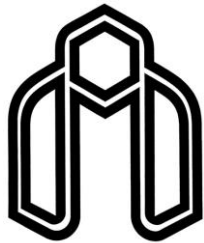


بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



دانشگاه صنعتی شاهرود

دانشکده : عمران و معماری

گروه : عمران - سازه

بهينه يابي سطح مقطع و توپولوژي خرپاها با استفاده از روش هاي نوین الگوریتم ژنتیک

دانشجو : محمد حسين طالب پور

استاد راهنما :

دکتر وحید رضا کلات جاري

استاد مشاور :

دکتر بهروز حسني

پایان نامه ارشد جهت اخذ درجه کارشناسي
ارشد

دي ماه ۱۳۸۷
تشکر و قدرداني

در آغاز سخن خداوند را سپاسگزارم که مرا در اتمام پایان نامه حاضر یاری رساند و همواره با الطاف بی دریغش راهگشای من بود. بی شک این مهم جز با یاری خودش و بندگان صالحش مقدور نبود. لذا بر خود واجب می دانم از استاد ارجمندم جناب آقای دکتر کلات جاري که فراتر از یک استاد دانشگاه ، در مسیر پرپیچ و خم زندگی و مسیر حق و حقیقت ، سوار بر پیچک دوستی و محبت ، راهگشای اینجانب بود صمیمانه تشکر و سپاسگزاری نمایم و از خداوند منان توفیقات روزافزون برای ایشان خواستارم. امیدوارم که

شمع وجودشان که از قطره قطره های آن به من درس زندگی و از پرتو نورش به من راه زندگی آموخت ، همواره فروزان و سلامت باشد.

همچنین از کلیه اساتید دانشکده عمران و معماری دانشگاه صنعتی شاهرود ، به خصوص آقای دکتر حسنی ، که همچون دوستی صمیمی ، با خدمت خالصانه و تلاش صادقانه خود در زمینه رشد و تعالی شخصیت علمی و انسانی گام های مؤثری برداشته اند ؛ کمال تشکر و قدردانی را نمایم و امیدوارم همواره در زندگی پیروز و سربلند باشند.

در پایان نیز از خانواده محترم ، پدر و مادر عزیز و فداکارم ، که با نفس گرم مسیحایی خودشان ، همواره پشتیبانم در کوچه های غربت زندگی بودند ، بسیار سپاسگزارم. لذا دستان مبارکشان را که بوی اسپند مهر می دهد ؛ می بوسم و سلامتی و کامیابی را برایشان از خدواند متعال خواستارم.

محمد حسین طالب پور

زمستان ۱۳۸۷

چ پنج

یکی از هنرهای مهندسی ، بدست آوردن بیشترین بازده با انتخاب یک سیستم مناسب و صرف کمترین هزینه است. این نیاز سبب تولد و توسعه علم بهینه سازی در میان سایر علوم مهندسی شده است. از جمله جذابترین موارد بهینه سازی در سازه ها ، تعیین توپولوژی یا نحوه اتصال گره های یک سازه به یکدیگر است. در نیل به این هدف ، روش بهینه یابی براساس GA کارآمدی خود را به اثبات رسانیده است. اما کندی فرآیند بهینه یابی از طریق GA جهت نیل به نقطه بهینه و نیز از سوی دیگر عدم شناخت و آگاهی

نسبت به پارامترها و روابط حاکم بر GA ، از قبیل تعداد نسل ها ، نرخ پیوند ، نرخ جهش ، چگونگی فرآیند انتخاب و سبب می شود تا در برخی موارد GA بهینه محلی را بیابد و در آن متوقف شود. در این پایان نامه سعی شده است تا با ارائه روشی نوین ، بهینه یابی سطح مقطع و توپولوژی خرپاها به نحوی انجام شود که مشکلات فوق الذکر تا حد امکان برطرف شود. برای این منظور یک سیستم کامل با زیربخش های متفاوت تحت عنوان جزیره ، عمل جستجو در فضای طراحی را به عهده می گیرد. برای تشکیل این جزایر ، اکثر روش های معروف و مطرح بررسی و براساس نتایج ، بهترین آن ها انتخاب و در هر یک از جزایر مورد استفاده قرار گرفته است. به بیان دیگر در این سیستم ، اکثر روش های مطرح و مقبول به همراه روش های پیشنهادی ، در جزایر مختلف به کار گرفته شده است تا بدین سان تأثیر پارامترهای GA کاهش و از سوی دیگر کیفیت نتایج بهبود یابد.

و اژگان کلیدی :

بهینه یابی ، الگوریتم ژنتیک ، سازه های خرپایی ، توپولوژی ، روش های نوین ، جزیره

ص	عنوان	هفت
س	تصویب نامه	
چ	تقدیم	
پ	تقدیر و تشکر	
ش	اقرار نامه	
ه	چکیده	
ه	فهرست مطالب	
چ	فهرست اشکال	

۱ فصل اول: مقدمه
۲ ۱-۱ مقدمه
۶ فصل دوم: آشنایی با مفاهیم اولیه بهینه سازی
۷ ۱-۲ مقدمه
۹ ۲-۲ متغیرهای طراحی
۱ ۳-۲ تابع هدف
۱ ۴-۲ قیود
۱ ۵-۲ فضای طراحی
۱ ۶-۲ فرآیند حل مسائل بهینه سازی
۱ ۷-۲ روش های نوین بهینه سازی
۱۹ فصل سوم: مفاهیم پایه الگوریتم ژنتیک
۲ ۱-۳ مقدمه
۲ ۲-۳ تاریخچه الگوریتم های ژنتیک
۲ ۳-۳ پیش زمینه بیولوژیکی ژن ها و کروموزوم ها
۲ ۴-۳ بهینه یابی با الگوریتم های ژنتیک
۲ ۱-۴-۳ کد کردن مقادیر هشت
۲ ۱-۱-۴-۳ کد مبنای دو (کد دودویی)
۲ ۲-۱-۴-۳ روش کد گذاری جایگشتی
۲ ۳-۱-۴-۳ روش کد گذاری مقدار
۲ ۴-۱-۴-۳ روش کد گذاری درختی
۳ ۲-۴-۳ شایستگی هر کروموزوم
۳ ۱-۲-۴-۳ تابع پناستی
۳ ۲-۲-۴-۳ تابع شایستگی
۳ ۳-۴-۳ انتخاب
۳ ۱-۳-۴-۳ روش های انتخاب

۳ روش چرخ گردان ۱-۱-۳-۴-۳
۳ روش رتبه بندی ۲-۱-۳-۴-۳
۴ روش رقابتی ۳-۱-۳-۴-۳
۴ روش حالت پایدار ۴-۱-۳-۴-۳
۴ روش کلات جاری ۵-۱-۳-۴-۳
۴ روش پیشنهادی میانگین ۶-۱-۳-۴-۳
۴ مفهوم برگزیده (شایسته سالاری) ۷-۱-۳-۴-۳
۴ پیوند (ادغام) ۴-۴-۳
۴ عملگرهای GA ۱-۴-۴-۳
۴ عملگر ادغام ۱-۱-۴-۴-۳
۴ روش ادغام تک نقطه ای یا مکانی ۱-۱-۱-۴-۴-۳
۴ روش ادغام دو نقطه ای ۲-۱-۱-۴-۴-۳
۴ روش ادغام چند نقطه ای ۳-۱-۱-۴-۴-۳
۴ روش ادغام یکنواخت ۴-۱-۱-۴-۴-۳
۵ روش ادغام متغیر ۵-۱-۱-۴-۴-۳
۵ نرخ ادغام ۶-۱-۱-۴-۴-۳
۵ عمل معکوس سازی ۲-۱-۴-۴-۳ نه
۵ عمل حذف و کپی ۳-۱-۴-۴-۳
۵ عمل حذف و تولید مجدد ۴-۱-۴-۴-۳
۵ عمل ادغام و معکوس سازی ۵-۱-۴-۴-۳
۵ روش تکثیر میانی ۶-۱-۴-۴-۳
۵ روش تکثیر میانی برای کدگذاری مقدار ۱-۶-۱-۴-۴-۳
۵ روش تکثیر میانی برای کدگذاری دودویی ۲-۶-۱-۴-۴-۳
۵ عملگرهای بیتی ۷-۱-۴-۴-۳
۵ عملگر And ۱-۷-۱-۴-۴-۳
۵ عملگر Or ۲-۷-۱-۴-۴-۳
۵ عملگر Xor ۳-۷-۱-۴-۴-۳

۵ ۸-۱-۴-۴-۳ جهش
۵ ۱-۸-۱-۴-۴-۳ عمل جهش در کدگذاری دودویی
۵ ۲-۸-۱-۴-۴-۳ عمل جهش در کدگذاری مقدار
۵ ۳-۸-۱-۴-۴-۳ نرخ جهش (p_m)
۶ ۵-۴-۳ مفاهیم تکمیلی
۶ ۱-۵-۴-۳ همگرایی الگوریتم ژنتیک
۶ ۲-۵-۴-۳ قضیه الگو
۶ ۳-۵-۴-۳ شرط توقف الگوریتم

فصل چهارم: بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی با استفاده GA

۶ ۱-۴ مقدمه
۷ ۲-۴ مبانی بهینه سازی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی بوسیله GA
۷ ۱-۲-۴ فرمولبندی مسأله بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپا براساس GA
۷ ۱-۱-۲-۴ متغیرهای طراحی
۷ ۲-۱-۲-۴ تابع هدف
۷ ۳-۱-۲-۴ قید $G1$ د ه
۷ ۴-۱-۲-۴ قید $G3, G2$
۷ ۵-۱-۲-۴ قید $G4$
۷ ۲-۲-۴ مبانی توپولوژی پایه در بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپاها
۸ ۱-۲-۲-۴ آشنایی با تعاریف پایه نظریه گراف ها
۸ ۲-۲-۲-۴ توپولوژی پایه

فصل پنجم: روش پیشنهادی

۸ ۱-۵ مقدمه
۸ ۲-۵ روش جستجوی چند منظوره (M.S.M)
۸ ۳-۵ کلیات الگوریتم پیشنهادی برای بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپاها
۹ ۱-۳-۵ تولید سازه مبنا

