

آموزش کاهش تأثیر پارامترهای الگوریتم ژنتیک در بهینه‌یابی

سطح مقطع و توپولوژی سازه‌های خرپایی توسط

روش جستجوی چند منظوره

وحید رضا کلات جاری^۱ و محمد حسین طالب پور^۲

چکیده: روش بهینه‌یابی براساس الگوریتم ژنتیک (GA) از جمله روش‌های مفید بهینه‌یابی است؛ اما کندی این فرایند بهینه‌یابی از طریق GA جهت نیل به نقطه بهینه و عدم شناخت دقیق پارامترها و روابط حاکم بر GA، از قبیل تعداد نسل‌ها، نرخ پیوند، نرخ جهش، چگونگی فرایند انتخاب و ... سبب می‌شود تا در برخی موارد GA بهینه محلی را بیابد و در آن متوقف شود. در این مقاله سعی شده است تا با ارائه روشی نوین، بهینه‌یابی سطح مقطع و توپولوژی خرپاها به نحوی انجام شود که مشکلات فوق‌الذکر تا حد امکان برطرف شود. به این منظور یک سیستم کامل با زیر بخش‌های متفاوت تحت عنوان جزیره، عمل جستجو در فضای طراحی را به عهده می‌گیرد. در هر جزیره عملگرها و پارامترهای متفاوت، به طور جداگانه به کار گرفته می‌شود. در ادامه پس از طی چند نسل مشخص، براساس نرخ مهاجرت، بهترین کروموزوم‌های هر جزیره به طور تناوبی به جزیره دیگر منتقل شده و جایگزین کروموزوم‌های ضعیف می‌شود. سپس بر اساس روش‌های پیشنهادی مطروحه، فرایند GA براساس نتایج و روش‌های مناسب دنبال می‌شود تا بهینه عمومی با کمترین وابستگی به پارامترهای GA حاصل شود. در خاتمه با طرح و ارائه چند مثال مطرح، نتایج، مورد بررسی قرار گرفته است.

کلمات کلیدی: بهینه‌یابی، الگوریتم ژنتیک، سازه‌های خرپایی، توپولوژی، روش جستجوی چندمنظوره

۱- مقدمه

برخوردار است. در مهندسی سازه، وظیفه سیستم‌های سازه تحمل بارهای مؤثر و معمولاً انتقال نیرو به تکیه‌گاه‌ها است. این سیستم‌ها، علاوه بر آن که باید ایمن و کارآ باشند، در عین حال بایستی از کمترین هزینه و به نوعی از کمترین مصرف مصالح برخوردار باشند. در این راستا طرح بهینه سازه‌های اسکلتی هم‌چون خرپاها به چهار دسته عمده تقسیم می‌شود:

- بهینه‌یابی مقطع که در برگزیده تعیین سطح مقطع بهینه اعضا می‌باشد.
- بهینه‌یابی شکل یا هندسه که در آن مختصات بهینه گرهی به ازای نحوه قرارگیری مفروض اعضا تعیین می‌شود.
- بهینه‌یابی توپولوژی که مشتمل بر تعیین بهترین آرایش اعضا در فضای مفروض مختصات گرهی است.
- بهینه‌یابی پیکربندی که در برگزیده سه مورد قبل به صورت توأم می‌باشد.

ایده اصلی الگوریتم‌های تکاملی در سال ۱۹۶۰ توسط ریچنبرگ مطرح شد که تحقیق وی در مورد استراتژی‌های تکاملی^۱ بود [۱]. بعدها نظریه وی توسط محققان زیادی مورد بررسی قرار گرفت تا منجر به طرح الگوریتم ژنتیک شد. الگوریتم‌های ژنتیک در حقیقت، روش جستجوی کامپیوتری بر پایه الگوریتم‌های بهینه‌سازی و بر اساس ساختار ژن^۲ها و کروموزوم^۳ها است که توسط جان هولند در سال ۱۹۷۵ در دانشگاه میشیگان مطرح شد و پس از وی توسط جمعی از دانشجویانش مثل گلدبرگ و آن آرپور توسعه یافت [۲]. این الگوریتم امروزه به دلیل کاربرد فراوان، از جایگاه ویژه‌ای در میان روش‌های بهینه‌سازی

تاریخ دریافت مقاله ۸۸/۶/۱ تاریخ تصویب نهایی ۸۸/۶/۲۳

^۱ استادیار، دانشکده عمران و معماری، دانشگاه صنعتی شاهرود
^۲ دانشجوی دکترا سازه، دانشکده عمران و معماری، دانشگاه صنعتی شاهرود، (نویسنده مسئول)، پست الکترونیکی:

hosein_7855@yahoo.com

با سازه ناپایدار در جمعیت اولیه کاهش و نتایج توپولوژی بهینه بهبود چشمگیر یابد. اما تعیین مقدار مناسب برای آن (همانند سایر پارامترهای دخیل در GA) مستلزم طی مراحل سعی و خطا است و عملیات GA را از آنچه که هست حجیم تر می‌کند [۱۸].

۲- فرمول‌بندی مسأله بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی

خرپاها براساس GA

فرمول‌بندی مسأله بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی سازه‌های خرپایی براساس الگوریتم ژنتیک به شرح زیر تعریف می‌شود:

بردار سطح مقطع اعضا [A]، به نحوی تعیین شود که تابع هدف وزن F(A) کمینه شود:

$$F(A) = \sum_{i=1}^{Ne} (\rho_i \ell_i a_i) \quad (1)$$

$$[A] = [a_1, a_2, \dots, a_{Nos}]^T; a_i \in S; i = 1, \dots, Nos \quad (2)$$

معمولاً جهت کمینه سازی تابع F(A) قیود زیر در نظر گرفته می‌شود:

$$G1 = \text{خرپا از نظر هندسی پایدار باشد}$$

(۳)

$$G2 = \begin{cases} g_{i2}(A) = 0 & \text{if } \frac{\sigma_{iT}}{\sigma_{all(Ten)}} - 1 \leq 0; i = 1, \dots, Net \\ g_{i2}(A) = \frac{\sigma_{iT}}{\sigma_{all(Ten)}} - 1 & \text{if } \frac{\sigma_{iT}}{\sigma_{all(Ten)}} - 1 > 0; i = 1, \dots, Net \end{cases}$$

(۴)

$$G3 = \begin{cases} g_{i3}(A) = 0 & \text{if } \left| \frac{\sigma_{iC}}{\sigma_{all(Com)}} \right| - 1 \leq 0; i = 1, \dots, Nec \\ g_{i3}(A) = \left| \frac{\sigma_{iC}}{\sigma_{all(Com)}} \right| - 1 & \text{if } \left| \frac{\sigma_{iC}}{\sigma_{all(Com)}} \right| - 1 > 0; i = 1, \dots, Nec \end{cases}$$

(۵)

$$G4 = \begin{cases} g_{i4}(A) = 0 & \text{if } \left| \frac{\Delta_i}{\Delta_{all}} \right| - 1 \leq 0; i = 1, \dots, N dof \\ g_{i4}(A) = \left| \frac{\Delta_i}{\Delta_{all}} \right| - 1 & \text{if } \left| \frac{\Delta_i}{\Delta_{all}} \right| - 1 > 0; i = 1, \dots, N dof \end{cases}$$

در روابط (۱) و (۲)

Ne: تعداد اعضای خرپا است.

 ρ_i : جرم مخصوص مصالح هر عضو از خرپا است که در

اغلب اوقات برای تمامی اعضا یکسان فرض می‌شود.

 ℓ_i : طول هر عضو از خرپا است.

در بهینه‌یابی مقطع، طرح بهینه به ازای کمترین مقدار سطح مقطع با مختصات ثابت گرهی (هندسه ثابت) و همبندی ثابت اعضا (توپولوژی ثابت) انجام می‌پذیرد [۳]. معمولاً در مسائل کاربردی مهندسی از مقاطع استاندارد موجود در بازار استفاده می‌شود. در این راستا بهینه‌یابی مقاطع منفصل، با اتخاذ اعضا از لیست پروفیل‌های موجود، توسعه و گسترش یافت [۵ و ۴].

در بهینه‌یابی شکل یا هندسه، مختصات گرهی خرپا جهت طراحی بهینه بررسی می‌شود [۶]. این مهم در اغلب مقالات الگوریتم ژنتیک، به صورت توأم با سطح مقطع بهینه مورد بررسی قرار می‌گیرد. به عبارت دیگر در این گونه مسائل، هدف یافتن طرح بهینه سطح مقطع اعضا به همراه مختصات گرهی بهینه است.

در بهینه‌یابی توپولوژی، همبندی بهینه اعضا تعیین می‌گردد [۷ و ۸]. بهینه‌یابی توپولوژی، امروزه در اکثر مقالات علمی، هم‌زمان با بهینه‌یابی سطح مقطع انجام می‌گیرد. این مطلب با فرض ثابت بودن هندسه سازه انجام می‌پذیرد.

در این مقاله، با کمک روش‌های الگوریتم ژنتیک، شیوه نوینی جهت بهینه‌یابی توپولوژی و سطح مقطع سازه‌های خرپایی ارائه شده است. روش‌های کلاسیک، برای این منظور، نیازمند ریاضیات خاصی می‌باشند؛ اما این مهم از طریق الگوریتم‌های ژنتیک به راحتی قابل دست‌یابی است. اشخاصی چون گریسون و همکاران؛ حاجلا و همکاران؛ راجان؛ اوزاکی؛ راجیو و کریشنامورتی؛ وازکوئز؛ چای و همکاران؛ کاوه و همکاران؛ تانگ و همکاران؛ سیسوک و همکاران؛ رحامی و همکاران و ... این مطلب را با کمک روش‌های پیشنهادی خود در زمینه GA، جهت بهینه‌یابی توپولوژی و سطح مقطع سازه‌های خرپایی به اثبات رسانیده‌اند [۹-۲۲].

