的アルゴリズムは、進化的計算手続きに基づいて解空間の多数の点の中から最適解を同時探索することができる最適手法である。とくに最近では、複数の目的関数を同時に最適化する多目的最適化問題において、目的関数間のトレードオフを満足する最適解の集合（パレート最適解）を大域的に探索する解法として注目されており、Fonseca らの MOGA⁽¹⁾ や Deb らの NSGA-II⁽²⁾ など様々なアルゴリズムが開発されている。一般的な遺伝的アルゴリズムでは、多数の個体に対して選択・交叉・突然変異などの遺伝的操作が世代ごとに繰り返行われる。その際、各個体の優劣を評価す

るために制約条件を定める関数（制約関数）や目的関数を計算する必要がある。機械や構造物の最適化問題では、制約関数や目的関数として最大応力や固有振動数などが選ばれるが、それらの計算には有限要素法に基づくソルバーが広く利用されている。しかし、十分なパレート最適解を求めるためには、個体数や世代数を多く設定する必要があり、それに伴って遺伝的操作に関わる計算コストが爆発的に増大することになる。

ところで著者らの一部は、高性能な振動解析手法である伝達剛性係数法⁽³⁾の更なる適用対象の拡張を目指して、一般化伝達剛性係数法⁽⁴⁾を新たに開発した。一般化伝達剛性係数法では、伝達剛性係数法の計算過程にグラフ理論⁽⁵⁾を援用したことにより、一連の計算アルゴリズムがデータ駆動型となり、解析対象に応じて入力データを変更するだけで適用できる汎用的なプログラムを開発することができる。さらに、計算量および使用メモリ量がともに最小となる最適な縮約計算ルートを求めることで、伝達剛性係数法に匹敵した計算能率を実現でき、解析対象によっては通常の有限要素法の数百倍の高速化が可能となる⁽⁴⁾。このような特長から、上述の最適化問題に対しても、各個体の遺伝子

* 原稿受付 2007 年 10 月 15 日。

^{*1} 正員，九州大学大学院工学研究院(☎ 819-0395 福岡市西区元岡 744)。^{*2} 正員，フェロー，九州大学大学院工学研究院。^{*3} 正員，(株)キャンノン(☎ 146-8501 東京都大田区下丸子 3-30-2)。^{*4} 正員，全南大学校海洋警察学科(☎ 550-749 韓国全南麗水市屯徳洞山 96-1)。^{*5} 正員，九州職業能力開発大学校(☎ 802-0985 北九州市小倉南区志井 1665-1)。^{*6} 学生員，九州大学大学院工学府。
E-mail: yasu@mech.kyushu-u.ac.jp

情報から解析に必要な入力データを与えるだけで大自由度を有する構造物の静荷重解析や振動解析を能率的に実行することができるので、制約関数や目的関数の計算手法としてふさわしいものとなり得る。

そこで本報では、基本的な例題として2次元骨組構造物の位相最適化問題を対象として、遺伝的アルゴリズムの計算手続きに一般化伝達剛性係数法を利用した最適化手法を提案する。その際、生成される個体の多様性を保持しながらパレート最適解を効率的に求めるために、遺伝的操作に一般化伝達剛性係数法の特長を活かすとともに、位相最適化問題に対して有効な個体の選択方法を新たに提案する。最後に、具体的な数値計算結果を示し、本手法の有効性について検討する。

2. 位相最適化問題の定式化

本報では、骨組構造物の位相最適化問題の解法としてグランドストラクチャー法⁽⁶⁾を用いる。例として、図1に示すような $m \times n$ 平面グリッドのグランドストラクチャーを考える。図中の黒丸は設計領域内に設けた節点（以下、結合節点と呼ぶ）であり、結合節点間を連結する線分上には部材要素が存在できる。部材要素はすべて同じ断面積をもった一様断面直線はり（以下、一様はりと呼ぶ）であるものとし、隣接する結合節点間を連結するように配置している。一様はり同士の結合部はすべて剛結合とする。ただし、交差する斜張はり同士の交点は結合していないものとする。また、結合節点A、Bは基礎にピン支持されており、結合節点Cには鉛直方向に静荷重 W が作用するものとする。

ここでは、図1のグランドストラクチャーを対象として、構造質量 M の最小化と1次の固有振動数 f_1 の最大化を目的関数とする2目的最適化を行う。振動問題では面内縦・曲げ連成振動を解析対象とする。また、静荷重 W に対する静たわみおよび許容応力に関する制約条件を次式のように設定する。

$$\delta_{\max} \leq \delta_a, \quad \sigma_{\max} \leq \sigma_a, \quad \tau_{\max} \leq \tau_a \quad \dots\dots\dots(1)$$