۹ ۲-۳-۵ الگوریتم تولید جمعیت اولیه
۹ ۳-۳-۵ رمزگشایی هر کروموزوم
۹ ۴-۳-۵ توپولوژی هر کروموزوم
۹ ۵-۳-۵ بررسی پایداری سازه مربوط به هر کروموزوم
۹ ۶-۳-۵ تحلیل سازه مربوط به هر کروموزوم
۹ ۷-۳-۵ تابع هدف و تابع جریمه مورد استفاده
۱ ۸-۳-۵ تابع هدف اصلاح شده و تابع شایستگی مورد استفاده
۱ ۹-۳-۵ روش جستجوی چند منظوره (شکل (۴-۵))
۱ ۱-۹-۳-۵ جزیره (۱)
۱ ۲-۹-۳-۵ جزیره (۲)
۱ ۳-۹-۳-۵ جزیره (۳)
۱ ۴-۹-۳-۵ جزیره (۴)
۱ ۵-۹-۳-۵ جزیره (۵)
۱ ۱۰-۳-۵ بررسی همگرایی و کنترل تعداد مراحل نسل سازی
۱ ۴-۵ قابلیت های جانبی الگوریتم جستجوی چند منظ پاز
۱ ۱-۴-۵ بهبود سرعت عملیات بهینه یابی با الگوریتم جستجوی چند منظوره
۱ ۲-۴-۵ رسم گرافیک توپولوژی خرپای بهینه
۱ ۱-۲-۴-۵ پیاده سازی آپن جی ال در ویژوال بیسیک
۱۱ فصل ششم : مثال های عددی
۱ ۱-۶ مقدمه
۱ ۲-۶ مثال (۱)
۱ ۳-۶ مثال (۲) خرپای مستوی شش گرهی
۱ ۴-۶ مثال (۳) شبکه 2×2 خرپای مستوی
۱ ۵-۶ مثال (۴) شبکه 3×3 خرپای مستوی
۱ ۶-۶ مثال (۵) شبکه 5×5 خرپای مستوی
۱ ۷-۶ مثال (۶) خرپای فضایی ۲۵ میله ای

۱ ۸-۶ مثال (۷) خرپای ۲۰۰ میله ای
۱ فصل هفتم : نتایج و پیشنهادات
۱ ۱-۷ مقدمه
۱ ۲-۷ نتایج
۱ ۳-۷ پیشنهادات
۱ پیوست
۱ پیوست ۱- تشکیل و ذخیره سازی ماتریس سختی
۱ پیوست ۱-۱- ذخیره سازی ماتریس نواری
۱ پیوست ۱-۲- ذخیره سازی اسکایلاین
۱ پیوست ۲- حل دستگاه معادلات در الگوریتم جستجوی چند منظوره
۱ پیوست ۱-۲- روش حذفی گوس
۱ پیوست ۲-۲- روش LU دو ا
۱ پیوست ۳-۲- روش چولسکی
۱ پیوست ۳- برنامه الگوریتم پیشنهادی جستجوی چند منظوره)
۱ فهرست منابع
۱ چکیده انگلیسی

صفحه

عنوان

۶ فصل دوم: آشنایی با مفاهیم اولیه بهینه سازی
۱۱ شکل (۱-۲) - خر پای سه میله ای
۱۵ شکل (۲-۲) - نمودار روش های بهینه یابی
۱۶ شکل (۳-۲) - نمودار روش های کلاسیک و نوین بهینه یابی

۱۹ فصل سوم: مفاهیم پایه الگوریتم ژنتیک
۲۲ شکل (۱-۳) - رشته DNA
۲۷ شکل (۲-۳) - نمایش کروموزوم ها به صورت باینری
۲۸ شکل (۳-۳) - کدگذاری جایگشتی
۲۹ شکل (۴-۳) - کدگذاری مقدار
۳۰ شکل (۵-۳) - کدگذاری درختی
۳۷ شکل (۶-۳) - مدلی از چرخ گردان
۳۹ شکل (۷-۳) - موقعیت کروموزوم ها براساس روش چرخ گردان
۳۹ شکل (۸-۳) - موقعیت کروموزوم ها پس از مرتب سازی براساس روش رتبه بندی
۴۰ شکل (۹-۳) - نمایش شایستگی هر رشته در مثال روش مسابقه
۴۱ شکل (۱۰-۳) - نمایش رشته های برنده در مثال روش مسابقه
۴۲ شکل (۱۱-۳) - روش کلات جاری برای فرآیند انتخاب
۴۳ شکل (۱۲-۳) - نمایش شیوه روش میانگین در فرآیند انتخاب
۴۷ شکل (۱۳-۳) - روش ادغام تک نقطه ایی
۴۸ شکل (۱۴-۳) - روش ادغام دو نقطه ایی
۴۸ شکل (۱۵-۳) - روش ادغام چند نقطه ایی (حالتی که تعداد مکان ها زوج باشد)
۴۹ شکل (۱۶-۳) - روش ادغام چند نقطه ایی (حالتی که تعداد مکان ها فرد باشد)
۴۹ شکل (۱۷-۳) - روش ادغام یکنواخت
۵۱ شکل (۱۸-۳) - عمل معکوس سازی
۵۲ شکل (۱۹-۳) - عمل حذف و کپی بیت های پیشین
۵۲ شکل (۲۰-۳) - عمل حذف و تولید مجا چهار د
۵۳ شکل (۲۱-۳) - عمل ادغام و معکوس سازی بیت ها
۵۶ شکل (۲۲-۳) - عملگر And از عملگرهای بیتی
۵۶ شکل (۲۳-۳) - عملگر Or از عملگرهای بیتی
۵۷ شکل (۲۴-۳) - عملگر Xor از عملگرهای بیتی
۵۸ شکل (۲۵-۳) - نیاز جمعیت به بیت ۱

۵۸ شکل (۳-۲۶) - تأثیر عملگر جهش
۶۲ شکل (۳-۲۷) - الگو برای یک عدد باینری سه رقمی
۶۷	فصل چهارم: بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی با استفاده GA
۸۱ شکل (۴-۱) - گراف پایه ستاره ای برای گراف خنثی ۱۵ گرهی
۸۱ شکل (۴-۲) - گراف پایه ستاره ای برای گراف خنثی ۳۰ گرهی
۸۳ فصل پنجم: روش پیشنهادی
۸۶ شکل (۵-۱) - روش جستجوی چند منظوره
۸۸ شکل (۵-۲) - نمای کلی الگوریتم روش جستجوی چند منظوره (M.S.M)
۹۰ شکل (۵-۳) - فلوجارت (M.S.A) برای بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپا ها
۹۱ شکل (۵-۴) - فلوجارت روش پیشنهادی جستجوی چند منظوره (M.S.M)
۱۰۳ شکل (۵-۵) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۱)
۱۰۵ شکل (۵-۶) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۲)
۱۰۷ شکل (۵-۷) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۳)
۱۰۹ شکل (۵-۸) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۴)
۱۱۱ شکل (۵-۹) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۵)
۱۱۳ شکل (۵-۱۰) - پنجره ورودی اطلاعات GA و فراخوانی جزایر
۱۱۶ شکل (۵-۱۱) - گراف پایه ستاره ای برای گراف خنثی ۳۰ گره ای با چرخشی تحت زاویه $(10^\circ, 30^\circ, 0^\circ)$
۱۱۷ شکل (۵-۱۲) - گراف پایه ستاره ای برای گراف خنثی ۳۰ گره ای با چرخشی تحت زاویه $(15^\circ, 45^\circ, 0^\circ)$ پانزد
۱۱۸ شکل (۵-۱۳) - افزودن کتابخانه vBOGL به پروژه ویژوال بیسیک
۱۱۹ فصل ششم: مثال های عددی
۱۲۱ شکل (۶-۱) - گراف خنثی شبکه متعامد 2×3
۱۲۱ شکل (۶-۲) - گراف مینا شبکه متعامد 2×3 براساس مرجع [37]

- شکل (۳-۶) - توپولوژی بهینه شبکه متعامد 2×3 براساس مرجع [37] ۱۲۲
- شکل (۴-۶) - گراف مبنای شبکه متعامد 2×3 توسط الگوریتم پیشنهادی
جستجوی چند منظوره ۱۲۲
- شکل (۵-۶) - توپولوژی بهینه شبکه متعامد 2×3 ۱۲۴
- شکل (۶-۶) - خرپای مستوی شش گرهی ۱۲۵
- شکل (۷-۶) - سازه مبنا در بهینه یابی خرپای مستوی شش گرهی ۱۲۶
- شکل (۸-۶) - توپولوژی بهینه برای خرپای مستوی شش گرهی ۱۲۸
- شکل (۹-۶) - روند بهینه یابی توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره و هریک از
جزایر بطور مجزا ۱۲۹
- شکل (۱۰-۶) - روند بهینه یابی توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره و هریک از
جزایر بطور مجزا ۱۳۰
- شکل (۱۱-۶) - شبکه متعامد 2×2 خرپای مستوی ۱۳۱
- شکل (۱۲-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرپای مستوی ۱۳۴
- شکل (۱۳-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرپای مستوی متناسب با مسیر
انتقال نیرو ۱۳۴
- شکل (۱۴-۶) - توپولوژی بهینه اصلاح شده شبکه 2×2 خرپای مستوی ۱۳۵
- شکل (۱۵-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرپای مستوی بر اساس مرجع
[34] ۱۳۵
- شکل (۱۶-۶) - شبکه متعامد 3×3 خرپای مستوی ۱۳۶
- شکل (۱۷-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 3×3 خرپای مستوی ۱۳۹
- شکل (۱۸-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 3×3 خرپای مستوی متناسب با مسیر
انتقال نیرو ۱۴۰
- شکل (۱۹-۶) - توپولوژی بهینه اصلاح شده شبکه 3×3 خرپای مستوی ۱۴۰
- شکل (۲۰-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 3×3 خرپای مستوی بر اساس مرجع
[34] ۱۴۱
- شکل (۲۱-۶) - شبکه متعامد 5×5 خرپای مستوی ۱۴۲
- شکل (۲۲-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 5×5 خرپای مستوی ۱۴۳
- شکل (۲۳-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 5×5 خرپای مستوی متناسب با مسیر
انتقال نیرو ۱۴۴
- شکل (۲۴-۶) - توپولوژی بهینه اصلاح شده شبکه 5×5 خرپای مستوی ۱۴۴

- ۱۴۵ شکل (۶-۲۵) - خرپای فضایی ۲۵ میله ای
- ۱۴۸ شکل (۶-۲۶) - توپولوژی بهینه برای خرپای فضایی ۲۵ میله ای
- شکل (۶-۲۷) - روند بهینه یابی توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره و هریک از
- ۱۴۹ جزایر بطور مجزا
- ۱۵۱ شکل (۶-۲۸) - خرپای فضایی ۲۰۰ میله ای
- ۱۶۱ **پیوست :**
- ۱۶۳ شکل (پ-۱) - خاصیت تقارن در ماتریس سختی سازه ها
- ۱۶۴ شکل (پ-۲) - نحوه ذخیره سازی ماتریس متقارن در یک ماتریس نواری
- ۱۶۵ شکل (پ-۳) - خاصیت تقارن در ماتریس سختی سازه ها
- ۱۶۶ شکل (پ-۴) - خط افق در شیوه ذخیره سازی اسکایلاین
- ۱۶۶ شکل (پ-۵) - بردارهای A و ID در روش ذخیره سازی اسکایلاین

هفده

هفده

۱-۱ مقدمه

بطور کلی مسائل بهینه یابی سازه ها را می توان در چهار رده مختلف دسته بندی نمود که عبارتند از بهینه یابی مقطع^۱، شکل یا هندسه سازه^۲، توپولوژی سازه^۳ و پیکر بندی^۴. در اکثر مسائل واقعی با ترکیبی از موارد فوق و یا مورد آخر که در برگیرنده هر سه مورد توپولوژی، مقطع و هندسه است؛ مواجه شده و بهینه یابی آن مورد نظر است.