عموماً در بهینه‌یابی توپولوژیکی خرپاها، حضور یا عدم حضور اعضا به صورت متغیرهای بولی در نظر گرفته می‌شود. برخی از مقالات با افزودن سطح مقطع صفر به لیست مقاطع و حذف متغیر توپولوژیکی، عدم حضور عضو را در قالب صفر شدن سطح مقطع تعریف می‌نمایند. از روش‌های توپولوژیکی رایج دیگر، اختصاص احتمال حضور اعضا P_e به بیت‌های بولی توپولوژیکی می‌باشد. اختصاص مقدار مناسب به P_e سبب می‌شود که کروموزوم‌های معادل

یک سازه پایدار است که کلیه اعضای قطر اصلی ماتریس سختی تجزیه شده (در روش چولسکی) آن مثبت و مخالف صفر باشند. به این ترتیب می‌توان همواره در عملیات تحلیل ماتریسی سازه، قبل از محاسبه تغییر مکان گره‌های سازه و تنش اعضای خرپا، ماتریس سختی سازه را کنترل نمود. اگر یکی از داریه‌های قطر اصلی ماتریس سختی تجزیه شده منفی و یا برابر صفر باشد، عملیات ماتریسی متوقف و کروموزوم مربوطه به سبب ناپایداری به شدت جریمه می‌شود.

قید G3, G2: در یک خرپا با توپولوژی بهینه، می‌بایست در تمامی اعضا تنش ناشی از ترکیبات بارگذاری در محدوده مجاز و قابل قبول قرار داشته باشد. این مقدار مجاز براساس جنس مصالح اعضای خرپا تعیین می‌شود. بنابراین در روند بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی از طریق GA، پس از کنترل پایداری سازه، تنش تک تک اعضای خرپا محاسبه می‌شود. در صورت نقض قیود بر اساس روابط (۳) و (۴) جریمه‌ای به کروموزوم مربوطه اعمال می‌شود. باید توجه داشت که رابطه (۳) مقدار نقض قیود ناشی از تنش کششی اعضای خرپا و رابطه (۴) مقدار نقض قیود ناشی از مقدار تنش فشاری اعضای سازه را محاسبه می‌نماید. پارامترهای روابط (۳) و (۴) به شرح ذیل تعریف می‌شود:

$g_{i2}(A)$: میزان نقض قید تنش کششی اعضای خرپا

σ_{iT} : تنش کششی عضو i ام

$\sigma_{all(Ten)}$: تنش مجاز کششی

Net : تعداد اعضای کششی خرپا به ازای توپولوژی موجود

$g_{i3}(A)$: میزان نقض قید تنش فشاری اعضای خرپا

σ_{iC} : تنش فشاری عضو i ام

$\sigma_{all(Com)}$: تنش مجاز فشاری

Nec : تعداد اعضای فشاری خرپا به ازای توپولوژی موجود

قید G4: پس از تحلیل خرپای پایدار و محاسبه مقادیر تنش، میزان تغییر مکان گره‌های فعال سازه محاسبه می‌شود. در صورتی که تغییر مکان درجه آزادی i ام، در محدوده مجاز باشد، جریمه‌ای به رشته مورد نظر تعلق نمی‌گیرد؛ اما در غیر این صورت، کروموزوم مربوطه متناسب با میزان تخطی جریمه خواهد شد. میزان نقض

a_i : سطح مقطع هر عضو یا مجموعه‌ای منتخب از اعضای خرپا است.

S : مجموعه پروفیل‌های موجود است، که مقاطع بهینه از آن انتخاب می‌شود.

Nos : تعداد مقاطع بهینه که باید به دست آید.

قید G1: در روند بهینه‌یابی با GA، خرپاهای مختلف با توپولوژی‌های گوناگون، توسط اپراتورهای ژنتیک ساخته می‌شود که ممکن است برخی از این خرپاها، از نقطه نظر هندسی ناپایدار باشند. در این مقاله، ناپایداری توپولوژیکی هر رشته، قبل از انجام عملیات تحلیل سازه مشخص و در صورت عدم پایداری، کروموزوم مربوطه به شدت جریمه می‌شود. این عمل تا حد زیادی حجم عملیات عددی را کاهش و بر سرعت عملیات GA می‌افزاید. بدین ترتیب پایداری توپولوژیکی سازه بهینه تضمین می‌شود. در این راستا برای کنترل ناپایداری با استفاده از رابطه (۶) و (۷) درجه نامعینی استاتیکی خرپا قبل از شروع عملیات تحلیل سازه مشخص می‌شود. در صورتی که درجه نامعینی استاتیکی منفی باشد، سازه مربوطه دارای ناپایداری است و کروموزوم مربوطه جریمه می‌شود.

$$(6) \quad ID = Ne + R - 2J \quad (\text{خرپای دو بعدی})$$

$$(7) \quad ID = Ne + R - 3J \quad (\text{خرپای سه بعدی})$$

پارامترهای روابط فوق به شرح زیر تعریف می‌شود:

ID : درجه نامعینی استاتیکی سازه

J : تعداد گره‌های سازه

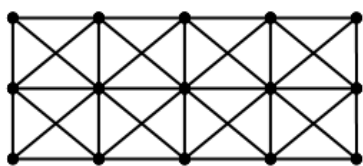
R : تعداد واکنش‌های تکیه‌گاهی یا درجات آزادی غیر

فعال

لازم به ذکر است که در رابطه فوق مقادیر J و Ne برای توپولوژی مربوط به هر رشته تعیین می‌شود. به عبارت دیگر در صورتی که گره‌ای در فرایند حصول توپولوژی بهینه، کلیه اعضای خود را از دست دهد، گره مفروض در کلیه جهات بسته و در روابط (۶) و (۷) شرکت داده نمی‌شود.

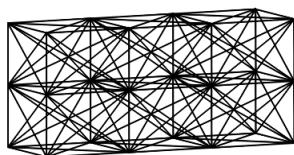
برای بررسی ناپایداری داخلی در روند بهینه‌یابی از طریق GA از ماتریس سختی سازه استفاده می‌شود. یک سازه پایدار از نقطه نظر کنیما تیکی، دارای ماتریس سختی متقارن و معین مثبت^۴ است. لذا می‌توان گفت در صورتی

در شکل ۱ گراف پایه ستاره‌ای برای شبکه متعامد ۱۵ گرهی در فضای دو بعدی نشان داده شده است (شکل ۲).



شکل ۱ گراف پایه ستاره‌ای برای گراف خنثی ۱۵ گره‌ای

در این شکل تعداد اعضا برابر ۳۸ است که نسبت به حالت گراف کامل که در آن تمام گره‌ها به یکدیگر متصلند (۱۰۵ عضو)، خیلی کمتر می‌باشد. گراف ستاره‌ای برای شبکه متعامد ۲۴ گرهی (دو صفحه ۱۲ گرهی) در فضای سه بعدی نشان داده شده است.



شکل ۲ گراف پایه ستاره‌ای برای گراف خنثی ۲۴ گره‌ای

۳- روش‌های پیشنهادی

الگوریتم ژنتیک یک روش جستجو است که با کمک نقاط مختلف، فضای طراحی را کاوش می‌نماید. بنابراین نیاز به دفعات تکرار بسیار زیاد جهت رسیدن به جواب بهینه دارد. از سوی دیگر عدم شناخت درست پارامترها و روابط حاکم بر GA از قبیل تعداد اعضای جمعیت، تعداد نسل‌ها، نرخ عملگرهای GA هم‌چون پیوند و جهش، نوع تابع جریمه و مقادیر ثابت‌های دخیل در آن، نوع تابع شایستگی و چگونگی فرایند انتخاب، سبب می‌شود تا در برخی مواقع GA، بهینه محلی را به دست آورد.

امروزه با پیشرفت رایانه‌ها در زمینه نرم افزار و سخت افزار، مشکل سرعت عملیات بهینه‌یابی از طریق GA، تا حدودی حل شده است؛ اما تنظیم پارامترها و شناسایی صحیح روابط حاکم بر GA، از جمله مشکلات دنیای امروز الگوریتم‌های ژنتیک می‌باشد. افراد مختلفی با بیان روش‌های گوناگون سعی در حل این مشکل نموده‌اند [۲۴].

قید تغییر مکان، بر اساس روابط (۵) به دست می‌آید. در این روابط

$g_{i4}(A)$: مقدار جریمه نقض قید تغییر مکان گره‌های فعال خرپا

Δ_i : مقدار تغییر مکان درجه آزادی نام

Δ_i^{all} : مقدار تغییر مکان مجاز درجه آزادی نام

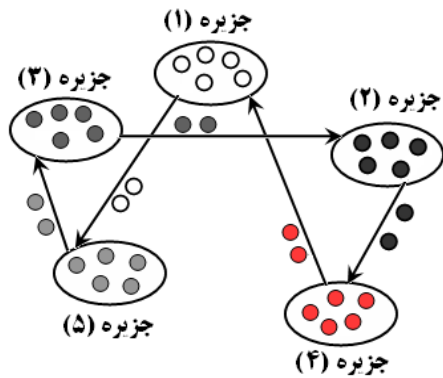
Ndof: تعداد درجات آزادی فعال گره‌های خرپا می‌باشد.

۲-۱ سازه مینا در بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی خرپاها

برای سازه‌های اسکلتی، توپولوژی بهینه در برخی موارد بر اساس روش سازه مینا به دست می‌آید. در این روش اعضای توپولوژی بهینه به صورت زیر مجموعه‌ای از اعضای سازه مینا که معمولاً پر عضو انتخاب می‌شود، تعیین می‌گردد. در این روش یک مجموعه از حالات مجاز نقاط گرهی ایجاد می‌شود و نحوه اتصال گره‌ها توسط اعضا به یکدیگر، توپولوژی سازه را پدید می‌آورد [۱۲، ۱۷، و ۱۸].