ここに、 δ_a は静たわみの制限値、 σ_a は許容曲げ応力

Fig.1 Ground structure for cantilever

および τ_a は許容せん断応力である。各一様はりの共通の断面積は、式(1)の制約条件をすべて満足するように決定する。

いま、設計領域内に最大 q 本の部材要素が存在できるものとして、設計変数ベクトル $\mathbf{x}$ を次のように表す。

$$\mathbf{x} = \{x_1, x_2, \dots, x_q\}, \quad x_i = 0 \text{ or } 1 \quad \dots\dots\dots(2)$$

ここに、 x_i は i 番目部材要素の設計変数であり、 i 番目部材要素が存在する場合には $x_i = 1$ 、存在しない場合には $x_i = 0$ とする。このとき、最適化問題は次式のように定式化される。

$$\left. \begin{array}{l} \text{Find } \mathbf{x} \\ \text{to minimize } M(\mathbf{x}) \text{ and maximize } f_1(\mathbf{x}) \\ \text{subject to } \delta_{\max} \leq \delta_a, \sigma_{\max} \leq \sigma_a, \tau_{\max} \leq \tau_a \end{array} \right\} \quad (3)$$

3. 遺伝的アルゴリズムに基づく解法

本報では、式(3)の2目的最適化問題に対して遺伝的アルゴリズムを適用する。その際、得られる解の多様性を保持しながら効率的にパレート最適解を求めるために、遺伝的操作手順の中に一般化伝達剛性係数法の特長を活かすとともに、位相最適化問題に対して有効な個体の選択方法を新たに提案する。

3.1 一般化伝達剛性係数法の利用 遺伝的操作では、各個体に対して静荷重解析や自由振動解析を行って制約関数や目的関数を計算する必要がある。そこで、これらの計算手続きに一般化伝達剛性係数法を適用することによって計算量の大幅な低減化を図る。本節では、自由振動解析に適用する場合を例として、一般化伝達剛性係数法の計算手続きについて概説する。

3.1.1 コーディング・デコーディング 遺伝的アルゴリズムでは、設計変数ベクトル $\mathbf{x}$ を2進数で表された遺伝子列にコーディングすることにより個体群を生成する。式(2)の設計変数ベクトル $\mathbf{x}$ はすでに q bitの2進数で表されているので、設計変数ベクトル $\mathbf{x}$ をそのまま個体の遺伝子列とみなすことができる。ただし、以下の議論では、 i 個目の設計変数ベクトルとその遺伝子列をそれぞれ $\mathbf{x}_i$ および $\mathbf{g}_i$ で表し区別する。また、簡単のために i 個目の個体を個体 $\mathbf{x}_i$ と呼ぶ。

次に、各個体の制約関数や目的関数を計算する場合には、遺伝子型から表現型（骨組構造）にデコーディングする。そして、一般化伝達剛性係数法を適用するための入力データを作成する。一般化伝達剛性係数法では、隣接行列や次数（これらの具体的な意味については後述する）などのグラフを表現するパラメータを用いて解析対象の構造形態をデータ化する。この操作は、構造形態によらず規則的に行えるので、従来の伝達剛性係数法に比べて入力データの作成が容易であり、

遺伝的操作において多数の個体の入力データを作成する場合にも、すべて自動的に行うことができる。

3・1・2 自由振動解析の計算手続き⁽⁴⁾ 一般化伝達剛性係数法の自由振動解析アルゴリズムでは、デコーディングされた骨組構造を一様はりにごに分解し、さらに各一様はりを基本要素に等分割して集中系にモデル化する。その後、2段階の計算手続きによって振動数方程式を計算する。第1段階では、能率的な内部計算則により基本要素から一様はりを再構成する。その結果、計算精度を損なうことなく一様はりの内部節点の自由度をすべて消去することができる。第2段階では、再構成された一様はりから全系を再構成する過程で、グラフ理論を利用して振動数方程式を計算する。

いま、結合節点総数が n であるとき、それぞれの結合節点における動的な力の釣り合いから、振動数方程式は次式のように求められる。

$$\det Q = 0, \quad Q = {}^t Q = \begin{bmatrix} S_{11} & S_{12} & \cdots & S_{1n} \\ S_{21} & S_{22} & \ddots & \vdots \\ \vdots & \ddots & \ddots & \vdots \\ S_{n1} & \cdots & \cdots & S_{nn} \end{bmatrix} \quad \cdots (4)$$