در این پایان نامه به بهینه یابی توپولوژی^۵ و سطح مقطع اعضای سازه های خرپایی با اعمال قیود تنش و تغییر مکان پرداخته شده است. در این زمینه دو نوع فرمول بندی رایج وجود دارد. دسته اول بهینه یابی بر اساس روش های قطعی^۶ و یا به تعبیر رایج تر برنامه ریزی ریاضی^۷ است. در این دسته دیدگاه غیر احتمالاتی بر فضای مسئله حاکم است. دسته دوم، بهینه یابی مبتنی بر روش های تصادفی^۸ است که از تئوری احتمالات در فرمول بندی خود بهره می برد. در میان این روش ها، روش تصادفی هدایت شده^۹ الگوریتم ژنتیک^{۱۰} از جایگاه ویژه ای برخوردار است و می توان آن به عنوان یکی از روش های برتر دانست.

از آن جا که الگوریتم ژنتیک نیازی به مشتق گیری و حدس اولیه خاصی ندارد و نیز یک فرآیند اتفاقی است، قادر است تمامی فضای کاوش را با احتمال بیشتری نسبت به دیگر شیوه های معمول جستجو کند. راندمان و انعطاف پذیری بالای الگوریتم های ژنتیک سبب شده تا بهینه یابی بر اساس آن در حل مسائل کاربردی مختلف، توسط افراد و مقالات متنوع به اثبات برسد. اما عدم شناخت صحیح از پارامترهای GA همچون تعداد اعضای جمعیت^{۱۱}، تعداد نسل ها^{۱۲}، نرخ پیوند و...، و نیز عدم آگاهی نسبت به روابط حاکم

-
- 1 . Sizing Optimization
 - 2 . Geometrical (Shape) Optimization
 - 3 . Topological Optimization
 - 4 . Layout Optimization
 - 5 . Topology
 - 6 . Deterministic
 - 7 . Mathematical Programing
 - 8 . Stochastic
 - 9 . Guided Random Search
 - 10 . Genetic Algorithm
 - 11 . Pop-size
 - 12 . No Of Generation

بر GA از قبیل نوع تابع جریمه و مقادیر دخیل در آن ، نوع تابع شایستگی و ... از جمله عواملی است که سبب می شود تا GA در برخی مواقع بهینه محلی^{۱۳} را بدست آورد.

در این راستا با بهره گیری از روش های نوین الگوریتم ژنتیک ، شیوه جدیدی جهت بهینه یابی توپولوژی و سطح مقطع سازه های خرپایی ، بصورت همزمان ، ارائه شده است تا بر اساس آن ، تأثیر موارد فوق الذکر تا حد امکان کاهش یابد. از دیگر مشکلات بهینه یابی بر اساس GA سرعت فرآیند بهینه یابی می باشد. این مهم نیز از جمله مسائلی است که در این پایان نامه مورد توجه قرار گرفته و سعی در بهبود آن شده است.

در فصل دوم ابتدا به طور مختصر به شرح ساختار کلی یک مسئله بهینه سازی و پارامترهای دخیل در آن پرداخته شده است. در این فصل شیوه های رایج حل مسائل بهینه سازی عنوان و جایگاه الگوریتم ژنتیک در میان سایر روش ها ذکر شده است. در فصل سوم مبانی بهینه یابی سازه ها بر اساس الگوریتم ژنتیک تشریح شده است. بهینه یابی مبتنی بر الگوریتم ژنتیک ، یک روش کاوش تصادفی هدفمند است که از قابلیت جستجوی قوی در فضاهای طراحی منفصل همراه با قیود رفتاری متعدد برخوردار است. در این فصل کلیه پارامترها ، عملگرها و روابط مطرح در دنیای الگوریتم های ژنتیک جمع آوری شده و مهمترین آن ها مورد بحث قرار گرفته است. این مطالب در فصول بعدی جهت ارائه الگوریتم پیشنهادی دید جامع تری نسبت به مسائل و پارامترهای الگوریتم های ژنتیک ایجاد می کند.

فصل چهارم اختصاص به مبانی بهینه یابی توپولوژی و سطح مقطع خرپاها بر اساس GA با فرض ثابت بودن هندسه سازه دارد. در این فصل به بررسی فرمولبندی رایج در این زمینه پرداخته شده است. برای این منظور تابع هدف و قیود حاکم بر مسئله در بهینه یابی سطح مقطع و توپولوژی خرپاها مورد توجه قرار گرفته و با ارائه پیشنهاداتی ، روابط و پارامترهای مطرح بهبود یافته است. در ادامه با بررسی تئوری گراف ها ، کلیات مسئله بهینه یابی جهت ارائه توپولوژی پایه مورد ارزیابی قرار گرفته است.

¹³ . Local Optimim

در فصل پنجم به تشریح الگوریتم پیشنهادی بطور کامل به همراه قابلیت های جانبی آن اشاره شده است. در این فصل ابتدا روش پیشنهادی ارائه و سپس جایگاه آن در الگوریتم بهینه یابی مورد ارزیابی و بررسی قرار گرفته است. در این راستا شیوه تولید جمعیت اولیه^{۱۴} به همراه توپولوژی پایه مورد استفاده و شیوه رمزگشایی^{۱۵} کروموزوم ها مورد بحث قرار گرفته است. در ادامه شیوه های بررسی پایداری سازه های تولید شده ، به همراه چگونگی محاسبه تنش ها و تغییر مکان گرهی سازه های پایدار مورد بررسی قرار گرفته است. برای این منظور تمهیداتی جهت افزایش سرعت عملیات محاسبات در بخش بررسی پایداری و تحلیل سازه های پایدار ارائه شده است. در نهایت توابع جریمه و شایستگی مورد استفاده به همراه شیوه رسم و نمایش گرافیک توپولوژی خرپا بهینه بیان شده است. در پایان نامه حاضر از رابط گرافیکی *آپن جی ال*^{۱۶} جهت رسم و نمایش توپولوژی سازه بهینه و توپولوژی سازه مبنا^{۱۷} استفاده شده است.

فصل ششم پایان نامه اختصاص به بررسی کارآیی روش پیشنهادی با ذکر چندین مثال دارد. بدین منظور نتایج حاصل با دیگر الگوریتم های مطرح در مراجع معتبر مقایسه شده است. در خاتمه ، ضمن بیان خلاصه نتایج این تحقیق ، پیشنهادهای برای فعالیت های پژوهشی آتی عنوان شده است.

¹⁴ . Initial Population

¹⁵ . Decoding

¹⁶ . OpenGL

¹⁷ . Ground Structure

انسان ذاتاً تمام فعالیت هایش را به شکلی انجام می دهد ، که ناراحتی و دردش به حداقل برسد و حتی المقدور انرژی را صرفه جویی نماید [1]. این تمایل و اراده باید به نحوی باشد که با توجه به منابع محدود ، بیشینه خروجی یا سود حاصل گردد. اختراعات اولیه بشر ، همچون اهرم ، چرخ و ... تمایل وی را به افزایش بازدهی مکانیکی نشان می دهد ؛ مثال های بی شماری از این دست در تاریخ بشر یافت می شود. بر اساس مرجع [1] کتاب دوگلاس وایلد^{۱۸} مجموعه جالبی در مورد ریشه کلمه بهینه و طراحی بهینه است. بر اساس این کتاب طراحی بهینه عبارتست از:

«بهترین طراحی قابل قبول بر اساس یک معیار کیفی و کمی شایستگی از پیش تعریف شده»

به طور کلی انتخاب و طراحی بهینه در بسیاری از مسائل علمی و فنی باعث تولید بهترین محصول یا جواب ممکن در یک شرایط خاص می شود. این خواسته در علوم مهندسی بصورت کاهش مصرف مصالح و یا کاهش هزینه های اجرایی نمود پیدا می کند. برای مثال تولید محصولات در حوزه های مختلف بهینه سازی وابسته به طراحی دقیق و بهینه شکل ، اندازه و قطعات آن محصول می باشد. مثلاً برای ساخت بال های یک هواپیما ، مواد و شکل های مختلفی وجود دارد؛ اما کدامیک نتیجه مطلوب تری را خواهد داشت؟ آیا آلیاژ خاص استفاده شود بهتر است یا از مواد مرکب^{۱۹}؟ از طرفی شکل ، اندازه و وزن آن با توجه به ماده به کار رفته چگونه باشد؟ مشاهده می شود که در هر حالت متدهای طراحی و تصمیم گیری متعددی به وجود می آید ، اما بهترین روش کدام است و چگونه می توان آن را پیدا کرد؟ به عنوان مثال دیگر در مهندسی عمران طراحی یک سازه خرابایی بر حسب سطح مقطع اعضاء و نیز طریقه قرار گیری آن ها با توجه به هزینه و شرایط نیازمند یک طراحی بهینه است. یا در حوزه مهندسی مکاترونیک (روباتیک) می توان به مسیر بهینه

¹⁸ . Douglas Wilde

¹⁹ . Composite

ی حرکت بازوی یک روبات^{۲۰} اشاره کرد. در بهینه سازی توپولوژی محیط های پیوسته ، هدف پیدا کردن تعداد مناسب حفره ها و محل آن ها می باشد [2].

به طور کلی در همه مسائل بهترین جواب ممکن حاصل شود ، اما از میان این همه راه حل و جواب کدامیک بهینه است؟ از آنجایی که نتیجه کار با توجه به نوع انتخاب این متدها و روش ها حاصل می شود لذا اهمیت موضوع انتخاب بهینه^{۲۱} و بهینه سازی در همه مسائل آشکار می شود پس:

«هدف این است که در فضای جواب های ممکن ، بهترین جواب ممکن یافت شود.»

نکته مهم در تمامی مسائل بهینه سازی ، ساخت مسأله به زبان ریاضی می باشد تا با کمک روش های مختلف آن را حل نمود. در روند تشکیل و حل یک مسئله بهینه سازی موارد زیر از اهمیت ویژه ای برخوردار می باشند:

۱. متغیرهای طراحی مسأله بهینه سازی

۲. تابع هدف مسأله بهینه سازی

۳. قیود مسأله بهینه سازی

۴. فضای طراحی مسأله بهینه سازی

۵. فرآیند حل مسأله بهینه سازی

که در ذیل به شرح تفصیلی هر یک پرداخته شده است.