انتخاب یک سازه مینای مناسب، عموماً یکی از مشکلات بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی از طریق GA می‌باشد؛ یک سازه مینای پر عضو، احتمال کسب بهینه محلی را افزایش می‌دهد. زیرا با ازدیاد متغیرهای طراحی، تعداد زیر رشته‌ها افزایش و در نتیجه طول کروموزوم افزایش می‌یابد. این امر سبب رشد فزاینده حجم عملیات عددی می‌شود که بالطبع سرعت همگرایی کاهش می‌یابد و عموماً بهینه محلی حاصل می‌گردد. از سوی دیگر انتخاب یک سازه مینای کم عضو نیز مقبول نمی‌باشد. زیرا در این شرایط تعریفی برای حداقل اعضای سازه وجود ندارد و از سوی دیگر امکان وجود بهینه مطلق در آرایش مطروحه کم می‌گردد. در مقالات گوناگون، سازه میناهای مختلفی ارائه شده است که هر یک با محاسن و معایبی همراه می‌باشد. **شیرسدا و همکارانش**، مطالعات وسیعی در زمینه سازه مینا انجام داده‌اند [۲۳]. در این مقاله با استفاده از مطالب مراجع و تحقیقات به عمل آمده مشاهده شد که گراف ستاره‌ای یکی از بهترین حالات ممکن برای سازه مینا در بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی سازه‌های خرپایی است [۱۷ و ۱۸].

گرافی را که در آن هر گره فقط به گره‌های اطراف خود متصل شود، گراف ستاره‌ای نامیده می‌شود. به عنوان مثال



شکل ۳ روش جستجوی چند منظوره

در فرایندانتقال دو پارامتر به شرح زیر تعریف می‌شود:

۱. **وقفه مهاجرت**: بیانگر تعداد نسل‌ها بین هر انتقال است.

۲. **نرخ مهاجرت**: بیانگر درصد اعضای منتخب برای انتقال از هر جزیره در زمان انتقال است.

در فرایند مهاجرت، هر کدام از زیر جمعیت‌ها دارای یک مقصد تصادفی می‌باشند که در هر دوره تناوب مهاجرت مشخص می‌شوند. عملگر مهاجرت، درصدی از بهترین‌های یک زیرجمعیت را به جزیره دیگری می‌فرستد، که شامل محیط و اعضای با ساختار متفاوت است. پس از فرایند مهاجرت، الگوریتم ژنتیک جمعیت‌های مهاجر را با باقیمانده اعضای جمعیت ترکیب می‌کند و به سوی حصول جمعیتی با شایستگی بالاتر گام بر می‌دارد. در این حالت از روش جستجوی چند منظوره (M.S.M.1) به سبب وجود مکانیزم مهاجرت، جواب‌ها در خلال فرایند کاوش از تنوع خاصی برخوردارند. زیرا به دلیل خصوصیات مجزای فضای هر جزیره، از تمامی روش‌های معتبر و کارآمد معرفی شده توسط محققین بهره گرفته می‌شود. به عبارت دیگر هر مسئله بهینه‌یابی در یک لحظه با چندین روش، بررسی و فضای طراحی کاوش می‌شود و در ادامه بهترین نتایج، فی‌مابین دیگر جزایر به اشتراک گذاشته و جمعیت‌های جدیدی در اختیار هر جزیره جهت پرورش قرار می‌گیرد. این خصوصیات به طور دسته جمعی سبب کاهش تأثیر پارامترها و روابط حاکم بر عملیات GA می‌شود و سرعت همگرایی الگوریتم را به طور شگرفی افزایش می‌دهد. این حالت از روش پیشنهادی (M.S.M.1) به صورت الگوریتم در شکل ۴ نشان داده شده است.

در این مقاله روشی نوین و ترکیبی جهت بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی سازه‌های خرپایی ارائه شده است. ویژگی منحصر به فرد این الگوریتم، کاهش تأثیر پارامترهای GA و افزایش سرعت عملیات بهینه‌یابی است. در الگوریتم پیشنهادی یا به عبارت دیگر، **روش جستجوی چند منظوره**^۵ (M.S.M)، جمعیت GA به بخش‌های مختلف (جزایر متنوع) تقسیم می‌شود. هر جزیره دارای محیطی متفاوت و ساختاری مجزا است. این روش سبب می‌شود جواب‌ها از تنوع خوبی برخوردار شوند. در پایان چند نسل سازی معین، براساس وقفه مهاجرت و طبق نرخ مهاجرت، بهترین‌ها بین جزایر جابه‌جا می‌شوند تا در نهایت، الگوریتم به جواب‌های مناسبی دست یابد. به عنوان راه حل دیگر می‌توان میانگین شایستگی هر جزیره را محاسبه و بهترین جزیره را مشخص نمود. سپس روابط حاکم بر جزیره برتر در کل سیستم حاکم شود.

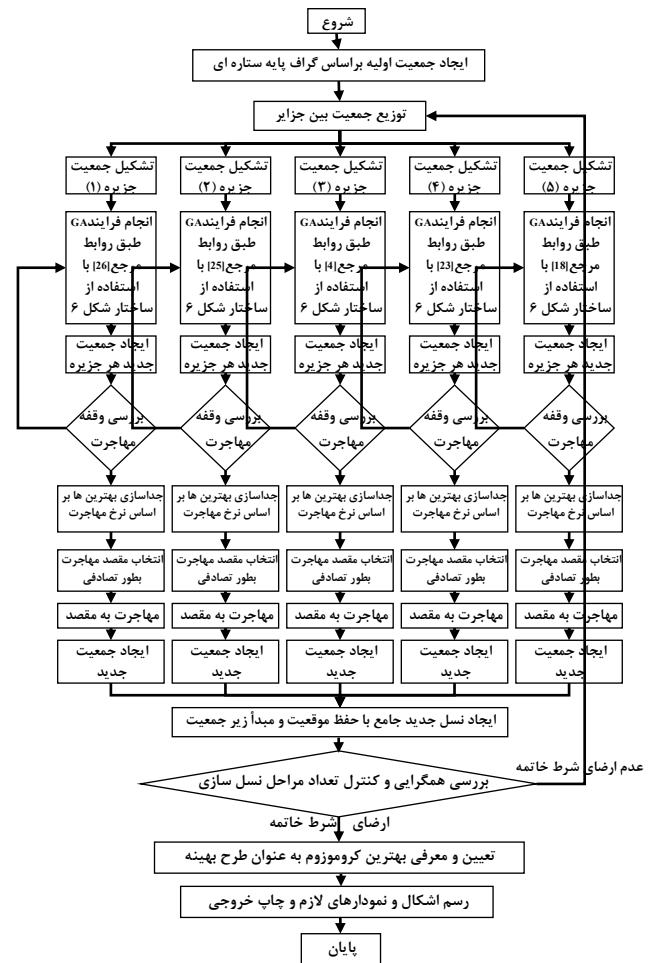
در مسائلی که به دلیل زیاد بودن تعداد متغیرهای طراحی و بزرگ بودن فضای کاوش، تأثیر پارامترهای GA نقش اساسی ایفا می‌نماید، مدل پیشنهادی به طور مؤثر فضای طراحی را مورد کاوش قرار داده و در نهایت جواب‌های مناسب را ارائه می‌دهد. در ادامه، روش‌های پیشنهادی جستجوی چند منظوره (M.S.M) به تفصیل مورد بحث قرار گرفته است.

۳-۱ حالت اول روش جستجوی چند منظوره (M.S.M.1)

در این حالت یک جمعیت بزرگ به تعدادی زیر جمعیت کوچکتر تقسیم می‌شود و الگوریتم ژنتیک مرسوم با عملگرها و پارامترهای متفاوت، برای هر کدام از زیر جمعیت‌ها به طور جداگانه به کار گرفته می‌شود. هر کدام از این زیر جمعیت‌ها به عنوان یک جزیره نامیده شده و هر جزیره به روش یک محقق مبتنی بر مقاله وی اختصاص داده می‌شود. بهترین کروموزوم‌های هر جزیره پس از طی چند نسل مشخص، به طور تناوبی به جزایر دیگر منتقل می‌شود. این مطلب در شکل ۳ نشان داده شده است.

به طور جداگانه به کار گرفته می‌شود. سپس بهترین جزیره براساس میانگین شایستگی مشخص می‌شود. آن گاه بهترین کروموزوم‌های هر جزیره به جزیره منتخب مهاجرت می‌نمایند. در نهایت ادامه فرایند نسل سازی بر اساس قوانین حاکم بر این جزیره هم چون روش انتخاب، توابع شایستگی و پناستی و ... انجام می‌شود. لازم به ذکر است که تعداد اعضای جمعیت جزیره منتخب به عنوان ورودی برنامه به عهده کاربر می‌باشد. در فرایند انتقال این روش نیز دو پارامتر به شرح زیر تعریف می‌شود:

۱. **وقفه مهاجرت:** بیانگر تعداد نسل‌ها قبل از مهاجرت است.
 ۲. **نرخ مهاجرت:** بیانگر درصد اعضای منتخب برای انتقال از هر جزیره به جزیره منتخب می‌باشد.
- در این حالت از روش جستجوی چند منظوره هر مسئله بهینه‌یابی در یک لحظه با چندین روش، بررسی و فضای طراحی کاوش می‌شود و در ادامه بهترین نتایج، در جزیره منتخب گردآوری شده و ادامه فرایند نسل سازی بر اساس روش مطرح در جزیره منتخب انجام می‌گیرد. این خصوصیت نیز سرعت فرایند بهینه‌یابی را افزایش می‌دهد. الگوریتم این حالت در شکل ۵ نشان داده شده است.