ここに、 S_{ij} ($i, j=1, 2, \dots, n$) は動的剛性係数行列であり、いずれも固有角振動数 ω の関数となる。ただし、結合節点 i と j との間に一様はりが存在しないときは、 $S_{ij} = S_{ji} = 0$ である。

式(4)の $\det Q$ を計算するために、骨組構造物を重み付きシグナルフローグラフ G_n (以下、グラフ G_n と呼ぶ) で表現する。例として、図2に4節点モデルのグラフ G_4 を示す。グラフでは、構造物の結合節点 j を点 v_j で表し、点 v_i, v_j 間の接続関係を有向辺 e_{ij} で表す。辺 e_{ij} は点 v_i から出て点 v_j に入る辺であり、辺 e_{ji} は自己ループを表す。さらに、辺 e_{ij} には式(4)の動的剛性係数行列 S_{ij} を重みとして付加する。式(4)の行列 Q をグラフ G_n に対する重み行列と呼び、 $Q(G_n)$ で表す。

さらに、グラフ G_n 中の各点の接続関係について、隣接行列 $A(G_n)$ と次数 $\delta(v_j)$ を導入してそれぞれ次のように表す。

$$A(G_n) = \begin{bmatrix} A_{11} & A_{12} & \cdots & A_{1n} \\ A_{21} & A_{22} & \ddots & \vdots \\ \vdots & \ddots & \ddots & \vdots \\ A_{n1} & \cdots & \cdots & A_{nn} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \\ \vdots \\ v_n \end{bmatrix} \quad \cdots (5)$$

$$\delta(v_j) = \sum_{i=1}^n A_{ij} \quad \cdots (6)$$

ここに、 A_{ij} は点 v_i から出て点 v_j に入る辺の本数を表す。したがって、次数 $\delta(v_j)$ は点 v_j に入ってくる辺の本数を意味する。

次に、グラフの縮約計算を行う。いま、グラフ G_n

(a) Four nodes model

(b) Signal-flow graph G_4

Fig.2 Graph expression

に対して $m-1$ 回の縮約計算を行ったグラフ G_n^{m-1} が得られており、次にグラフ G_n^{m-1} から点 v_k を消去すること考える。まず、直列辺上の3点 v_i, v_j, v_k から中間点 v_k を消去すると、点 v_i, v_j 間の新しい辺 e_{ij} の重み行列は次式のように求められる。

$$S_{ij}^m = S_{ij}^{m-1} + S_{ik}^{m-1} V_{kj}^m, \quad V_{kj}^m = -(S_{kk}^{m-1})^{-1} S_{kj}^{m-1} \quad (7)$$

さらに、式(7)を利用して点 v_k を中間点とするすべての直列辺を消去することにより、グラフ G_n^{m-1} の隣接行列 $A(G_n^{m-1})$ および重み行列 $Q(G_n^{m-1})$ から点 v_k に関わる成分が縮約でき、その結果グラフ G_n^m が得られる。

上述の計算手続きを $m=1, \dots, n-1$ にかけて順次行うことにより、最終的に一つの点とその自己ループのみの孤立点グラフ G_n^{n-1} が得られる。このとき、式(7)の計算に必要な計算量や使用メモリ量を最小限に抑えるために、以下の手順に従って縮約する点の順序(縮約計算ルート)を最適に選ぶことができる。

- (1) 各点の次数を比較して、次数の小さい点から先に消去する。
- (2) 最小次数を持つ点が多数個存在する場合には、それらの中で隣接点同士の接続数が多い点から先に消去する。

以上の結果から、孤立点グラフ G_n^{n-1} にある自己ループの重みを S_{kk}^{n-1} とすると、振動数方程式は次式により求めることができる。

$$\det Q = \left(\prod_{m=1}^{n-1} \det S_{kk}^{m-1} \right) \cdot \det S_{kk}^{n-1} = 0 \quad \cdots (8)$$

3・1・3 不適切な個体の判別

位相最適化問題では、部材要素の有無によって不適切な構造をもった個体(以下、不適切な個体と呼ぶ)が生成されやすい。ここで不適切な個体とは、問題の設定条件を満足できない構造や明らかに不必要な構造をもった個体を指す。式(3)の問題では、個体 x_i が次のような構造を有する場合を不適切な個体とみなす。

- (a) 結合節点 A, B, C に結合する部材要素が存在しない場合。
- (b) 部材要素の両端が他の部材要素と結合していない場合。

(c) 設計空間内で構造が 2 個以上に分離している場合.