۲-۲ متغیر های طراحی^{۲۲}

²⁰ . Robot Trajectory

²¹ . Optimum

²² . Design Variable

در بهینه سازی تغییر در مشخصات اولیه سازه یک پیش فرض است. پتانسیل تغییر به طور معمول بر اساس محدوده ای از تغییرات در تعدادی از پارامترها بیان می شود. چنین پارامترهایی در اصطلاح بهینه سازی معمولاً متغیرهای طراحی نامیده می شود. متغیرهای طراحی می توانند سطح مقطع یا اندازه اعضا، پارامترهای کنترل هندسه ی سازه، خواص مصالح آن و ... باشند [1].

متغیرهای طراحی ممکن است، مقادیری پیوسته^{۲۳} یا گسسته^{۲۴} داشته باشند. متغیرهای طراحی پیوسته یک محدوده تغییرات دارند و می توانند هر مقدار در آن محدوده را اختیار نمایند. در برخی مسائل طراحی سازه ها، برای حل مسأله بهینه سازی، از طیف گسسته متغیرهای طراحی چشم پوشی می شود؛ وقتی متغیر بهینه بدست آمد، آنگاه مقدار متغیر طراحی به نزدیکترین مقدار گسسته در دسترس تغییر می یابد. گرد کردن متغیر طراحی به نزدیکترین جواب صحیح، وقتی مقادیر متغیرهای طراحی با فاصله های نزدیک به هم در دسترس باشند، مؤثر بوده و تغییر متغیر طراحی به نزدیکترین مقدار صحیح، پاسخ سازه را به طور چشمگیری تغییر نمی دهد. در بعضی حالات، مقادیر گسسته متغیرهای طراحی از هم خیلی فاصله دارند، و باید مسأله را با متغیرهای طراحی گسسته حل نمود. برخی از روش های نوین بهینه سازی بر اساس متغیرهای گسسته عمل می نمایند و در صورت پیوسته بودن متغیرها، آن ها را به طرق مختلف منفصل می کنند. در هر صورت، انتخاب متغیرهای طراحی، در موفقیت فرآیند بهینه سازی بسیار مؤثر است [1].

۲-۳ تابع هدف^{۲۵}

²³ . Continuous

²⁴ . Discrete

²⁵ . Object Function

اهمیت طراحی سازه ها با وزن کمینه ، اولین بار توسط صنایع هوا-فضا مورد توجه قرار گرفت که در آن طراحی بهینه سازه ها و قطعات هواپیما بر اساس وزن آن پایه ریزی شده بود و هزینه اهمیت چندانی نداشت. در دیگر صنایع ، مربوط به سیستم های مهندسی عمران ، مکانیک و خودرو ممکن است ، هزینه در درجه اول اهمیت باشد. البته شایان ذکر است که در هر حال وزن سیستم ، هزینه و عملکرد آن را تحت تأثیر قرار می دهد. در هر صورت ، به طور کلی به دلیل کمبود مواد خام و نقصان شدید منابع انرژی شناخته شده ، موجب تمایل به داشتن سازه های سبک ، کارآ و ارزان قیمت شده است.

طراحی بر اساس وزن ، هزینه و ... سبب می شود ، تا در بهینه سازی تابع $F(X)$ و یا توابع $F(X)=[f_1(x), f_2(x), \dots]$ وجود داشته باشند ، که از آن به عنوان معیار مؤثر بودن طراحی استفاده شود. اصطلاح معمول برای چنین توابعی ، توابع هدف می باشد. برای مثال در مسائل بهینه سازی سازه ها می توان ، وزن^{۲۶} ، تغییر مکان^{۲۷} ، تنش ها^{۲۸} ، بسامدهای ارتعاشی^{۲۹} ، بارهای کمانشی^{۳۰} ، هزینه^{۳۱} و یا هر ترکیبی از این ها را به عنوان توابع هدف به کار برد.

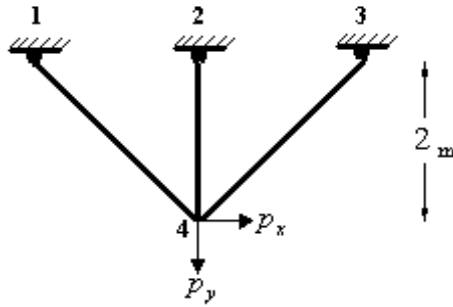
اما کار کردن با توابع هدف چند گانه پیچیده است و معمولاً از آن پرهیز می شود. دو روش عمومی برای کاهش توابع هدف به یک تابع وجود دارد [1].

روش اول: تشکیل تابع هدف مرکبی که جایگزین همه ی توابع هدف می شود

روش دوم: انتخاب مهمترین تابع هدف از میان توابع هدف و اعمال محدودیت به جای سایر توابع هدف.

برای درک بهتر روش های فوق خردی^{۳۲} سه میله ایی زیر را در نظر بگیرید.

-
- 26 . Weight
 - 27 . Displacement
 - 28 . Stress
 - 29 . Vibrational Frequency
 - 30 . Buckling Load
 - 31 . Cost
 - 32 . Truss



شکل (۱-۲) - خرپای سه میله ای

مسئله طراحی ممکن است ، به شکل کمینه کردن جرم خرپا و تنش ها در اعضایش مطرح گردد ؛ پس چهار هدف وجود دارد: جرم و سه تنش.

براساس راهکار اول ، اگر جرم سازه را با m و تنش های سه میله را با σ_i که $i=1,2,3$ است ، نشان داده شود ؛ آن گاه می توان تابع هدف مرکب F را بشرح زیر بیان نمود.

$$F = A_0 m + A_1 \sigma_1 + A_2 \sigma_2 + A_3 \sigma_3 \quad (1-2)$$

که در آن A_i ، ضرایب وزنی انتخاب شده برای انعکاس اهمیت نسبی هر یک از چهار تابع هدف می باشد.

بر اساس روش دیگر ارائه شده می توان ، مسئله کمینه سازی جرم و طراحی خرپای سه میله ای را با شرط قیدهای کران دار بر روی مقادیر تنش ، رابطه سازی نمود.

۴-۲ قیود ۲۳

در رابطه سازی مثال خرپای سه میله ای که تنش ها دارای حدود بالا و پایینی بودند ، مفهوم حدود بر متغیرهای طراحی ، بیان شد. این قیود ، حد بالا و پایین متغیرهای طراحی ، به خاطر سادگی شان اغلب در روش های حل به شکل ویژه ای در نظر گرفته می شوند و قیود جانبی نامیده می شوند. قیودی که حد بالا و پایین مقادیر را اعمال می کنند به علت طبیعتشان قیود نامساوی نیز نامیده می شوند. گاهی اوقات نیاز به قیود مساوی است. به عنوان مثال ، اگر در نظر باشد خرپای سه میله ای به شکلی طراحی شود که مؤلفه ی عمودی تغییرمکان در نقطه اعمال نیرو صفر باشد. مثال دیگر از قید تساوی معادلات تعادل یک سازه است که باید بر حسب متغیرهای طراحی اش اغناء شود، نام برد. برخی از روش های بهینه سازی نمی توانند قیود تساوی را در نظر بگیرند و تنها می توان برایشان قیود نامساوی را تعریف نمود. در چنین مواقعی قید تساوی با دو قید نامساوی که دارای حد بالا و پایین می باشند ، جایگزین می شود که در آن ها حد بالا و پایین یکسان در نظر گرفته می شود. در هر صورت افزایش تعداد قیود مطلوب نمی باشد [1].

۲-۵ فضای طراحی

هر مسئله بهینه سازی ممکن است دارای چندین جواب مختلف باشد که بعضی از آن ها ممکن و برخی دیگر غیرممکن است. وظیفه طراحان پیدا کردن بهترین جواب های ممکن از میان جواب های مختلف است. پس جستجو برای بهینه یابی در یک فضای n بعدی از متغیرهای حقیقی R^n انجام می شود. هر نقطه این فضا یک طرح می باشد که می بایست مقبولیت آن بررسی شود.

به طور کلی ، فضای جستجوی^{۳۴} متغیرهای طراحی به دو ناحیه قابل قبول و غیر قابل قبول تقسیم می شود.

³⁴ . Search Space

۱. ناحیه ی قابل قبول عبارت است از تمامی نقاط طراحی امکان پذیر که همه ی قیود را برآورده می نمایند.

۲. ناحیه غیر قابل قبول عبارت است از مجموعه نقاط طراحی که دست کم یکی از قیود را نقض می نماید.

۲-۶ فرآیند حل مسائل بهینه سازی

همان طور که پیشتر بیان شد ، در اکثر مسائل بهینه سازی ، هدف پیدا کردن یک تابع هدف و یا تابع هزینه به صورت حداکثر یا حداقل ، تحت قیود مشخص می باشد. یعنی بطور ریاضی هدف پیدا کردن X_0 در A است. اگر

$$\forall X_0 \in A \quad \Rightarrow \quad F(X_0) \leq F(X) \quad (2-2)$$

مشروط به آن که

$$g_i(X_0) \leq 0 \quad i = 1, \dots, n$$

$$k_j(X_0) = 0 \quad j = 1, \dots, p$$

که در آن

A : فضای قابل قبول طراحی

F : تابع هدف

g : قیود نامساوی

k : قیود تساوی

می باشند.

روابط فوق شکل استاندارد یک مسأله بهینه سازی می باشد ، که به صورت یک مسأله کمینه سازی مطرح گردیده است.