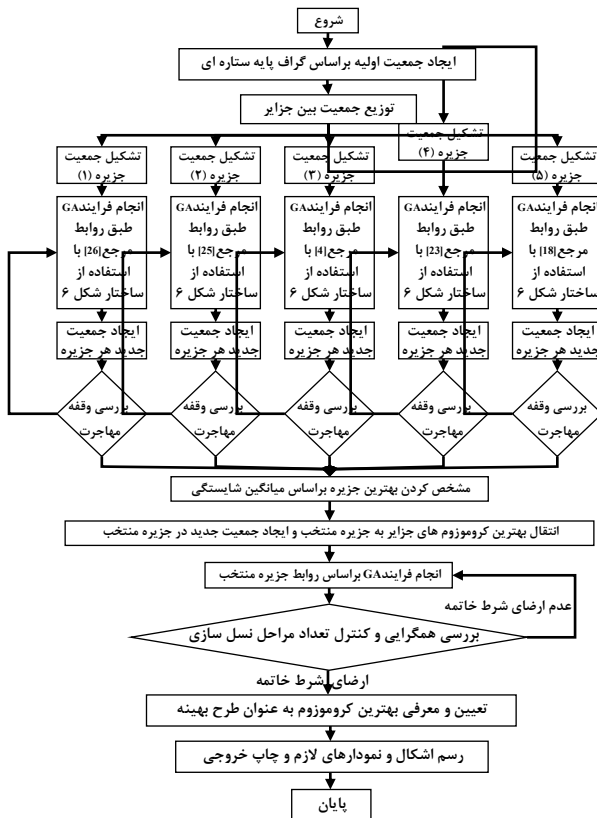


شکل ۴ فلوجارت حالت اول روش جستجوی چند منظوره (M.S.M.1)

همان طور که در الگوریتم فوق مشاهده می‌شود، در ابتدا جمعیت کلی بین جزایر تقسیم می‌شود؛ سپس هر جزیره متناسب با روش انتخاب و عملگرهای مربوط به خود، متناسب با مرجع مربوطه، زیر جمعیت‌ها را پرورش می‌دهند. این فرایند تا لحظه وقفه مهاجرت ادامه می‌یابد. پس از آن کروموزوم‌های خوب براساس نرخ مهاجرت انتخاب و به یکی از جزایر (به طور تصادفی) انتقال داده می‌شوند. آن گاه همگی زیر جمعیت‌ها با حفظ موقعیت جزیره‌ای خود جمعیت کلی را تشکیل می‌دهند.

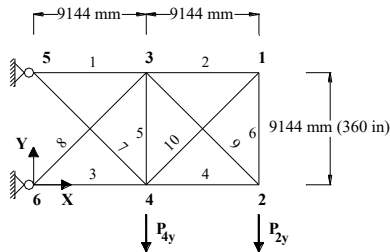
۳-۲ حالت دوم روش جستجوی چند منظوره (M.S.M.2)

در این حالت از روش جستجوی چند منظوره، یک جمعیت بزرگ به تعدادی زیر جمعیت کوچکتر تقسیم می‌شود و الگوریتم ژنتیک مرسوم با عملگرها و پارامترهای متفاوت، برای هر کدام از زیر جمعیت‌ها



شکل ۵ فلوجارت حالت دوم روش جستجوی چند منظوره (M.S.M.2)

است. این مثال الگوی بسیاری از الگوریتم‌های مطرح در دنیای بهینه‌سازی است. شکل ۷ خرپای مورد نظر را نمایش می‌دهد.



شکل ۷ خرپای مستوی شش گرهی

نیرو به گره‌های ۲ و ۴ در راستای Y به شرح زیر وارد می‌شود:

$$P_{2y} = P_{4y} = -445.4 \text{ kN} = -100 \text{ kips}$$

و برای کلیه اعضای خرپا E و ρ این گونه تعریف می‌شود:

$$E = 6897000 \frac{\text{N}}{\text{cm}^2} = 10^4 \text{ ksi}$$

$$\rho = 0.0271264 \frac{\text{N}}{\text{cm}^3} = 0.1 \frac{\text{lb}}{\text{in}^3}$$

از سوی دیگر مجموعه‌های لیست مقاطع $\{S\}$ به صورت زیر مورد استفاده قرار گرفته است.

$$a_i \in S_1 = \begin{Bmatrix} 10.45, 11.61, 15.35, 16.90, 18.58, 19.94, 20.19, 21.81 \\ 23.42, 24.77, 24.97, 26.97, 28.97, 30.97, 32.06, 33.03 \\ 37.03, 46.58, 51.42, 74.19, 87.18, 9.68, 91.61, 100.0 \\ 103.23, 121.29, 128.39, 141.94, 147.74, 170.97 \\ 193.55, 216.13 \end{Bmatrix} (\text{cm}^2); i = 1, \dots, 10$$

$$a_i \in S_1 = \begin{Bmatrix} 1.62, 1.8, 2.38, 2.62, 2.88, 3.09, 3.13, 3.38, 3.63, 3.84 \\ 3.87, 4.18, 4.49, 4.80, 4.97, 5.12, 5.74, 7.22, 7.97, 11.5 \\ 13.5, 13.9, 14.2, 15.5, 16.0, 18.8, 19.9, 22.0, 22.9, 26.5 \\ 30.0, 33.5 \end{Bmatrix} (\text{in}^2); i = 1, \dots, 10$$

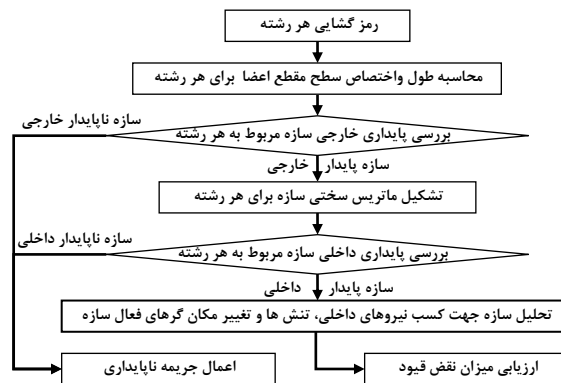
$$a_i \in S_2 = \{0.645_{\text{cm}^2}, 3.226_{\text{cm}^2} * I (I = 1, 2, \dots, 76), 256.84_{\text{cm}^2}, 258.06_{\text{cm}^2}\}; i = 1, \dots, 10$$

$$a_i \in S_2 = \{0.1_{\text{in}^2}, 0.5_{\text{in}^2} * I (I = 1, 2, \dots, 76), 39.81_{\text{in}^2}, 40.0_{\text{in}^2}\}; i = 1, \dots, 10$$

در اکثر مقالات جواب بهینه به ازای مجموعه مقاطع S_1 به دست آمده است. ولی با توجه به این که هر قدر تعداد عناصر مجموعه مقاطع منفصل (Nos) بیشتر باشد، روند

۳-۳ کلیات الگوریتم پیشنهادی

در بخش‌های ۱-۳ و ۲-۳ روش پیشنهادی یا به تعبیر صحیح‌تر روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) در دو حالت مختلف ارائه و مورد بحث قرار گرفت. آهنگ ثابت و پایدار روش‌های جستجوی چند منظوره (M.S.M) سبب می‌شود تا الگوریتم بهینه‌یابی به سمت جواب بهینه سراسری حرکت نماید. با استعانت از روش‌های جستجوی چند منظوره (M.S.M) از گسترش و پرورش کروموزوم‌های بی‌ارزش جلوگیری نموده و به ترویج کروموزوم‌های بهتر در فضای ژنتیک پرداخته می‌شود. این الگوریتم به سبب شیوه جستجوی موازی در فضای طراحی، قابلیت استفاده از سیستم‌های پردازش موازی را دارا می‌باشد. این قابلیت می‌تواند سبب افزایش مضاعف سرعت عملیات بهینه‌یابی از طریق GA شود. فلوجارت بخش ساختاری بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی خرپاها در شکل ۶ نشان داده شده است.



شکل ۶ بخشی از مراحل بهینه‌یابی مقاطع و توپولوژی

خرپاها براساس GA

۴- مثال‌های عددی

در ادامه جهت بررسی توانمندی الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.M)، مثال‌های متداول در دنیای GA مورد ارزیابی قرار گرفته است. در بررسی‌های به عمل آمده سعی شده است تا شرایط یکسان جهت مقایسه برقرار شود.

۴-۱ خرپای مستوی شش گرهی

در اولین مثال به ارزیابی خرپای مستوی شش گرهی توسط الگوریتم پیشنهادی (M.S.M) پرداخته شده

همان طور که مشاهده می‌شود؛ نتایج به ازای مقادیر مجموعه S_1 با نتایج دیگر مراجع یکسان است. حال در ادامه از مقاطع لیست S_2 جهت کسب توپولوژی بهینه استفاده شده است. به این ترتیب توپولوژی بهینه‌ای مشابه شکل ۸ حاصل می‌گردد که نتایج آن به شرح جدول ۲ می‌باشد.

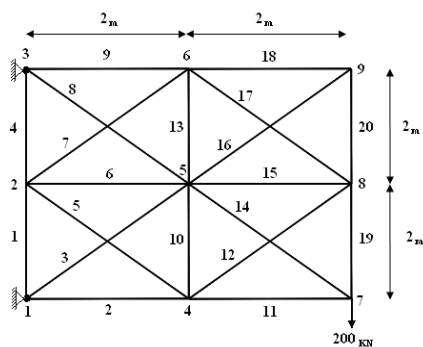
جدول ۲ نتایج طرح بهینه خرابی شش گرهی منتخب از

لیست مقاطع S_2

سطح مقطع اعضا Cm^2 (in^2)									وزن N (lb)	طرح بهینه	
A_{10}	A_9	A_8	A_7	A_6	A_5	A_4	A_3	A_2			A_1
--	135.48 (21.0)	--	100.0 (15.5)	--	187.1 (29.0)	38.71 (6.00)	135.48 (21.0)	154.84 (24.0)	--	21825 (4909.76)	مرجع [18]
--	135.48 (21.0)	--	100.0 (15.5)	--	187.1 (29.0)	38.71 (6.00)	132.26 (20.5)	154.84 (24.0)	--	21711.9 (4884.31)	M.S.M.1
--	135.48 (21.0)	--	100.0 (15.5)	--	187.1 (29.0)	38.71 (6.00)	135.48 (21.0)	154.84 (24.0)	--	21825 (4909.76)	M.S.M.2

۴-۲ شبکه 2×2 خرابی مستوی

در شکل ۹ شبکه فولادی 2×2 خرابی مستوی تحت تأثیر بار متمرکز $P=200$ KN نمایش داده شده است. این مثال از مراجع انتخاب شده است [۱۸و۱۳].