個体が上記のいずれかに該当する場合, その個体に対しては制約関数や目的関数の計算が省略できるので, 計算効率の向上のために不適切な個体をすべて判別することは重要である. 一般化伝達剛性係数法では, グラフ表現やその縮約計算結果を利用することによって不適切な個体を次のように判別することができる.

まず, 縮約前の初期のグラフにおいて結合節点 A, B, C に相当する点の次数がいずれか一つでも零である場合には, その個体は上記(a)の不適切な構造を有する. 同じく, 縮約前の初期のグラフにおいて次数が 2 の点が存在する場合には, その個体は上記(b)の不適切な構造を有する. さらに, グラフの縮約計算過程において 2 個以上の孤立点が現れる場合には, その個体は上記(c)の不適切な構造を有する. このように, 一般化伝達剛性係数法を利用すれば, 不適切な個体を容易に判別することができる. なお, この判別は最適縮約計算ルートを求める計算手続きと同時に進行することができる.

個体 $\mathbf{x}_i$ が上述の意味で適切な個体である場合には, 静荷重解析を行って制約条件を満足するように一様はりの最小断面積を決定する. そして, 個体の構造質量 $M(\mathbf{x}_i)$ を求める. 次に, 自由振動解析を行って 1 次の固有振動数 $f_1(\mathbf{x}_i)$ を求める.

3.2 個体の評価基準 遺伝的操作では, 何かしらの評価基準に基づいて個体の優劣を評価して, 次世代候補となる個体群を選択する. その際, 得られる解の多様性を維持するためにシェアリング法⁽⁷⁾が導入されている. シェアリング法では, 目的関数空間において個体間の距離を測定し, 孤立した個体の選択確率を意図的に高くするような操作が行われる. しかし, 本報の位相最適化問題では, 目的関数の値を持たない不適切な個体が多く発生するため, この方法をそのまま適用することは難しい. そこで本手法では, 位相最適化問題に対して適切に個体の選択を行うために, 次のような 3 種類の評価基準を導入する.

3.2.1 ランクに基づく適応度⁽¹⁾ 2 つの個体 $\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j$ ($i \neq j$) のそれぞれの目的関数を比較したとき,

$$M(\mathbf{x}_i) \geq M(\mathbf{x}_j) \wedge f_1(\mathbf{x}_i) \leq f_1(\mathbf{x}_j) \quad \cdots \cdots (9)$$

であれば, 個体 $\mathbf{x}_i$ は個体 $\mathbf{x}_j$ の劣解であるという. さらに, 個体 $\mathbf{x}_i$ が他のすべての個体と比較して p_i 個の個体の劣解であったとする. このとき, 個体 $\mathbf{x}_i$ の優劣を評価するためにランクと呼ばれる関数 $R(\mathbf{x}_i)$ を導入して, 次式のように表す.

$$R(\mathbf{x}_i) = 1 + p_i \quad \cdots \cdots (10)$$

求めるべきパレート最適解のランクは 1 であるので, ランクが高い (すなわち, $R(\mathbf{x}_i)$ の値が小さい) ほど

	1	2	3	...	q				
g_i	1	0	1	1	0	...	0	0	1
g_j	1	1	0	1	0	...	1	0	0
	↓	↓	↓	↓			↓	↓	↓
λ	1	0	0	1	1	...	0	1	0

Fig.3 Comparison of genotypes

選択確率が高くなるように, 個体の適応度 $F(\mathbf{x}_i)$ を次式のように定義する.

$$F(\mathbf{x}_i) = \frac{1}{R(\mathbf{x}_i)} \quad \cdots \cdots (11)$$

なお, 個体 $\mathbf{x}_i$ が不適切な個体であった場合には, その個体を選択される確率を低くするために, ランクを最下位の $R(\mathbf{x}_i) = N$ (N は個体数) に設定する.

3.2.2 類似度 次に, 個体同士の類似性を評価する基準として, 類似度を表す関数 $S(g_i, g_j)$ を導入する. いま, 図 3 に示すように, 2 つの個体 $\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j$ ($i \neq j$) の遺伝子列 g_i, g_j を比較するために, それぞれの k 番目の部材に関する遺伝子 g_{ik}, g_{jk} について次式のような関数 $\lambda(g_{ik}, g_{jk})$ を考える.

$$\lambda(g_{ik}, g_{jk}) = \begin{cases} 1 & \text{if } g_{ik} = g_{jk} \\ 0 & \text{if } g_{ik} \neq g_{jk} \end{cases} \quad \cdots \cdots (12)$$

このとき, 個体 $\mathbf{x}_i$ と個体 $\mathbf{x}_j$ との位相に関する類似度 $S(g_i, g_j)$ を次式のように定義する.

$$S(g_i, g_j) = \sum_{k=1}^q \lambda(g_{ik}, g_{jk}) / q \quad \cdots \cdots (13)$$

上式より, 個体 $\mathbf{x}_i$ と個体 $\mathbf{x}_j$ の位相が完全に一致する場合には $S(g_i, g_j) = 1$ となる.