پس از تشکیل مسئله بهینه سازی ، در فرآیند حل آن ، چند سؤال اساسی به وجود می آید:

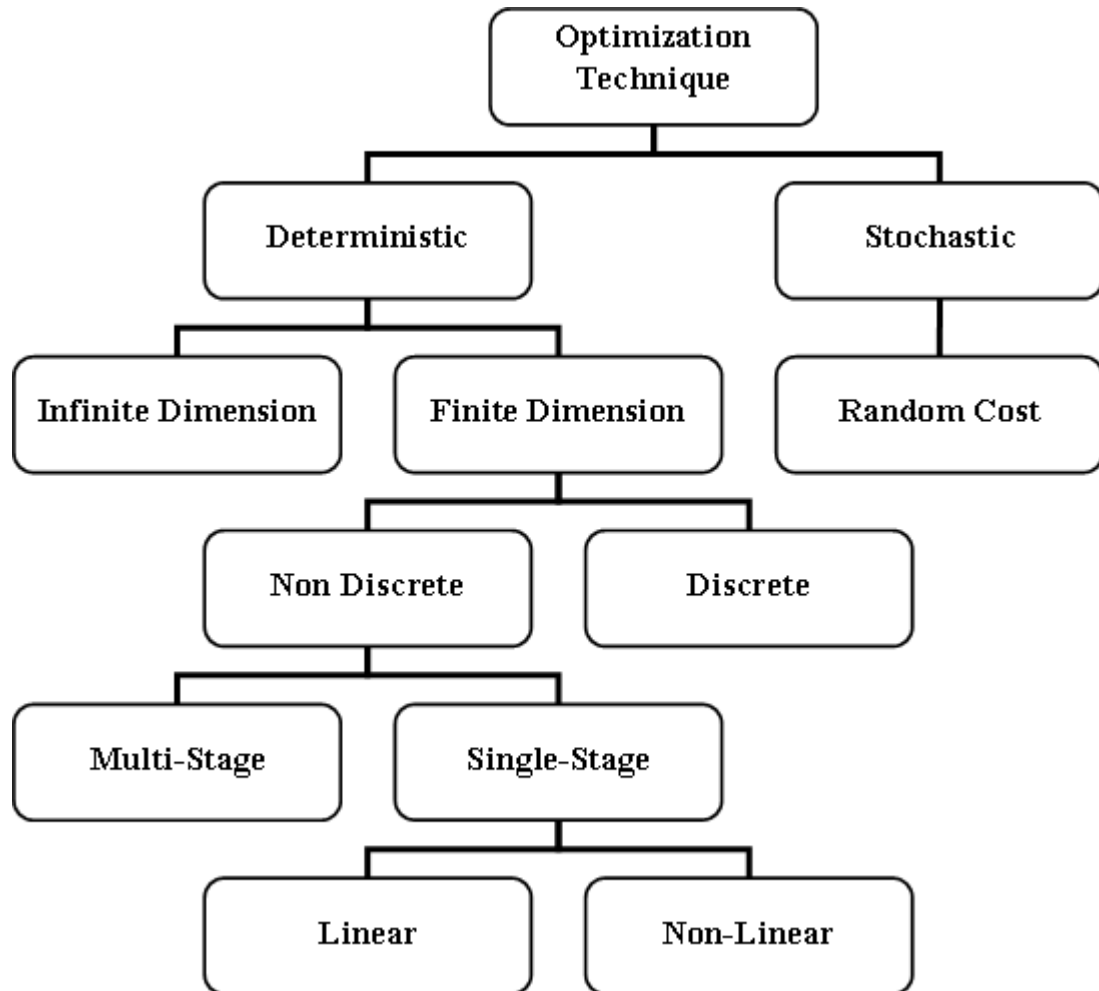
۱. اول اینکه ، آیا اساساً یک جواب حل یا جواب بهینه وجود دارد؟
۲. آیا این جواب یکتا است؟
۳. میزان حساسیت این جواب بهینه چقدر است؟
۴. رفتار مسئله به ازاء تغییرات کوچکی در پارامترهای آن چگونه خواهد بود؟
۵. روش حل آن چگونه است؟

در راستای پاسخ به این سؤالات و دیگر سؤالاتی از این قبیل ، از سال ۱۹۴۰ تاکنون روش های بهینه سازی متعددی مطرح شده است که به عنوان روش های کلاسیک شناخته می شوند. مهمترین آن ها عبارت است از:

۱. برنامه ریزی خطی^{۳۵}
۲. برنامه ریزی غیر خطی^{۳۶}
۳. برنامه ریزی پویا^{۳۷}
۴. روش اکتشافی^{۳۸}
۵. روش صف^{۳۹}
۶. روش جایگزینی^{۴۰}

35 . Linear Programming
36 . Non Linear Programming
37 . Dynamic Programming
38 . Inventory
39 . Queuing
40 . Replacement

در یک طبقه بندی کلی روش های بهینه سازی را می توان به صورت شکل (۲-۲) نشان داد [3].



شکل (۲-۲) - نمودار روش های بهینه یابی

عموماً در روش های بهینه سازی جستجو به دو طریق انجام می شود:

۱. قطعی^{۴۲}

⁴¹ . Scheduling

⁴² . Deterministic

۲. محتمل یا غیر قطعی^{۴۳}

از روش قطعی می توان به الگوریتم Steep gradient و از روش غیرقطعی می توان به روش تصادفی^{۴۴}

اشاره نمود.

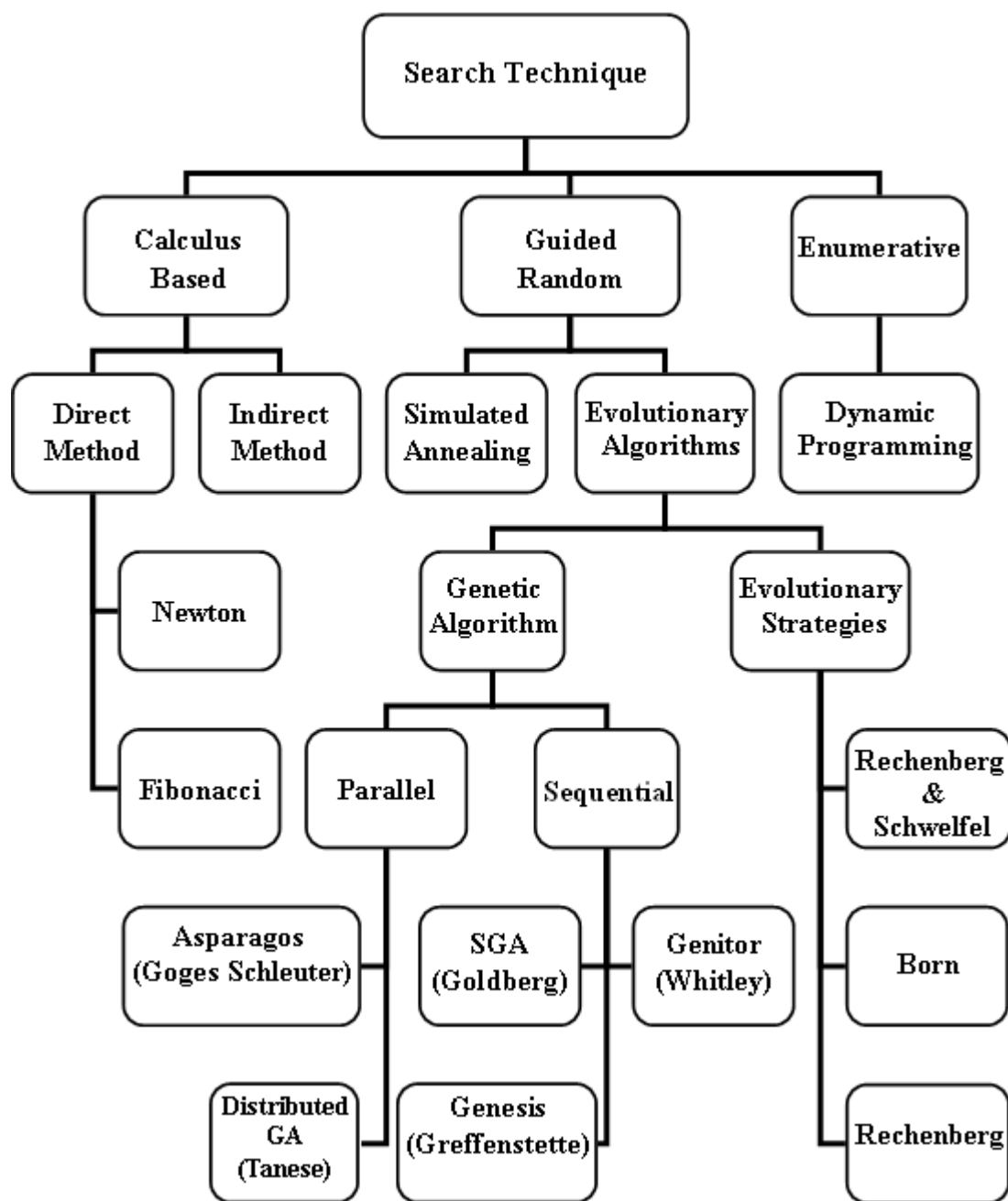
معمولاً برای حل معادلات غیرخطی از تکنیک جستجوی کلاسیک^{۴۵} استفاده می شود. شکل (۲-۳)

روش های پایه کلاسیک و روش های جدید را به صورت طبقه بندی نشان می دهد [3].

⁴³ . Stochastic

⁴⁴ . Random

⁴⁵ . Classic Search



شکل (۲-۳) - نمودار روش های کلاسیک و نوین بهینه یابی

در هر صورت ، در میان فنون متعدد بهینه سازی ، اکثر آن ها برای حرکت به سمت نقطه کمینه

بشرح زیر عمل می نمایند:

- انتخاب نقطه یا نقاط شروع و شناسایی مجموعه قیود.

۲. محاسبه تابع هدف و مجموعه قیود و در برخی از روش ها شناسایی جهت جستجو برای یافتن نقطه یا نقاط جدید.

۳. بررسی شرط خاتمه برای انجام حرکت بعدی

۲-۷ روش های نوین بهینه سازی

در چهار دهه گذشته ، الگوریتم های زیادی برای حل مسائل بهینه سازی ارائه شده است. اغلب این الگوریتم ها بر اساس روش های برنامه ریزی خطی و غیر خطی می باشد که نیازمند اطلاعات جامع و ریاضیات قوی می باشد. در گذر فرآیندهای بهینه سازی ، افراد متعددی برای گریز از روابط سنگین ریاضی و به دلایل مختلف دیگر ، به روش های نوین و فرا ذهنی بهینه سازی روی آوردند. امروزه روش های نوین بهینه سازی که بر پایه الهام از فرآیندهای طبیعی بنا شده است ، در حل بسیاری از مسائل مختلف مورد استفاده قرار می گیرند که عمده ترین آن ها عبارتند از:

1. Simulated Annealing
2. Ant Colony
3. Random Cost
4. Evolution Strategy
5. **Genetic Algorithm**
6. Cellular Automata
7. Harmony Search
8. Tabu Search
9. Swarm Optimization

روش Simulated Annealing که تقلیدی از پدیده سرد شدن فلزات ، برای ساخت یک روال جستجو است و یا روش Ant Colony که با الهام از زندگی دسته جمعی حشرات به خصوص مورچه پی ریزی شده است و از آن به عنوان هوش مصنوعی^{۴۶} نیز یاد می شود. این روش در حل مشکلات ترافیک شبکه ها و مسیریابی در سیستم های مخابراتی شلوغ استفاده شده است. این روش اولین بار توسط دنیوبورگه^{۴۷} مطرح و بعدها توسط دوریگو^{۴۸} در سال ۱۹۹۹ توسعه یافت [3].