شکل ۹ شبکه 2×2 خرابی مستوی

هدف، حداقل کردن حجم سازه به ازای فقط قید تنش مجاز کششی و فشاری $\pm 40.0 MPa$ است. بنابراین تابع هدف براساس رابطه زیر تعریف می‌شود:

$$f_i(A) = \sum_{j=1}^{N_e} (\ell_j a_j) \quad (8)$$

مقاطع از لیست S به شرح زیر انتخاب می‌شود:

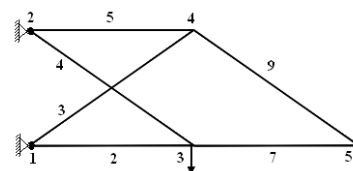
$$a_i \in S = \{0.01_{Cm^2}, 20.0_{Cm^2}, 40.0_{Cm^2}, 60.0_{Cm^2}, 80.0_{Cm^2}\}; i = 1, \dots, 20$$

بهینه‌یابی به واسطه افزایش طول کروموزوم و بالطبع کاهش سرعت همگرایی، کندتر می‌شود، لذا از مجموعه S_2 جهت نمایش قدرت الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.M) استفاده شده است. در حالتی که از مجموعه S_1 استفاده می‌شود؛ طول هر کروموزوم برابر 66 بیت و زمانی که از مجموعه S_2 استفاده می‌شود؛ طول هر کروموزوم برابر 88 بیت می‌شود. در این مسئله هدف ما، حداقل کردن وزن خرابی و یافتن توپولوژی بهینه تحت قیود زیر است:

$$\sigma_{all(Ten)} = \sigma_{all(Com)} = \pm 17240 \sqrt{N/Cm^2} = 25 Ksi$$

$$\Delta_{all}^y = 5.08 C_m = 2_m$$

پس از محاسبات الگوریتم پیشنهادی شکل ۸ را به عنوان توپولوژی بهینه خرابی مستوی شش گرهی ارائه می‌دهد.



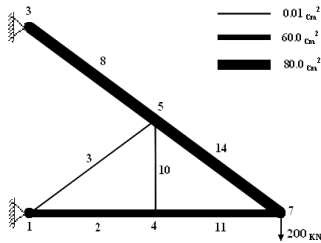
شکل ۸ توپولوژی بهینه برای خرابی مستوی شش گرهی

در جدول ۱ نتایج طرح بهینه به ازای مجموعه مقاطع S_1 توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره ارائه و با مراجع نامبرده مقایسه شده است.

جدول ۱ نتایج طرح بهینه خرابی شش گرهی منتخب از

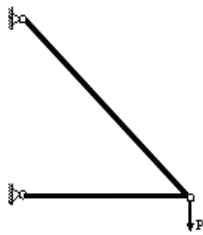
لیست مقاطع S_1

سطح مقطع اعضا Cm^2 (in^2)									وزن N (lb)	طرح بهینه	
A_{10}	A_9	A_8	A_7	A_6	A_5	A_4	A_3	A_2			A_1
--	141.94 (22.0)	--	100.0 (15.5)	--	193.55 (30.0)	46.58 (7.22)	141.94 (22.0)	128.39 (19.9)	--	22058 (4962.1)	مرجع [11]
--	141.94 (22.0)	--	100.0 (15.5)	--	193.55 (30.0)	46.58 (7.22)	141.94 (22.0)	128.39 (19.9)	--	22058 (4962.1)	مرجع [18]
--	141.94 (22.0)	--	100.0 (15.5)	--	193.55 (30.0)	46.58 (7.22)	141.94 (22.0)	128.39 (19.9)	--	22058 (4962.1)	مرجع [19]
--	141.94 (22.0)	--	100.0 (15.5)	--	193.55 (30.0)	46.58 (7.22)	141.94 (22.0)	128.39 (19.9)	--	22058 (4962.1)	مرجع [27]
--	141.94 (22.0)	--	100.0 (15.5)	--	193.55 (30.0)	46.58 (7.22)	141.94 (22.0)	128.39 (19.9)	--	22058.06 (4962.1)	M.S.M.1
--	141.94 (22.0)	--	100.0 (15.5)	--	193.55 (30.0)	46.58 (7.22)	141.94 (22.0)	128.39 (19.9)	--	22058.06 (4962.1)	M.S.M.2



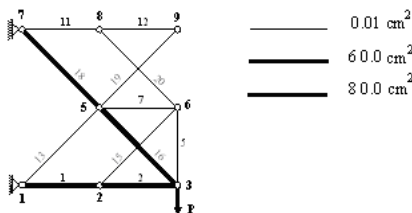
شکل ۱۱ توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرپای مستوی متناسب با مسیر انتقال نیرو

در صورتی که اعضای با سطح مقطع کوچک 0.01 cm^2 حذف و مفصل‌های بین اعضای باقیمانده برای حفظ پایداری سازه نیز حذف شوند؛ شکل ۱۲ حاصل می‌شود که دقیقاً متناسب با مسیرهای انتقال بار به تکیه‌گاه‌ها است.



شکل ۱۲ توپولوژی بهینه اصلاح شده شبکه 2×2

مرجع حجم بهینه‌ای برابر 0.06927 m^3 برای شبکه 2×2 خرپای مستوی ارائه داده است [۱۸]. شکل ۱۳ توپولوژی بهینه مرجع را نشان می‌دهد [۱۸].

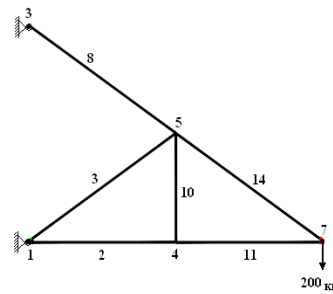


شکل ۱۳ توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرپای مستوی بر اساس مرجع [۱۸]

۴-۳ شبکه 3×3 خرپای مستوی

در این قسمت مثال مراجع جهت بررسی انتخاب شده است [۱۸ و ۱۳]. شکل ۱۴ شبکه 3×3 خرپای مستوی را نشان می‌دهد.

مرجع، اعضای با سطح مقطع 0.01 cm^2 را حذف شده فرض می‌نماید [۱۳]. لذا قید تنش را برای آنها اعمال نمی‌کند و به جای آن، قید تغییر مکان گرهی را با اعمال یک کرانه فوقانی مجازی در نظر می‌گیرد. به این ترتیب از تمایل اعضا جهت کسب سطح مقطع 0.01 cm^2 در روند بهینه‌یابی جلوگیری می‌نماید. در این مقاله برای تمامی اعضای حاضر در هر کروموزوم پایدار، بدون هرگونه فرض جانبی، قید تنش در نظر گرفته شده و تنها اعضای با مقدار بیت توپولوژیکی صفر از سازه حذف می‌شوند. از سوی دیگر در این مثال نیز همانند مثال‌های پیشین، هر عضو دارای یک متغیر طراحی سطح مقطع و یک متغیر طراحی توپولوژیکی بولی می‌باشد. لذا طول هر کروموزوم متناسب با مقدار Nos و تعداد اعضای خرپا برابر ۸۰ است. الگوریتم مطروحه شکل ۱۰ را به عنوان توپولوژی بهینه معرفی می‌نماید.



شکل ۱۰ توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرپای مستوی

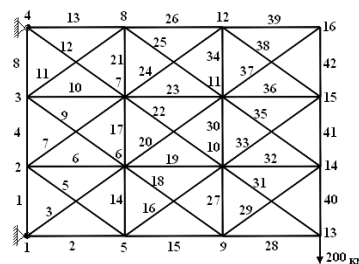
در جدول ۳ نتایج طرح بهینه حاصل از الگوریتم مطروحه نشان داده شده است.

جدول ۳ نتایج سطح مقطع و توپولوژی بهینه شبکه 2×2

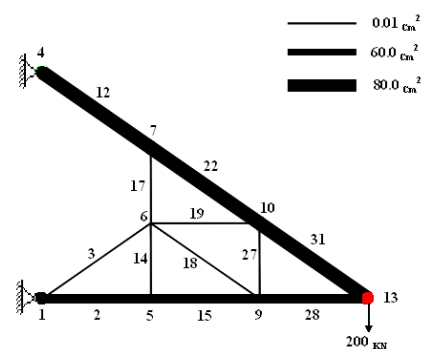
سطح مقطع اعضا و شماره اعضای توپولوژی بهینه			حجم Cm^3
80.0 cm^2	60.0 cm^2	0.01 cm^2	
8, 14	2, 11	3, 10	69259.66

در صورتی که ارتباط شکل توپولوژی بهینه با مسیرهای بحرانی انتقال نیرو مورد توجه قرار گیرد؛ توپولوژی حاصل کاملاً متناسب با مسیرهای بحرانی انتقال بار است. از سوی دیگر سطح مقطع اعضای توپولوژی بهینه نیز متناسب با مسیرهای انتقال نیرو است. این مطلب با فرض تناسب خطوط سطح مقطع اعضا در شکل ۱۱ نشان داده شده است.

در صورتی که ارتباط شکل توپولوژی بهینه با مسیرهای بحرانی انتقال نیرو مورد توجه قرار گیرد؛ توپولوژی حاصل کاملاً متناسب با مسیرهای بحرانی انتقال بار است. از سوی دیگر سطح مقطع اعضای توپولوژی بهینه نیز متناسب با مسیرهای انتقال نیرو می‌باشند. این مطلب با فرض تناسب خطوط سطح مقطع اعضا در شکل ۱۶ نشان داده شده است.