3.2.3 混雑度 位相空間における個体 $\mathbf{x}_i$ まわりの個体の分布の程度を評価する基準として, 混雑度を表す関数 $D(\mathbf{x}_i)$ を導入する. いま, 個体 $\mathbf{x}_i$ と個体 $\mathbf{x}_j$ に関する類似度 $S(g_i, g_j)$ が大きいとき, 個体 $\mathbf{x}_i$ は位相空間において個体 $\mathbf{x}_j$ の近傍に存在することを意味する. このことから, 個体 $\mathbf{x}_i$ の位相空間における混雑度 $D(\mathbf{x}_i)$ を次式のように定義する.

$$D(\mathbf{x}_i) = \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N S(g_i, g_j) \quad \cdots \cdots (14)$$

3.3 個体の選択方法 遺伝的操作では, 新しい個体群を生成するために現世代個体群の中から次世代候補の個体を選択し, さらに選択された個体の中から交叉を行うための親個体のペアを決定する. 本手法では, 解の多様性と収束性を考慮して, 3.2 節で述べた評価基準を利用した 3 種類の選択方法を適用する.

3.3.1 選択法 I 選択法 I では, パレート最適解の近傍にある個体の中で, 類似した位相をもつ個体同士が親個体となりやすいように個体の選択を行う. この操作によって, 不適切な個体が生成されにくくなり, 解の収束性が向上することが期待できる.

Fig.4 Selection method I and II

まず、図 4 に示すように、適応度に基づくルーレット選択により現世代個体群の中から $N/2$ 個の個体（以下、親個体 1 と呼ぶ）を選択する。いま、個体 x_i の適応度が $F(x_i)$ であるとき、個体 x_i が選択される確率 $p(x_i)$ を次式のように表す。

$$p(x_i) = \frac{F(x_i)}{\bar{F}}, \quad \bar{F} = \sum_{j=1}^N F(x_j) \quad \dots\dots\dots (15)$$

また、累積確率 $\hat{p}_i$ は次式のように表される。

$$\hat{p}_i = \sum_{j=1}^i p(x_j) = \frac{1}{\bar{F}} \sum_{j=1}^i F(x_j) \quad \dots\dots\dots (16)$$

式(16)から N 個の個体すべての累積確率 $\hat{p}_i$ を求めておき、ルーレット選択を行う。ルーレット選択では、乱数 r ($0 \leq r \leq 1$) を発生させたとき、 $\hat{p}_{i-1} < r < \hat{p}_i$ が満足する場合には個体 x_i を親個体 1 として選択する。同様の手順で $N/2$ 個の親個体 1 を選択する。

次に、 $N/2$ 個の親個体 1 ごとにペアとなる個体（以下、親個体 2 と呼ぶ）を類似度に基づくルーレット選択によって決定する。いま、個体 x_i が親個体 1 であり、個体 x_i とその他の現世代の個体 x_j ($j=1, 2, \dots, N$ ただし $j \neq i$) との間の類似度 $S(g_i, g_j)$ が求められているとする。このとき、個体 x_j が個体 x_i のペアとなる親個体 2 として選択される確率 $p(x_j)$ を次式のように表す。

$$p(x_j) = \frac{S(g_i, g_j)}{\bar{S}}, \quad \bar{S} = \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N S(g_i, g_j) \quad \dots\dots\dots (17)$$

また、累積確率 $\hat{p}_j$ は次式のように表される。

$$\hat{p}_j = \sum_{k=1}^j p(x_k) = \frac{1}{\bar{S}} \sum_{k=1}^j S(g_i, g_k) \quad \dots\dots\dots (18)$$

式(18)から N 個の個体すべての累積確率 $\hat{p}_j$ を求めておき、ルーレット選択を行って個体 x_i のペアとなる親個体 2 を選択する。同様の手順で、すべての親個体 1 のペアとなる親個体 2 を選択することにより $N/2$ 組の親個体が決定する。ただし、個体 x_i と個体 x_j の遺伝子が 2 箇所以上異なっていない場合、すなわち類似度

が $S(g_i, g_j) > (q-2)/q$ である場合には、個体 x_i と個体 x_j を親個体として交叉を行っても生成される子個体は親個体と全く同じ遺伝子列になる。そこで、このような個体 x_j に対しては類似度を $S(g_i, g_j) = 0$ とおき、個体 x_i のペアとなる個体として選択されないようにする。