از میان تمامی روش های فوق ، الگوریتم ژنتیک با کاربرد بسیار وسیع در علوم مختلف ، جایگاه ویژه ای در میان روش های بهینه سازی دارد. این الگوریتم امروزه در بسیاری از علوم مختلف مثل زیست شناسی ، علوم فنی و مهندسی ، علوم پایه ، علوم اجتماعی و ... کاربرد دارد و همین مطلب سبب رشد روز افزون این علم نوین بهینه سازی شده است. در این پایان نامه به کمک این علم به بهینه سازی سازه های خرپایی پرداخته شده است. بدین منظور در فصل بعد به معرفی نسبتاً جامع علم الگوریتم ژنتیک پرداخته شده است.

⁴⁶ . Swarm Intelligence

⁴⁷ . Deneubourge

⁴⁸ . Dorigo

الگوریتم ژنتیک یکی از زیر مجموعه های الگوریتم های تکاملی^{۴۹} است که رابطه مستقیمی با مبحث هوش مصنوعی دارد. الگوریتم ژنتیک یا به اختصار GA، یک روش جستجوی مؤثر در فضاهای طراحی بسیار وسیع و بزرگ است که در نهایت منجر به جهت گیری به سمت یافتن یک جواب بهینه می گردد. الگوریتم های ژنتیک را می توان یک روش جستجوی کلی نامید، که از قوانین تکامل بیولوژیکی طبیعی تقلید می کند. الگوریتم های ژنتیک تفاوت های زیادی با روش های بهینه سازی قدیمی دارند. در این الگوریتم ها باید فضای طراحی به فضای ژنتیک^{۵۰} تبدیل شود؛ لذا می بایست متغیرهای طراحی بصورت کد مطرح گردند، تا بیانگر طرح مورد نظر در فضای طراحی و فضای ژنتیک باشند. تفاوت اصلی الگوریتم ژنتیک با روش های قدیمی در آن است که GA در یک لحظه خاص با مجموعه ای از نقاط کار می کند، در حالیکه روش های قدیمی بهینه سازی تنها برای یک نقطه خاص عمل می نمایند. به عبارت دیگر، GA در هر تکرار و نسل مجموعه ای از طرح های ممکن را مورد پردازش قرار می دهد. در نگاه اول ممکن است به نظر برسد که این پردازش، یک جستجوی تصادفی^{۵۱} است. در حالیکه با نگاهی عمیق می توان مشاهده نمود که GA، یک جستجوی تصادفی هدایت شده در راستای طرح بهینه است.

۳-۲ تاریخچه الگوریتم های ژنتیک

⁴⁹ . Evolutionary Algorithm

⁵⁰ . Genetic Space

⁵¹ . Random Search

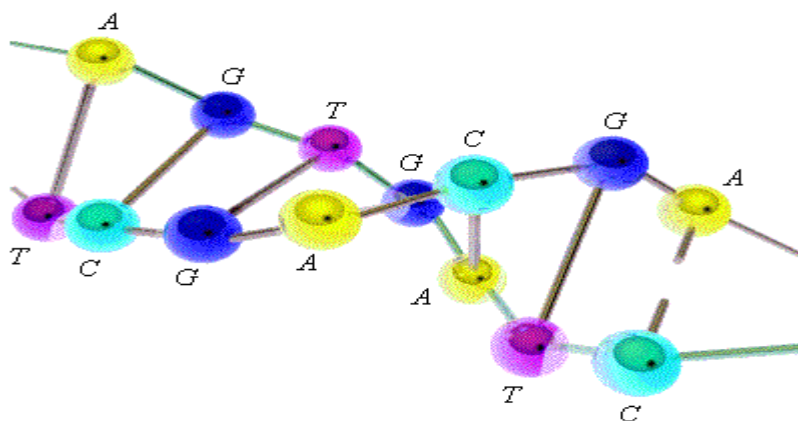
ایده اصلی الگوریتم های تکاملی در سال ۱۹۶۰ توسط ریچنبرگ^{۵۲} مطرح شد که تحقیق وی در مورد استراتژیهای تکاملی^{۵۳} بود [3]. بعدها نظریه وی توسط محققان زیادی مورد بررسی قرار گرفت تا منجر به طرح الگوریتم ژنتیک شد. الگوریتم های ژنتیک در حقیقت ، روش جستجوی کامپیوتری بر پایه الگوریتم های بهینه سازی و بر اساس ساختار ژن^{۵۴} ها و کروموزوم^{۵۵} ها است که توسط جان هولند^{۵۶} در سال ۱۹۷۵ در دانشگاه میشیگان مطرح شد [4] و پس از وی توسط جمعی از دانشجویانش مثل گلدبرگ^{۵۷} و آنن آربور^{۵۸} توسعه یافت. در سال ۱۹۹۲ جان کوزا^{۵۹} از الگوریتم ژنتیک برای حل و بهینه سازی مسائل مهندسی پیشرفته استفاده کرد و توانست برای اولین بار روند الگوریتم ژنتیک را به زبان کامپیوتر درآورد و برای آن یک زبان برنامه نویسی ابداع کند که به این روش برنامه نویسی، برنامه نویسی ژنتیک^{۶۰} می گویند. نرم افزاری که توسط وی ابداع گردید به نرم افزار LISP مشهور است که هم اکنون نیز کاربرد فراوانی در حل و بهینه سازی مسائل مهندسی دارد [4]. از آن پس تا به امروز کتاب های متعددی توسط افرادی چون گلدبرگ ، دب^{۶۱} و جنکینز^{۶۲} به رشته تحریر در آمده است و پس از آن بسیاری از محققین مقالات متنوعی درباره ، بسط دامنه کاربرد GA ، بهبود نتایج و افزایش سرعت محاسبات، ارائه نموده اند. این الگوریتم امروزه به دلیل کاربرد فراوان، از جایگاه ویژه ای در میان روش های بهینه سازی برخوردار است.

همان طور که اشاره شد ، منشاء الگوریتم ژنتیک از مباحث مربوط به زیست شناسی و آناتومی یک موجود زنده است. لذا در ادامه شرح مختصری در این زمینه ارائه می شود.

52 . Rechenberg
53 . Evolutionary Strategies
54 . Gene
55 . Chromosome
56 . John Holland
57 . Goldberg
58 . Ann Arbor
59 . John Koza
60 . Genetic Programming (GP)
61 . Deb
62 . Jenkins

۳-۳ پیش زمینه بیولوژیکی ژن ها و کروموزوم ها

بدن موجودات زنده از سلول تشکیل شده است. در هر سلول مجموعه ای از کروموزوم ها به شکل رشته ای از DNA وجود دارند. به هر بلوک DNA یک ژن می گویند و هر ژن نیز از یک پروتئین خاص و منحصر به فرد تشکیل شده است [5]. این مطلب در شکل (۱-۳) نشان داده شده است.



شکل (۱-۳) - رشته DNA

هر ژن یک الگوی خاص را رمز گشایی^{۶۳} می کند. به عبارت دیگر هر ژن یک صفت^{۶۴} را مشخص می نماید. مثلاً رنگ چشم یک فرد به عنوان یک صفت است. مجموعه ای از این صفت ها آلل^{۶۵} نامیده می شود. از سوی دیگر هر ژن دارای موقعیت مشخص در کروموزوم است که به این موقعیت لوکاس^{۶۶} می گویند. مجموعه کامل ماده ژنتیکی ژنوم^{۶۷} نامیده شده و هر مجموعه خاصی از ژن ها را در ژنوم، ژنوتیپ^{۶۸} می نامند که این ژنوتیپ اساس فنوتیپ^{۶۹} بوده و ویژگی فیزیکی و فکری مثل رنگ چشم و هوش و ... را بوجود می آورد [5].

63 . Decode
64 . Trait
65 . Alleles
66 . Locus
67 . Genome
68 . Genotype
69 . Phenotype

در یک نگاه کلی اصطلاحاتی که از مباحث زیست‌شناسی به مبحث الگوریتم ژنتیک وارد شده است را می‌توان به شرح زیر دسته‌بندی نمود:

- ۱- تولید مثل^{۷۰} که به تولید کروموزوم‌های جدید با ویژگی‌های والدین خود، منجر می‌شود.
- ۲- جهش^{۷۱} که سبب ایجاد تغییرات ناگهانی در DNA می‌شود.
- ۳- مناسب بودن^{۷۲} که برای یک موجود زنده میزان شایستگی آن در ادامه حیات است.

در هنگام تولید سلول‌های جدید یک تلفیق^{۷۳} توسط عمل ادغام صورت می‌گیرد. در این فرآیند ژن‌های والد، کروموزوم‌های جدید را تشکیل می‌دهند. احتمال دارد این مولودهای جدید جهش‌یابند. یعنی DNA آن‌ها دستخوش تحول و تغییرات شود. این تغییرات ممکن است همراه با خطا در کپی‌شدن ژن‌های والد صورت بگیرد. معیار مناسب بودن یک ارگانیسم با توجه به موفقیت این ارگانیسم در ادامه حیات آن تعیین می‌شود.

در ادامه با توضیحات ارائه شده به بررسی نحوه خودنمایی و جایگاه هر یک از مطالب بالا در الگوریتم ژنتیک پرداخته شده است.

۳-۴ بهینه‌یابی با الگوریتم‌های ژنتیک

⁷⁰ . Cross Over

⁷¹ . Mutation

⁷² . Fitness

⁷³ . Recombination

الگوریتم ژنتیک با الهام از نظریه داروین^{۷۴} درباره حیات بهترین ها شکل گرفته است که بر اساس آن بهترین ها حق بقا دارند ، بنابراین می توان گفت [3]:

« GA بر اساس اصل " ادامه حیات بهترین ها " و " تکثیر نوع برتر " پی ریزی شده است.»

این روش هوشمند بطور موفقیت آمیزی طرح بهینه عمومی^{۷۵} را بدون در نظر گرفتن فرضیات محدود کننده ای از قبیل پیوسته بودن فضای جستجو و یا وجود مشتقات پیدا می کند. فرآیند GA بر روی متغیرهای طراحی رمز شده که رشته ای از کاراکترها با طول محدود هستند ، انجام می گیرد. مزیت کار با متغیرهای کد شده در این است که اصولاً کدها قابلیت تبدیل فضای پیوسته به فضای گسسته را دارند [6].

الگوریتم GA در ابتدا با مجموعه ای از جواب های تصادفی (کروموزوم ها) که به آن جمعیت^{۷۶} گفته می شود ، آغاز می گردد. از این جواب ها برای ساخت جمعیت بعدی استفاده می شود، به این امید که جمعیت های جدید بهتر از جمعیت های قدیم باشند. زیرا روش هایی که برای انتخاب جمعیت جدید استفاده شده با توجه به مناسب بودن آن ها صورت گرفته است. پس بهترین ها شانس بیشتری برای تولید مثل و ادامه حیات خواهند داشت. این فرآیند آنقدر تکرار می شود تا براساس معیار همگرایی طرح نزدیک به بهینه حاصل شود.