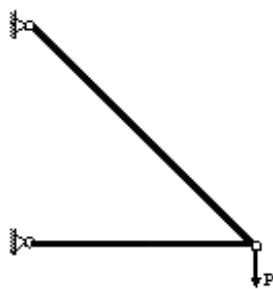


شکل ۱۴ شبکه ۳×۳ خرپای مستوی



شکل ۱۶ توپولوژی بهینه برای شبکه ۳×۳ خرپای مستوی متناسب با مسیر انتقال نیرو

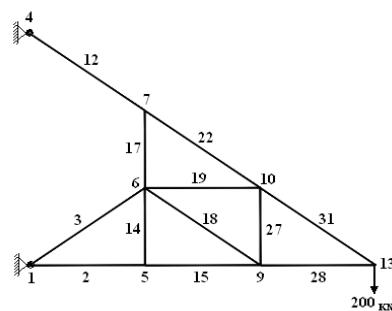
در صورتی که اعضای با سطح مقطع کوچک 0.01 cm^2 حذف و مفصل‌های بین اعضای باقیمانده برای حفظ پایداری سازه نیز حذف شوند؛ شکل ۱۷ حاصل می‌شود که دقیقاً متناسب با مسیرهای انتقال بار به تکیه‌گاه‌ها است.



شکل ۱۷ توپولوژی بهینه اصلاح شده شبکه ۳×۳ خرپای مستوی

مرجع حجم بهینه‌ای برابر 0.10393 m^3 و توپولوژی بهینه‌ای نظیر شکل ۱۸ ارائه داده است [۱۸].

در این مثال نیز هدف حداقل کردن حجم سازه تنها به ازای قید تنش مجاز کششی و فشاری $\pm 40.0 \text{ MPa}$ است. در این مثال نیز مجموعه مقاطع موجود همانند مثال قبلی می‌باشد و نظیر در این مثال نیز همانند مثال‌های پیشین، هر عضو دارای یک متغیر طراحی سطح مقطع و یک متغیر طراحی توپولوژیکی بولی است و اعضای با مقدار بیت توپولوژیکی صفر، از سازه حذف می‌شوند. لذا طول هر کروموزوم متناسب با مقدار Nos و تعداد اعضای خرپا برابر ۱۶۸ است. افزایش طول کروموزوم سبب افزایش حجم محاسبات عددی و بالطبع سبب کاهش سرعت همگرایی در روند بهینه‌یابی می‌شود. الگوریتم مطروحه شکل ۱۵ را به عنوان توپولوژی بهینه معرفی می‌نماید.



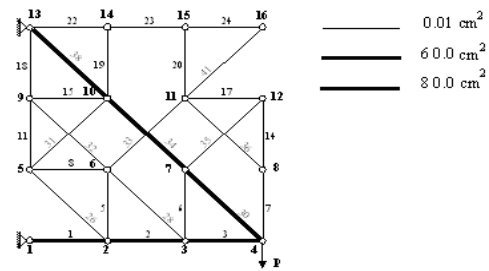
شکل ۱۵ توپولوژی بهینه برای شبکه ۳×۳ خرپای مستوی

در جدول ۴ نتایج طرح بهینه حاصل از الگوریتم مطروحه نشان داده شده است.

جدول ۴ نتایج سطح مقطع و توپولوژی بهینه شبکه ۳×۳

سطح مقطع اعضا و شماره اعضای توپولوژی بهینه			حجم Cm^3
80.0 Cm^2	60.0 Cm^2	0.01 Cm^2	
8, 12, 22	2, 15, 28	3, 14, 17, 18, 19, 27	103895.9

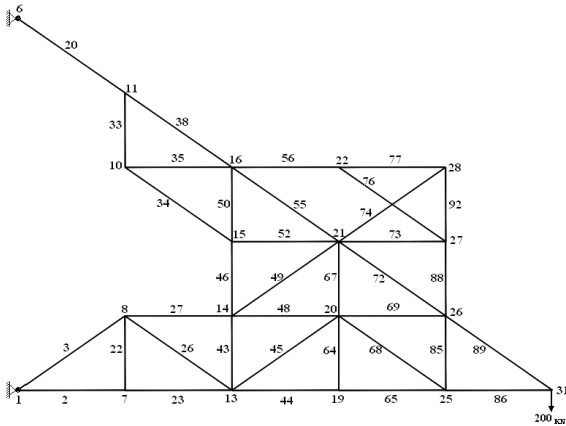
به دلیل تعداد اعضای زیاد در مثال مطروحه، طول کروموزوم نسبت به مثال‌های قبل به طور قابل توجهی بلندتر است (۴۴۰ بیت). با افزایش طول کروموزوم، سرعت همگرایی کاهش می‌یابد؛ اما الگوریتم پیشنهادی (M.S.M)، طرح بهینه مناسبی، مطابق شکل ۲۰ نتیجه می‌دهد.



شکل ۱۸ توپولوژی بهینه برای شبکه 3×3 خرپای مستوی بر اساس مرجع [۱۸]

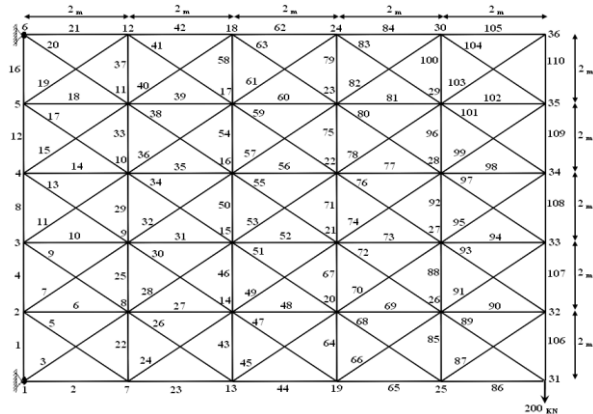
۴-۴ شبکه 5×5 خرپای مستوی

در این قسمت برای بررسی توانمندی الگوریتم پیشنهادی (M.S.M)، شبکه 5×5 خرپای مستوی از مرجع انتخاب شده است [۱۳]. طبق شکل ۱۹ بار متمرکز $P=200 \text{ KN}$ به سازه اثر داده شده است.



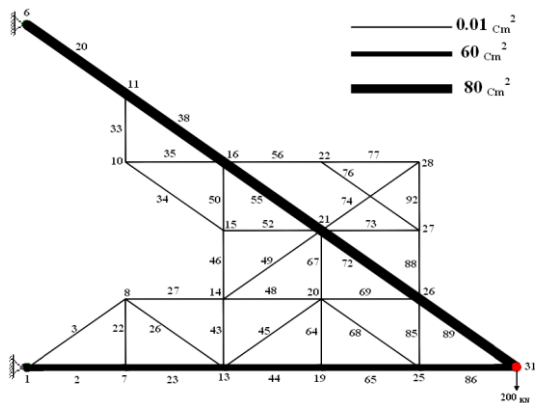
شکل ۲۰ توپولوژی بهینه برای شبکه 5×5 خرپای مستوی

در این مثال نیز سطح مقطع اعضای توپولوژی بهینه منطبق بر مسیر انتقال نیرو می‌باشد. شکل ۲۱ این مطلب را نشان می‌دهد.



شکل ۱۹ شبکه 5×5 خرپای مستوی

این مثال نیز شرایطی مشابه دو مثال پیشین دارد و هدف حداقل کردن حجم سازه به ازای فقط قید تنش مجاز کششی و فشاری $\pm 40.0 \text{ MPa}$ است. نتایج حاصل از طرح بهینه به شرح جدول ۵ می‌باشد.



شکل ۲۱ توپولوژی بهینه برای شبکه 5×5 خرپای مستوی متناسب با مسیر انتقال نیرو

جدول ۵ نتایج سطح مقطع و توپولوژی بهینه شبکه 5×5

سطح مقطع اعضا و شماره اعضای توپولوژی بهینه			حجم m^3
80.0 cm^2	60.0 cm^2	0.01 cm^2	
20, 38, 55, 72, 89	2, 23, 44, 65, 86	3, 22, 26, 27, 33, 34, 35, 43, 45, 46, 48, 49, 50, 52, 56, 64, 67, 68, 69, 73, 74, 76, 77, 85, 88, 92	1.73194

در صورتی که اعضای با سطح مقطع کوچک 0.01 cm^2 از توپولوژی بهینه حذف و مفصل‌های بین اعضای باقیمانده

جدول ۶ تنش‌های مجاز کششی و فشاری و گروه بندی اعضا

شماره گروه	شماره گره دو انتهای اعضای هر گروه	تنش مجاز فشاری	تنش مجاز کششی
1	1-2	24204	27590
2	1-4, 2-3, 1-5, 2-6	7994	27590
3	2-5, 2-4, 1-3, 1-6	11936	27590
4	3-6, 4-5	24204	27590
5	3-4, 5-6	24204	27590
6	3-10, 6-7, 4-9, 5-8	4662	27590
7	3-8, 4-7, 6-9, 5-10	4662	27590
8	3-7, 4-8, 5-9, 6-10	7664	27590

بارهای مؤثر بر سازه در جدول ۷ نمایش داده شده است.