3.3.2 選択法 II 選択法 II では、位相空間において個体数が疎な領域にある個体が優先して選ばれるように個体の選択を行う。この操作によって、局所的な解に陥ることなく広い範囲で解を探索することができ、多様性をもった解を得ることが期待できる。

まず、図 4 に示すように、現世代の個体群のすべての個体に対して混雑度を求める。そして、混雑度の小さい個体から順に $N/2$ 個の親個体 1 を選択する。次に、選択法 I と同様にして、選ばれた $N/2$ 個の親個体 1 ごとに類似度に基づくルーレット選択によってペアとなる親個体 2 を選択し、 $N/2$ 組の親個体を決定する。

3.3.3 選択法 III 選択法 III では、選択法 I と選択法 II とを一代毎に交互に切り替えながら適用して親個体の選択を行う。この操作により、選択法 I のもつ解の収束の速さと選択法 II のもつ解の多様性とを同時に実現することが期待できる。

3.4 その他の遺伝的操作 本手法では、選ばれた $N/2$ 組の親個体に対して一定の交叉率で一点交叉を行う。3.3.1 項で述べたように、親個体同士の遺伝子列は最低 2 箇所以上の遺伝子が異なっている。そこで、遺伝子列の両側から $\lambda=0$ となる遺伝子を 1 個ずつ探索して、その遺伝子に挟まれた領域を対象として交叉点をランダムに設定する。これにより、親個体とは異なる遺伝子列をもった子個体を生成することができる。

また、選択と交叉によって生成された新しい個体群に対して突然変異の操作を行う。さらに、エリート保存戦略を適用して、現世代までに求められたエリート個体（ランクが 1 の個体）と次世代候補の中で適応度が低いものと入れ替えを行う。

3.5 遺伝的操作手順のまとめ 以上の遺伝的操作手順をまとめると次の通りである。

Step 1 N 個の初期個体をランダムに生成する。

Step 2 一般化伝達剛性係数法を適用して各個体の目的関数を計算してランクを決定する。同時に、不適切な個体を判別するとともに、エリート個体を保存する。

Step 3 3.3 節で述べた 3 種類の選択方法のいずれかによって個体の選択を行い、さらに交叉および突然変異を行って新たな個体群を生成する。

Step 4 新たな個体群の目的関数を計算してランクを決定する。そして、エリート保存戦略によって個体の入れ替えを行い、次世代個体群を決定する。この時点

で最終世代であれば計算を終了する。そうでなければ、エリート個体を保存して、Step 3へ戻る。

4. 数値計算結果および考察

図 1 のグランドストラクチャーを対象として、具体的な最適化計算を行った。解析にあたり、系内の一様はりはすべて鋼製の中空丸軸（内径と外径の比は 0.8）とし、各一様はり是一本あたり 16 個の基本要素に等分割した。結合節点 A, B は、 $k=10^{15}$ N/m のせん断ばね要素によってピン支持し、結合節点 C には $W=25$ kN の静荷重が鉛直方向に作用するものとした。制約条件は、建築基準法に基づいて、静たわみの制限値 $\delta_a=L/250$ m, 許容曲げ応力 $\sigma_a=217$ N/m², 許容せん断応力 $\tau_a=125$ N/m² とした⁽⁸⁾。遺伝的操作に関するパラメータは、個体数を 200, 世代数を 1000, 交叉確率を 0.8, 突然変異確率を 0.02 に設定した。

本報では、遺伝的操作において選択法 I を適用する方法を GA-I, 選択法 II を適用する方法を GA-II, 選択法 III を適用する方法を GA-III と呼び、それぞれの計算性能について比較を行う。本章の数値計算には 32bit PC を利用して Fortran 90 により倍精度計算を行った。

4.1 計算例 1 まず、Model 1 として $1 \times n$ 平面グリッド ($n=3, 4, 5$, $L=n \times 1.0$ m, $H=1.0$ m) を対象として、各手法によりパレート最適解を求めた。

4.1.1 目的関数の計算時間 一般化伝達剛性係数法 (GTSCM) と有限要素法 (FEM) との間で、個体一つあたりの目的関数の計算に要する時間を比較した。使用した FEM は既報⁽⁴⁾ で用いたものと同様であり、スパースな大次元行列式の計算にスカイライン法を用いて高能率化を図るなど、計算量と使用メモリ量に対して可能な限り GTSCM と同程度の低減化処理を施した。