در بهینه یابی از طریق GA چهار مرحله اساسی انجام می پذیرد [6]:

۱. تولید تصادفی مجموعه ای از طرح ها ، که بدان جمعیت اولیه گفته می شود. هر عضو این جمعیت یک کروموزوم می باشد که بصورت کد^{۷۷} بوده و رشته^{۷۸} نامیده می شود. هر رشته متناسب با تعداد متغیرهای طراحی ، به چندین زیر رشته^{۷۹} تقسیم می شود. زیر رشته مجموعه

74 . Darwin
75 . Global Optimum
76 . Population
77 . Code
78 . String
79 . Substring

ای از بیت^{۸۰} ها می باشد که بصورت زنجیر در کنار هم چیده شده اند. هر بیت هم ارز با یک ژن در فضای ژنتیک می باشد. تعداد بیت های هر زیررشته به نحوی تعیین می شوند تا بتوان کلیه اطلاعات متغیر طراحی را مابین حدود بالا و پایین در مرحله رمز گشایی بدست آورد.

۲. با رمزگشایی ، مقدار متغیرهای طراحی در هر رشته ارزیابی و مقادیر تابع هدف تعیین می گردد.

۳. مسأله بهینه یابی مقید با تعریف تابع پناستی^{۸۱} و ترکیب آن با تابع هدف و ایجاد تابع هدف

اصلاح شده^{۸۲}، به یک مسأله بهینه یابی نامقید تبدیل می شود. در ادامه با تعریف تابع شایستگی ، به هر کروموزوم ، یک مقدار شایستگی اختصاص داده می شود. سپس با الهام از قوانین تکامل طبیعی و روش هایی که در ادامه ارائه می شود، بهترین کروموزوم ها بر مبنای میزان شایستگی انتخاب می شوند.

۴. در این مرحله ، جمعیت جدید بر مبنای عملگرهای GA که در ادامه به شرح تفصیلی آن پرداخته

شده است ، تشکیل می شود. پس از آن جمعیت فرزندان^{۸۳} برای نسل^{۸۴} بعد به کار گرفته می شود. این مراحل تا ارضای شرط خاتمه و یا به تعداد نسل های پیش بینی شده برای کسب بهینه عمومی تکرار می شود.

اساساً برای پیاده سازی مراحل GA به شکلی صحیح می بایست سه مفهوم زیر مشخص شود:

۱- تعریف تابع هدف به شکلی صحیح

۲- تعریف فضای ژنتیک بر اساس قیود مسئله

۳- تعریف و پیاده سازی صحیح عملگرهای GA

80 . Bite

81 . Penalty Function

82 . Modified Objective Function

83 . Offspring

84 . Generation

در فرآیندهای به ظاهر ساده فوق ، نکات عمیق و مهمی نهفته است که در بخش های بعد به طور اجمالی بحث شده است.

۳-۴-۱ کد کردن مقادیر

براساس تعریف هوند ، روش های متعددی برای نمایش ژن های منفرد وجود دارد. مثلاً می توان آن ها را به صورت رشته ، آرایه^{۸۵} ، درخت^{۸۶} یا لیست^{۸۷} نشان داد. اما در هر صورت ، یک سیستم کدگذاری خوب باید دارای خواص زیر باشد [4]:

- ۱- تبدیل بین عناصر گذشته و گذشته ، یک تبدیل یک به یک باشد.
- ۲- کروموزوم هایی که هم ارز با هیچ متغیر طراحی نیستند، قابل ترمیم باشند.
- ۳- هر نقطه در فضای طراحی قابل تبدیل به یک کروموزوم باشد.
- ۴- خواص خوب والدین قابل انتقال به فرزندان باشد.
- ۵- تغییر اندک در متغیرهای کد شده باعث ایجاد تغییرات کوچک در متغیرهای کد نشده گردد.

شیوه های مختلفی برای کدگذاری وجود دارد ؛ که در اینجا به شرح برخی از آن ها پرداخته شده است.

۳-۴-۱-۱ کد مبنای دو (کد دودویی)^{۸۸}

⁸⁵ . Array
⁸⁶ . Tree
⁸⁷ . List
⁸⁸ . Binary Code

یک مثال : مسأله ی کوله پشتی [5]

در این مسئله فرض می شود که اشیایی با مقدار و اندازه مشخص وجود دارد و قرار است که در یک کوله پشتی با ظرفیت مشخص قرار داده شوند. نحوه ی انتخاب اشیاء با توجه به حداقل فضایی که اشغال می کنند و استفاده بهینه از فضای کوله پشتی صورت می گیرد.

برای حل این مسئله فرض شده است ، هر بیت بیانگر حضور یا عدم حضور اشیاء در کوله پشتی باشد. روش مذکور از روش های متداول در حل مسائل GA به شمار می رود. شکل (۲-۳) کروموزوم هایی را به صورت باینری^{۸۹} نشان می دهد:

Chromosome A	101101100011
Chromosome B	010011001100

شکل (۲-۳) - نمایش کروموزوم ها به صورت باینری

برای حل مسائل بهینه یابی در GA باید متغیرهای مجهول به صورت یک رشته بیان شود. طول این رشته با توجه به محدوده ی متغیرهای طراحی و دقت مسئله مشخص می شود. برای مثال با رشته ای به طول ۴ بیت می توان ۱۶ عدد را نمایش داد. به طور کلی اگر یک تابع دو متغیره را کد شود ، با فرض طول رشته ی ۴ بیتی برای هر متغیر و نمایش متغیرها با X_1 و X_2 به صورت (0110 1011) ، یک کروموزوم ۸ بیتی بشرح زیر شکل می گیرد [3]:

Chromosome \Rightarrow 10110110

که هر متغیر آن دارای حدود بالا و پایینی بشرح زیر می باشد:

$$X_i^L \leq X_i \leq X_i^U \quad (1-3)$$

⁸⁹ . Binary

$$(0000\ 0000), (1111\ 1111) \Leftrightarrow (X_1^L, X_2^L), (X_1^U, X_2^U) \quad (2-3)$$

در واقع 0000 و 1111 مقادیر کد شده کمینه و بیشینه می باشند.

پس با توجه به اینکه یک رشته n بیتی، اعداد 0 تا $2^n - 1$ را کد می نماید؛ لذا مقدار عددی هر زیررشته برابر است با [3]:

$$\sum_{k=0}^{k=n_i-1} 2^k S_k \quad (3-3)$$

که هر بیت S می تواند اعداد 0 و 1 را اختیار نماید و به صورت رشته زیر نمایش داده می شود:

$$S_{n-1} \dots S_3 S_2 S_1 S_0 \quad (4-3)$$

روش رمز کردن دودویی مرسوم ترین روش در GA، برای نمایش رشته ای متغیرهای طراحی می باشد. ویژگی اصلی این شیوه نمایش، انطباق آن با ذات عملگرهای GA می باشد. از سوی دیگر قضیه الگو⁹⁰ نیز بر اساس این شیوه نمایش مطرح می شود که در جای خود بحث خواهد شد. این شیوه نمایش، خصوصیات مناسب برای یک سیستم کدگذاری را دارا می باشد.

۳-۴-۱-۲ روش کدگذاری جایگشتی⁹¹

این روش در حل مسائلی که به صورت ترتیبی هستند (نظیر فروشنده دوره گرد⁹² (TSP)) کاربرد دارد [5]. همان طور که در شکل (۳-۳) مشاهده می شود، در این روش کروموزوم ها به صورت رشته ای از اعداد نمایش داده می شود که هر یک از این اعداد بر اساس یک ترتیب قرار گرفته اند.

90 . Schema Theorem

91 . Permutation Encoding

92 . Traveling Salesman Problem

Chromosome A	1	9	6	7	4	2	5	8	3
Chromosome B	4	1	5	9	2	6	7	8	3

شکل (۳-۳) - کد گذاری جایگشتی

۳-۴-۱-۳ روش کدگذاری مقدار^{۹۳}

در این روش هر کروموزوم به صورت رشته ای از مقادیر است که این مقادیر می توانند هر چیز مرتبط با مسئله باشند. مثلاً اعداد اعشاری و یا اشیاء کد شده که در شکل (۳-۴) مثالی از این روش ها نشان داده شده است.

Chromosome A	1.5642	7.486	1.3	0.768
Chromosome B	(Up)	(Down)	(Left)	
Chromosome C	abcdefghijklmnopq...			

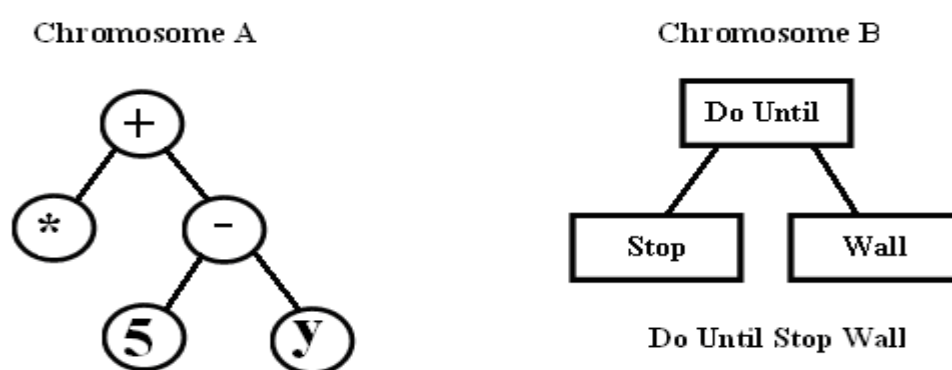
شکل (۴-۳) - کد گذاری مقدار

امروزه از این شیوه نمایش در مسائل بهینه سازی سازه ها نیز استفاده می شود که متناسب با زوایای دید مختلف دارای معایب و محاسن گوناگونی بوده و مقالات متعددی در این باب مطرح شده است. در این شیوه دقت مورد نیاز در اعداد حفظ شده و طول کروموزوم نسبت به روش کدگذاری دودویی، کوتاهتر است؛ اما از سوی دیگر این شیوه نمایش نیاز به متدهای خاصی برای اعمال عملگرهای GA بر روی کروموزوم ها دارد.

⁹³ . Value Encoding

۳-۴-۱-۴ روش کدگذاری درختی^{۹۴}

از این روش برای برنامه نویسی ژنتیک و زبان های برنامه نویسی استفاده می شود. در روش کد گذاری درختی هر کروموزوم به صورت یک درخت از اشیا مثل توابع یا دستورات^{۹۵} است. شکل (۳-۵) شیوه کدگذاری درختی را نشان می دهد [3]. به عنوان مثال در زبان برنامه نویسی LISP^{۹۶} از این تکنیک استفاده شده است [7].