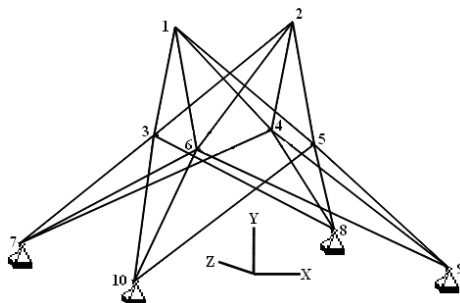
جدول ۷ بارگذاری مؤثر بر خرپای فضایی ۲۵ میله‌ای

وضعیت بارگذاری	شماره گره	نیرو در جهت X Px (KN)	نیرو در جهت Y Py (KN)	نیرو در جهت Z Pz (KN)
1	1	4.45	-22.25	44.5
	2	0	-22.25	44.5
	3	2.225	0	0
	6	2.225	0	0
2	1	0	-22.25	89
	2	0	-22.25	-89

لیست پروفیل‌های موجود S به شرح زیر می باشد:

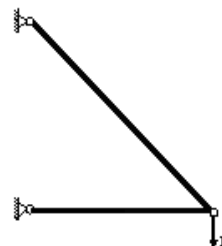
$$a_i \in S = \left\{ 0.774, 1.255, 2.142, 3.348, 4.065, 4.632, 6.542, 7.742, 9.032, 10.839, 12.671, 14.581, 21.483, 34.839, 44.516, 52.903, 60.258, 65.226 \right\} (Cm^2); i=1, \dots, 8$$

شکل ۲۴ طرح بهینه و در جدول ۸ نتایج الگوریتم پیشنهادی به همراه نتایج سایر مراجع جهت مقایسه نشان داده شده است.



شکل ۲۴ توپولوژی بهینه برای خرپای فضایی ۲۵ میله‌ای

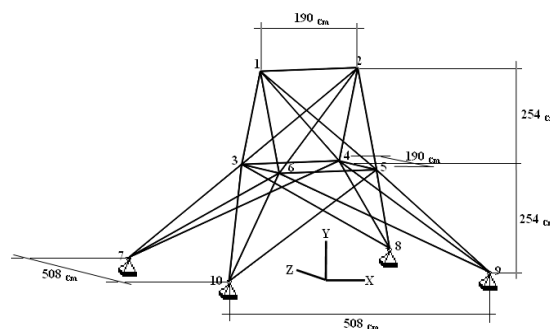
برای حفظ پایداری نیز حذف شود؛ شکل ۲۲ حاصل می‌شود که مشابه نتیجه حاصل در مرجع است [۱۳].



شکل ۲۲ توپولوژی بهینه اصلاح شده برای شبکه ۵ × ۵

۴-۵ خرپای فضایی ۲۵ میله‌ای

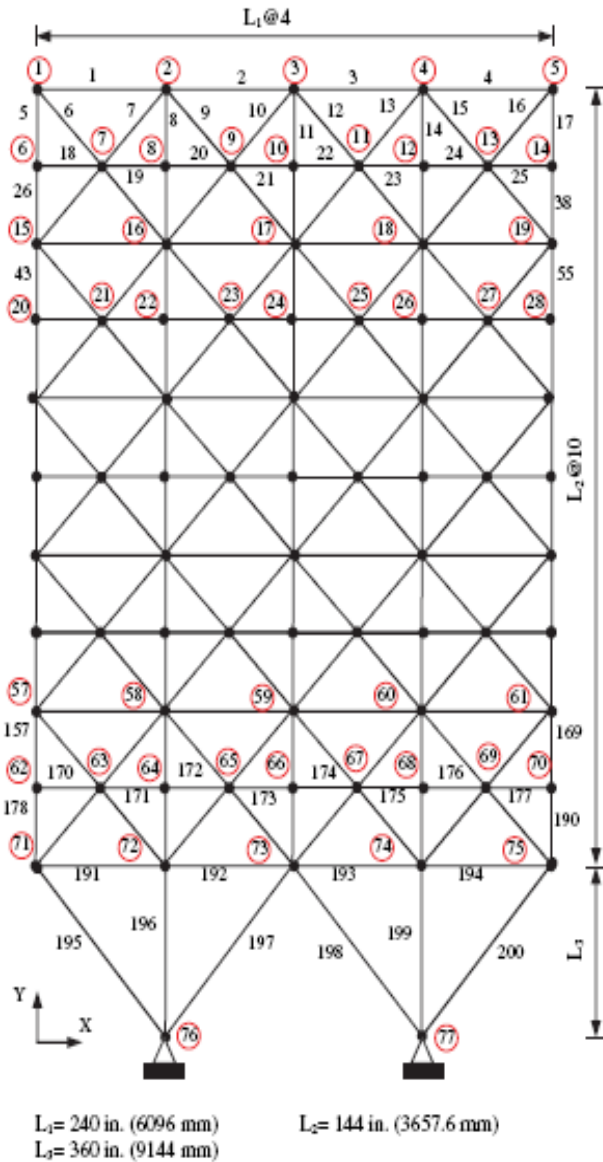
در این مثال به بررسی خرپای فضایی ۲۵ میله‌ای با ۱۰ گره پرداخته می‌شود. خرپای مذکور در شکل ۲۳ نشان داده شده است. لازم به ذکر است در این مثال جهت مقایسه نتایج با منابع، سازه مینا با ساختاری دقیقاً مشابه خرپای مفروض در نظر گرفته شده است. به عبارت دیگر در این مثال از گراف پایه ستاره‌ای برای توپولوژی پایه استفاده نشده است و به جای آن از همبندی خرپای مفروض، به عنوان توپولوژی پایه استفاده شده است.



شکل ۲۳ خرپای فضایی ۲۵ میله‌ای

تمامی اعضای این خرپا دارای $E=68.97 GN/m^2$ و $\rho = 27126.4 N/m^3$ می‌باشند. اعضای خرپای مذکور در هشت گروه به شرح جدول ۶ دسته‌بندی شده‌اند. تنش‌های مجاز کششی و فشاری هر گروه در جدول ۶ درج شده است. تغییر مکان مجاز گره‌های ۱ و ۲ در جهات X و Z برابر $\pm 0.889 Cm$ فرض شده است.

اعضای خرپا در ۲۹ گروه به شرح جدول ۹ دسته‌بندی شده‌اند. نتایج طرح بهینه، براساس الگوریتم پیشنهادی و مرجع در جدول ۹ نشان داده شده است [۲۸].



شکل ۲۵ خرپای ۲۰۰ میله‌ای

مراجع برای خرپای مذکور، به ترتیب وزن بهینه‌ای برابر با 29737 lb و 36167.73 lb ارائه داده‌اند [۳۰ و ۳۱].

جدول ۸ نتایج طرح بهینه خرپای فضایی ۲۵ میله‌ای

سطح مقطع گروه‌های اعضا، Cm^2							وزن N	نتایج طرح بهینه	
A_8	A_7	A_6	A_5	A_4	A_3	A_2			
21.483	12.671	3.348	0	0	21.483	12.671	0	2733.5	مرجع [16]
14.581	12.671	6.542	--	--	21.483	10.839	--	2517.24	مرجع [18]
14.581	12.671	6.542	--	--	21.483	10.839	--	2517.24	مرجع [19]
14.581	14.581	6.542	0	0	21.483	12.671	0	2750	Sun et al. (1997)
14.581	12.671	6.542	--	--	21.483	10.839	--	2517.24	M.S.M

۴-۶ خرپای ۲۰۰ میله‌ای

جهت بررسی کارایی الگوریتم پیشنهادی (M.S.M) در مواجهه با مثال‌های بزرگ، بهینه‌یابی سطح مقطع خرپای ۲۰۰ میله‌ای انجام شده است. این مثال از مرجع انتخاب شده است [۲۸].

پارامترهای طراحی به شرح زیر می‌باشد:

$$E = 30000_{Ksi} \quad \& \quad \rho = 0.283_{lb/in^3}$$

در این مثال تنها قید تنش برای کلیه اعضای خرپا به صورت زیر در نظر گرفته شده است:

$$\sigma_{all(Ten)} = \sigma_{all(Com)} = \pm 10_{Ksi}$$

براساس فرضیات مرجع بارهای مؤثر بر سازه در سه حالت به خرپا وارد می‌شوند [۲۸]. در حالت (۱) بار 1Kip به گره‌های ۱، ۶، ۱۵، ۲۰، ۲۹، ۳۴، ۴۳، ۴۸، ۵۷، ۶۲ و ۷۱ در جهت X وارد می‌شود. در حالت (۲) بار 10Kip به گره‌های ۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۸، ۱۰، ۱۲، ۱۴، ۱۵، ۲۰، ۲۲، ۲۴، ۲۵، ...، ۷۳ و ۷۴ در جهت Y وارد می‌شود. حالت (۳) نیز ترکیب حالت (۱) و (۲) است.

لیست مقاطع موجود جهت بهینه‌یابی خرپای مذکور با استفاده از مرجع به شرح ذیل می‌باشد [۲۹]:

$$a_i \in S = \left\{ \begin{array}{l} 0.1, 0.347, 0.44, 0.539, 0.954, 1.081, 1.174, 1.333 \\ 1.488, 1.764, 2.142, 2.697, 2.8, 3.131, 3.565, 3.813 \\ 4.805, 5.952, 6.572, 7.192, 8.525, 9.3, 10.85, 13.33 \\ 14.29, 17.17, 19.18, 23.68, 28.08, 33.7 \end{array} \right\} (Cm^2); i=1, \dots, 29$$

۵- نتیجه گیری

- توسط الگوریتم پیشنهادی جستجوی چند منظوره (M.S.M)، سرعت همگرایی رشد چشمگیری می‌یابد. دلیل این امر تقسیم جمعیت اصلی به زیر جمعیت‌های کوچکتر به نام جزیره است. هر جزیره مسئول پرورش اعضای خود است و به دلیل کوچکی اعضای جمعیت، سرعت همگرایی رشد فزاینده‌ای می‌یابد.
- با استفاده از شیوه توزیع جزیره‌ای در الگوریتم پیشنهادی (M.S.M)، جواب‌های الگوریتم مطروحه، از تنوع زیادی برخوردار است و فضای طراحی با طیف بیشتری مورد کاوش قرار می‌گیرد. دلیل این امر اختصاص روابط هر جزیره به محققین متعدد است. به این ترتیب فضای طراحی با شیوه‌های مختلف به طور هوشمند جستجو و شانس وقوع در بهینه محلی کاهش می‌یابد.
- در الگوریتم‌های متداول GA به دلیل تأثیر پارامترها و روابط حاکم بر الگوریتم، در برخی مواقع بهینه نسبی حاصل می‌شود که این موضوع سبب می‌شود در برخی اذهان الگوریتم ژنتیک روشی تصادفی تلقی شود. اما روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) به سبب بی‌نیازی نسبی به پارامترها و روابط حاکم بر GA از اجزای متوالی جهت نیل به نقطه کمینه سراسری مبری بوده و با آهنگی ثابت و مطمئن به سمت نقطه کمینه سراسری حرکت می‌نماید.
- از آن جا که در حالت اول الگوریتم پیشنهادی، بهترین کروموزوم‌های هر جزیره در مرحله مهاجرت به جزایر دیگر فرستاده می‌شوند و یا در حالت دوم بهترین کروموزوم‌ها به جزیره منتخب فرستاده و جایگزین کروموزوم‌های با شایستگی کم می‌شوند، سرعت همگرایی بالا و میزان رشد میانگین شایستگی جمعیت افزایش چشمگیری می‌یابد.
- نتایج توپولوژی بهینه به سازه مبنا با تعداد گره‌های مفروض بستگی دارد. در این مقاله استفاده توپولوژی بهینه براساس گراف پایه ستاره‌ای حاصل شده است.