表 1 は、Model 1 の設計領域にすべての部材要素が存在する場合を対象として、両手法における振動数方程式の関数部 ($\det Q$) の計算に要する計算時間を比較した結果である。表 1 では GTSCM の $n=3$ の結果を基準値として比をとった値を示しており、表中の括弧内の数値は総自由度数を表す。なお、両手法の計算結果は有効桁数内で完全に一致しており、計算精度に関して差異はなかった。

表 1 の結果では、計算時間が GTSCM, FEM ともにほぼ線形的に増加しており、両手法の較差は n の増加

とともに拡大している。例えば、 $n=5$ では FEM の計算時間は GTSCM の 756 倍にもなり、GTSCM が非常に高速であることがわかる。GTSCM では一様はりの内部自由度を能率的に消去するとともに、同一の一様はりに対する計算は一本分の計算結果を再利用している。これにより、一様はりに対する内部自由度の消去計算を一切行っていない FEM に比べると計算量が大幅に低減している。このように、GTSCM を利用して個体の目的関数の計算に対して最大限の効率化を図ることによって、個体数や世代数を多く設定することが可能となり、パレート最適解の探索を効果的に行うことができる。なお、本論文の計算例では FEM を利用することは事実上困難であるため、制約関数や目的関数の計算にはすべて GTSCM を利用した。

4.1.2 パレート最適解の計算結果 次に、各手法を利用して Model 1 のパレート最適解を求めた。計算にあたり、各手法に対して乱数を用いて異なる種類の初期個体を与えてそれぞれ 10 回ずつ試行計算を行った。そして、手法ごとに得られたすべてのパレート最適解を比較して最良のパレート最適解を求めた。また、比較のために、個体の候補すべてを探索する総当り法 (All possible combinations: APC) によりパレート最適解の正解を求めた。

各手法で求められたパレート最適解を比較したところ、すべての結果で同じパレート最適解が得られた。パレート最適解の個数は、それぞれ $n=3$ では 13 個、 $n=4$ では 14 個、 $n=5$ では 10 個となった。図 5 は、得られたパレート最適解を目的関数空間にプロットした結果である。また、図 5 中に示した点 a~f のパレート最適解における目的関数の値と位相形状を図 6 に示す。ここに、図 6 中の破線は自由振動解析により求められた固有モードである。これらの結果は、総当り法によって求められた結果とも一致しており、すべてのパレート最適解が求められていることを確認した。

次に、表 2 は各手法において 1 回の試行計算に要する時間の平均値を総当り法の計算時間と比較した結果である。表 2 中では総当り法の $n=3$ の結果を基準値として比をとった値を示している。総当り法では、 n が小さい場合には能率的な計算が行えるが、 n が大きくなると探索する個体数が急速に増えるので計算時間が大幅に増大している。一方、遺伝的アルゴリズムを利用した手法では、世代数と個体数が一定であれば、一個体あたりの計算量が自由度の増加に応じて増えるだけなので、一般化伝達剛性係数法を利用すれば計算量の増加率は小さくて済む。また、不適切な個体に対して目的関数の計算を行わないので、生成される個体の

Table 1 Comparison of CPU time ratio

n (DOF)	3 (744)	4 (975)	5 (1206)
GTSCM	1.00	1.29	1.58
FEM	711	950	1194

Fig. 5 Pareto-optimal solutions of Model 1

Fig. 6 Optimum structures and these objective function values (Model 1)

n	3	4	5
GA-I	12	27	29
GA-II	20	17	14
GA-III	19	33	37
APC	1	31	894

種類に依存して計算量が変化する。GA-II の結果では、 n の増加とともに計算時間が減少しているが、これは不適切な個体が生成された割合が高くなったためであると考えられる。この結果より、GA-I, GA-II, GA-III の各手法では、計算時間だけを比べると大きな差異が無いことがわかる。

次に、各手法において世代毎に得られたパレート最適解の個数の推移を図 7 に示す。図 7 中の実線は、10 回の試行計算で得られたパレート最適解の個数の平均値を表している。また、100 世代ごとにすべての正解が求められた試行計算の回数を調べ、その回数が 10 回である場合は◎印、9 回である場合は○印、5～8 回である場合は△印、4 回以下の場合には×印を実線の上に示している。

(a) $n = 3$ (b) $n = 4$ (c) $n = 5$

Fig. 7 Average number of Pareto-optimal solution

GA-I の場合では、いずれの結果も 400 世代までに 10 回の試行計算ですべて正解が求められており、解の収束性が良いことがわかる。一方、GA-II の場合では、GA-I に比べると解の収束性が非常に悪く、 $n=4,5$ の場合では 1000 世代目までに十分に正解が求められていない。GA-II で用いた選択法 II では、位相空間において個体数が疎な領域にある個体を優先して選択するために、劣解や不適切な個体を選択しやすいと考えられる。しかし、選択法 I よりも広い範囲で個体を探索できるので生成される個体には多様性があり、 $n=3$