جدول ۹ نتایج طرح بهینه و گروه بندی اعضاخرپای ۲۰۰ میلی‌ای

گروه	شماره اعضا	Toğan and Daloglu	(M.S.M)
1	1, 2, 3, 4	0.347	0.347
2	5, 8, 11, 14, 17	1.081	0.954
3	19, 20, 21, 22, 23, 24	0.1	0.1
4	18, 25, 56, 63, 94, 101, 132, 139, 170, 177	0.1	0.1
5	26, 29, 32, 35, 38	2.142	2.142
6	6, 7, 9, 10, 12, 13, 15, 16, 27, 28, 30, 31, 33, 34, 36, 37	0.347	0.347
7	39, 40, 41, 42	0.1	0.1
8	43, 46, 49, 52, 55	3.565	3.131
9	57, 58, 59, 60, 61, 62	0.347	0.1
10	64, 67, 70, 73, 76	4.805	4.805
11	44, 45, 47, 48, 50, 51, 53, 54, 65, 66, 68, 69, 71, 72, 74, 75	0.44	0.44
12	77, 78, 79, 80	0.44	0.347
13	81, 84, 87, 90, 93	5.952	5.952
14	95, 96, 97, 98, 99, 100	0.347	0.1
15	102, 105, 108, 111, 114	6.572	6.572
16	82, 83, 85, 86, 88, 89, 91, 92, 103, 104, 106, 107, 109, 110, 112, 113	0.954	0.954
17	115, 116, 117, 118	0.347	0.347
18	119, 122, 125, 128, 131	8.525	8.525
19	133, 134, 135, 136, 137, 138	0.1	0.1
20	140, 143, 146, 149, 152	9.3	9.3
21	120, 121, 123, 124, 126, 127, 129, 130, 141, 142, 144, 145, 147, 148, 150, 151	0.954	0.954
22	153, 154, 155, 156	1.764	1.488
23	157, 160, 163, 166, 169	13.3	13.3
24	171, 172, 173, 174, 175, 176	0.347	0.347
25	178, 181, 184, 187, 190	13.3	13.3
26	158, 159, 161, 162, 164, 165, 167, 168, 179, 180, 182, 183, 185, 186, 188, 189	2.142	2.697
27	191, 192, 193, 194	4.805	3.813
28	195, 197, 198, 200	9.3	8.525
29	196, 199	17.17	17.17
وزن (lb)		28544.014	<u>28038.56</u>

پی‌نوشت

- ¹ Evolutionary Strategies
- ² Gene
- ³ Chromosome
- ⁴ Positive Definite
- ⁵ Multi Search Method
- ⁶ Migration Interval
- ⁷ Migration Rate

مراجع

- [12] Ohsaki M., *Genetic Algorithms for topology optimization of trusses*, Computers and Structures, Vol. 57, 1995, pp. 219-225.
- [13] Ohsaki M., *Random search method based on exact reanalysis for topology optimization of trusses with discrete cross-sectional areas*, Computers and Structures, Vol. 79, 2001, pp. 673-679.
- [14] Rajeev S. and Krishnamoorthy C.S., *Genetic Algorithms-based methodology for design optimization of trusses*, ASCE, Journal of Structural Engineering, Vol. 23, 1997, pp. 250-358.
- [15] Vázquez-Espí M., *Discussion on reference (14)*, ASCE, Journal of Structural Engineering, 1998, pp. 979-981.
- [16] Chai S., Shi L.S. and Sun H.C., *An application of relative difference quotient algorithm to topology optimization of truss structures with discrete variables*, Structural Optimization, Vol. 18, 1999, pp. 48-55.
- [17] Kaveh A., Sabaghian M. and Kalatjari V., *Optimal topology of trusses using the graph theory*, The First Conference of Iranian Society of Civil Engineers, 1999, pp. 185-192.
- [18] Kaveh A. and Kalatjari V., *Topology Optimization of trusses using genetic algorithm, force method and graph theory*, International Journal for Numerical Methods in Engineering, Vol. 58, 2003, pp. 771-791.
- [19] Kaveh A. and Shahrouzi M., *Simultaneous topology and size optimization of structures by genetic algorithm using minimal length chromosome*, Engineering Computations International Journal for Computer-Aided Engineering and Software, Vol. 23, No. 6, 2006, pp. 644-674.
- [20] Tang W., Tong L. and Gu Y., *Improved genetic algorithm for design optimization of truss structures with sizing, shape and topology variables*, International Journal for Numerical Methods in Engineering, Vol. 62, 2005, pp. 737-1762.
- [21] Šešok D. and Belevičius R., *Use of Genetic Algorithms in topology optimization of truss structures*, ISSN 1392-1207.MECHANIKA, Vol. 2, No. 64, 2007.
- [22] Rahami H., Kaveh A. and Gholipour Y., *Sizing, geometry and topology optimization of trusses via force method and genetic algorithm*, Engineering Structures, 2008.
- [23] Shrestha S.M. and Ghaboussi J., *Evolution of optimum structural shapes using genetic algorithm*, ASCE, Journal of Structural Engineering, Vol. 124, No. 11, 1998.
- [1] Haupt R.L. and Haupt E., *Practical Genetic Algorithms*, Second Edition, John Wiley and Sons, New York, 2004.
- [2] Sivanandam S.N. and Deepa S.N., *Introduction to Genetic Algorithms*, Springer-Berlin Heidelberg New York, ISBN 978-3-540-73189-4, 2008.
- [3] Goldberg D.E. and Samtani M.P., *Engineering Optimization via Genetic Algorithm*, ASCE, Proceedings of the Ninth Conference on Electronic Computations, 1986, pp. 471-482.
- [4] Rajeev S. and Krishnamoorthy C.S., *Discrete Optimization Of Structures Using Genetic Algorithms*, ASCE, Journal of Structural Engineering, Vol. 118, No. 5, 1992, pp. 1233-1250.
- [5] Kaveh A. and Kalatjari V., *Genetic Algorithm for Discrete-Sizing Optimal Design of Trusses Using the Force Method*, International Journal of Numerical Methods in Engineering, Vol. 55, 2002, pp. 55-72.
- [6] Kaveh A. and Kalatjari V., *Size/Geometry Optimization of Trusses by the Force Method and Genetic Algorithm*, Z. Angew. Math. Mech. Vol. 84, 2004, pp. 347-357.
- [7] Ringertz U.T., *On topology optimization of trusses*, Engineering Optimization, Vol. 9, 1985, pp. 209-218.
- [8] Kirsch U., *Optimal topologies of truss structures*, Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering, Vol. 72, 1989, pp. 15-28.
- [9] Grierson D.E. and Pak W.H., *Optimal sizing, geometrical and topological design using genetic algorithm*, Structural Optimization, Vol. 6, 1993, pp. 151-159.
- [10] Hajela P. and Lee E., *Genetic Algorithms in Truss Topological Optimization*, International Journal of Solids Structures, Vol. 32, No. 22, 1995, pp. 3341-3357.
- [11] Rajan S.D., *Sizing, Shape, and Topology Optimization of Trusses Genetic Algorithms*, ASCE, Journal of Structural Engineering, Vol. 121, No. 10, 1995, pp. 1480-1487.

- [24] Tanimura Y., Hiroyasu T. and Miki M., *Discussion on Distributed Genetic Algorithms for Designing Truss Structures*, The 5th International Conference and Exhibition on High Performance Computing in the Asia-Pacific Region, Queensland Australia, 2001.
- [25] Camp C., *Optimized Design Of Two-Dimensional Structures Using A Genetic Algorithm*, Journal of Structural Engineering, May, 1998, pp.551-559.
- [26] Yang J. and Soh C.K., *Structural Optimization by Genetic Algorithms with Tournament Selection*, ASCE, Journal of Computing In Civil Engineering, Vol. 11, No. 3, 1997, pp. 195-200.
- [27] Nanakorn P. and Meesomklin K., *An adaptive Penalty function in genetic algorithms for structural design optimization*, Computers & Structures, Vol. 79, 2001, pp. 2527-2539.
- [28] Toğan V. and Daloğlu T.A., *An improved genetic algorithm with initial population strategy and self-adaptive member grouping*, Computers and Structures, Vol. 86, 2008, pp. 1204-1218.
- [29] Jenkins W.M., *A decimal-coded evolutionary algorithm for constrained optimization*, Computers and Structures, Vol. 80, 2002, pp. 471-480.
- [30] Thierauf G. and Cai J., *Parallelization of the Evolution Strategy for Discrete Structural Optimization Problems*, Computer-Aided Civil and Infrastructure Engineering, Vol. 13, 1998, pp. 23-30.
- [31] Coello C.A. and Christiansen A.D., *Multiobjective optimization of trusses using genetic algorithms*, Computers and Structures, Vol. 75, 2000, pp. 647-660.