の結果のように GA-I よりも解の収束が良くなることもある。これらに対して GA-III の場合は、GA-I や GA-II に比べて最も解の収束性が良く、いずれの結果も 200 世代目までに 10 回の試行計算ですべて正解が求められている。GA-III では、解の収束性が良好な選択法 I に加えて、解の多様性に優れた選択法 II を交互に利用することで、局所解に陥ることなく効果的にパレート最適解を求めることができたと考えられる。

4.2 計算例 2 最後に、Model 2 として 2×4 平面グリッド ($L = 4.0 \text{ m}$, $H = 2.0 \text{ m}$) を対象としてパレート最適解を求めた。設計条件については Model 1 と同様であり、各手法に対して乱数を用いて異なる種類の初期個体を与えてそれぞれ 5 回ずつ計算を行った。そして、手法ごとに得られたすべてのパレート最適解を比較して最良のパレート最適解を求めた。

図 8 は、各手法で得られたパレート最適解を目的関数空間にプロットした結果である。また、図 8 中に示した点 a ~ d のパレート最適解における位相形状および目的関数の値を図 9 に示す。1000 世代目までに得られたパレート最適解の個数は、それぞれ GA-I では 38 個、GA-II では 11 個、GA-III では 40 個であった。GA-I では、解の収束性が良く、比較的早い世代数では

とんどのパレート最適解が求められたが、図 9(b), (c) に示した 2 個のパレート最適解は求められなかった。一方 GA-II では、やはり解の収束性が非常に悪いものの、GA-I では求められなかった 2 個のパレート最適解については求めることができた。これらに対して GA-III では、1000 世代目までに GA-I と GA-II で得られたすべてのパレート最適解を求めることができた。この結果からも、GA-III が解の収束性と多様性の両面で優れた手法であることが確認できた。

5. 結 言

遺伝的アルゴリズムによる 2 次元骨組構造物の位相最適化問題に一般化伝達剛性係数法を利用することを試みた。一般化伝達剛性係数法は、優れた計算性能と汎用性とを兼ね備えた手法であり、制約関数や目的関数の計算のために静的および動的解析を繰り返す行い必要のある最適設計問題に対して非常に有効な手法であることがわかった。さらに、位相最適化問題に対する遺伝的操作方法として、個体の選択を行う際の評価基準に適応度、類似度および混雑度を導入した 3 種類の遺伝的操作方法を提案し、具体的な数値計算結果に基づいてそれぞれの有効性について検証した。その結果、提案した手法の中では GA-III が最も良好であり、解の多様性を保持しながら効率良くパレート最適解を求めることができることがわかった。

文 献

- (1) Fonseca, C. M. and Fleming, P. J., Genetic Algorithms for Multiobjective Optimization: Formulation, Discussion and Generalization, *Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms*, (1993), pp.416-423.
- (2) Deb, K. et al., A Fast and Elitist Multi-Objective Genetic Algorithm: NSGA-II, *KanGAL Report 200001, Indian Institute of Technology*, (2000).
- (3) Kondou, T. et al., Transfer Stiffness Coefficient Method Combined with Concept of Substructure Synthesis Method (Linear Free and Forced Vibration Analyses of a Straight-Line Beam Structure), *JSME International Journal, Series C*, Vol.40, No.2 (1997), pp.187-196.
- (4) Bonkobara, Y. et al., Vibration Analysis of a Framework Structure by Generalized Transfer Stiffness Coefficient Method, *Journal of System Design and Dynamics*, Vol.1, No.1 (2007), pp.73-84.
- (5) Wilson, R. J. and Watkins, J. J., *Graphs: An Introductory Approach*, New York, John Wiley & Sons Inc, (1990).
- (6) Miyoshi, K. et al., *Development of Structural Forms and Systems by Using Heuristic Optimization Method*, Corona-sha, (2004), pp. 32-39, (in Japanese).
- (7) Deb, K. and Goldberg, D. E., An Investigation of Niche and Species Formation in Genetic Function Optimization, *Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms*, (1989), pp.42-50.
- (8) Ueda, K., et al., *Structural Mechanics*, Ohm-sha, (2002), pp.102-109, (in Japanese).

Fig.8 Pareto-optimal solutions of Model 2

Fig.9 Optimum structures and these objective function values (Model 2)