شکل (۳-۵) - کد گذاری درختی

در ادامه چگونگی ارزیابی شایستگی یک متغیر طراحی گذشته (کروموزوم) مطرح می شود.

۳-۴-۲ شایستگی هر کروموزوم

همان طور که پیشتر بیان شد ، GA ، مسئله بهینه یابی مقید را با تعریف تابع پناستی که وابسته به میزان نقض قیود است و ترکیب آن با تابع هدف و ایجاد تابع هدف اصلاح شده ، به یک مسئله بهینه یابی نامقید تبدیل می نماید. در ادامه با کمک مقادیر تابع هدف اصلاح شده تابع شایستگی تعریف می گردد.

⁹⁴ . Tree Encoding

⁹⁵ . Command

⁹⁶ . **LIS**t Processor

سپس با توجه به تابع شایستگی ، به هر کروموزوم یک مقدار شایستگی اختصاص می یابد. اما آنچه که در روند فوق حائز اهمیت است ؛ چگونگی محاسبه تابع پنالتی و تابع هدف اصلاح شده است تا با کمک این توابع ، تابع شایستگی تعریف شود. بنابراین در ادامه به بررسی توابع فوق الذکر پرداخته می شود.

۳-۴-۲-۱ تابع پنالتی

تابع پنالتی یا جریمه ، همان طور که از نامش مشخص است ، مقداری است که به عنوان جریمه به تابع هدف اعمال می شود ؛ این جریمه به دلیل نقض قیود می باشد. در واقع به واسطه تعریف تصادفی متغیر یا متغیرهای طراحی قیود مسئله نقض می شود ، بنابراین کروموزوم ناقض قیود جریمه می شود. طبیعی است که هر کروموزومی قیود مسئله را بیشتر نقض نماید ، مقدار تابع پنالتی متناظر آن بیشتر است و بالطبع جریمه بیشتری به مقدار تابع هدف مربوط به این کروموزوم اعمال می شود.

محققین و دست اندرکاران GA ، روابط متعددی را برای تابع پنالتی و چگونگی محاسبه مقدار جریمه ارائه نموده اند که در ذیل به بررسی تعدادی از آن ها بر حسب اهمیت و کاربردشان پرداخته شده است [8].

۱. راجیو و کریشنامورتی^{۹۷} تابع پنالتی را بشرح زیر پیشنهاد می نمایند [9].

$$f_{Penalty} = F(X) * K * C \quad (۵-۳)$$

که

$$C = \sum_{q=1}^Q \max[0, g_q(X)] \quad (۶-۳)$$

در روابط فوق

⁹⁷. S.Rajeev & C.S.Krishnamoorthy

X : بردار متغیر طراحی

Q : تعداد کل قیود حاکم بر مسئله

$f_{Penalty}$: تابع جریمه

$F(X)$: تابع هدف

$g_q(X)$: میزان نقض سازه در ارتباط با هر یک از قیود

و ثابت $K=10$ در نظر گرفته می شود.

۲. راجان^{۹۸} تابع پنالتی را به صورت زیر تعریف می نماید [10].

$$f_{Penalty} = r * C \quad (۷-۳)$$

در روابط فوق

$$r = K' * F_{\min} \quad \& \quad C = \sum_{q=1}^Q \max[0, g_q(X)] \quad (۸-۳)$$

می باشد. C مشابه رابطه (۳-۶) می باشد و K' عددی ثابت که با نظر طراح انتخاب می شود. F_{\min} حداقل مقدار شایستگی برای کلیه طرح های قابل قبول نسل قبلی می باشد و مقدار r در نسل اول، یک مقدار فرضی و تخمینی در نظر گرفته می شود.

۳. ارباتور و همکاران^{۹۹} یک تابع پنالتی پویا بشرح زیر ارائه می دهند [11]:

$$f_{Penalty} = (r_0 * g_c)^2 \sum_{q=1}^Q [g_q(X) * K] \quad (۹-۳)$$

که در آن

⁹⁸. S.D.Rajan

⁹⁹. Erbatur et al

$g_q(X)$: میزان نقض سازه در ارتباط با هر یک از قیود

g_c : شماره نسل و ثابت $K=10$ و $r_0=0.5$ پیشنهاد شده است.

۴. کلات جاری تابع پنالتی پویای زیر را پیشنهاد می نماید [6]:

$$f_{Penalty} = F(X) * K * C \quad (۱۰-۳)$$

در رابطه فوق

$$C_g = \sum_{j=1}^{nlc} \sum_{q=1}^Q \max[0, g_q(X)] \quad (۱۱-۳)$$

$$K = K_j + \ln(j'); \quad j=1, \dots, nk, \quad j'=1, \dots, ng \quad (۱۲-۳)$$

می باشد. که در آن

C_g : مجموع کل نقض های صورت گرفته توسط سازه با کروموزوم مربوطه

$g_q(X)$: مشخصه میزان نقض برای هر کروموزوم

nlc : کل تعداد وضعیت های بارگذاری

Q : تعداد کل قیود حاکم بر مسئله

K_j : مقدار ثابت وابسته به حلقه تکرار j ام (به تعداد کل nk)

j' : شمارنده حلقه تکرار مربوط به هر نسل به تعداد کل ng

K : ثابت تابع پنالتی پویا

است.

هر یک از روابط پیشنهادی برای تابع پناستی به نحوی مقدار جریمه را متناسب با میزان نقض قیود محاسبه می نماید که این مطلب وجه اشتراک تمامی روابط فوق می باشد.

در گام بعدی برای رسیدن به مقدار شایستگی هر کروموزوم می بایست تابع هدف اصلاح شده و در پی آن تابع شایستگی را محاسبه شود؛ هر کدام از این توابع نیز بر اساس دیدگاه های مختلف به طرق گوناگون مطرح شده است که در ذیل به شرح اهم این دیدگاه ها بر حسب کاربردشان پرداخته شده است.

۳-۴-۲-۲ تابع شایستگی^{۱۰۰}

تابع شایستگی معمولاً براساس تابع هدف اصلاح شده تعریف می شود و بایستی مقدار آن مثبت باشد. تابع هدف اصلاح شده نیز عموماً براساس مقادیر تابع جریمه و تابع هدف تنظیم می شود. محققین GA روابط متنوع و گوناگونی را برای تابع هدف اصلاح شده و تابع شایستگی ارائه داده اند که برخی از آن ها عبارتند از:

۱- گلد برگ در کتاب خود، مرجع [12]، تابع هدف اصلاح شده را مطابق رابطه (۳-۱۳) محاسبه می نماید؛ اما برای تابع شایستگی پیشنهاد می کند که تابع هدف اصلاح شده هر کروموزوم از یک مقدار بزرگ کم شود تا مقدار شایستگی هر کروموزوم بصورت مثبت محاسبه گردد. وی این مقدار ثابت بزرگ را به عهده طراح می گذارد.

$$\phi(X) = F(X) + f_{Penalty} \quad (۳-۱۳)$$

۲- راجیو و کریشنا مورتی، تابع هدف اصلاح شده و تابع شایستگی را بشرح زیر پیشنهاد می نمایند

[8] و [9]:

¹⁰⁰ . Fitness Function

$$\phi(X) = F(X) + f_{Penalty} \quad (۱۳-۳)$$

$$R(X) = [\phi_{\max}(X) + \phi_{\min}(X)] - \phi(X) \quad (۱۴-۳)$$

در روابط فوق

$\phi(X)$: تابع هدف اصلاح شده

$R(X)$: تابع شایستگی

$f_{Penalty}$: تابع جریمه

$F(X)$: تابع هدف

$\phi_{\max}(X)$: حداکثر مقادیر تابع هدف اصلاح شده در جمعیت حاضر

$\phi_{\min}(X)$: حداقل مقادیر تابع هدف اصلاح شده در جمعیت حاضر

است.

در هر صورت مطلب زیر در تمامی روابط و نظریات مربوط به تابع شایستگی حاکم است:

۱- در مسئله کمینه سازی ، کروموزومی با کمترین مقدار تابع هدف اصلاح شده ، بیشترین مقدار

شایستگی را به خود اختصاص می دهد ؛ لذا شانس بیشتری برای حضور در جمعیت بعدی دارد.

۲- مقادیر تابع شایستگی ، همواره مقداری مثبت است.

در نهایت امر تابع شایستگی به ازای هر کروموزوم محاسبه و میزان شایستگی هر کروموزوم بدست می

آید. حال زمان آن فرا رسیده است، تا با کمک مقادیر تابع شایستگی بهترین ها برای نسل بعد برگزیده شوند.

این مهم در فرآیند کلی به نام انتخاب به شرح زیر تبلور می یابد.

۳-۴-۳ انتخاب^{۱۰۱}

در فرآیند انتخاب کروموزوم های شایسته از میان جمعیت به عنوان والد انتخاب و سپس براساس فرآیند پیوند ، کروموزوم های جدید به نام فرزندان تولید می شوند.

روش های متنوعی در GA برای انتخاب کروموزوم های شایسته وجود دارد ، اما هدف اصلی در همه ی آن ها انتخاب کروموزوم هایی (طرح هایی) با میزان شایستگی بالا از جمعیت جاری و تکثیر آن ها ، طی قرارگیری در مکانی به نام استخر تولید مثل^{۱۰۲} است. کروموزوم های با مقدار شایستگی بالاتر، از شانس بیشتری برای حضور در استخر تولید مثل برخوردار خواهند بود. عکس این مطلب نیز صادق است، یعنی کروموزوم هایی با مقدار شایستگی کمتر ، احتمال کمتری برای انتقال در استخر تولید مثل خواهند داشت. نحوه انتخاب در روش های مختلف ، متفاوت است ؛ اما معیار تمامی روش های انتخاب ، میزان شایستگی برای هر کروموزوم می باشد. یعنی هر کروموزومی که شایستگی بیشتری دارد ، بالطبع شانس بیشتری برای حضور در استخر تولید مثل پیدا می کند.

در ادامه به تفصیل و شرح مهمترین و رایج ترین روش های انتخاب ، پرداخته شده است:

۳-۴-۳-۱ روش های انتخاب

مهمترین و رایج ترین روش هایی که برای انتخاب کروموزوم ها و قرار دادن آن ها در استخر تولید مثل وجود دارد عبارتند از:

۱. روش چرخ گردان^{۱۰۳}

¹⁰¹ . Selection(Reproduction)

¹⁰² . Mating Pool

¹⁰³ . Roulette Wheel

۲. روش رتبه بندی^{۱۰۴}
۳. روش حالت پایدار^{۱۰۵}
۴. روش مسابقه^{۱۰۶}
۵. روش میانگین
۶. مفهوم برگزیده^{۱۰۷} (شایسته سالاری)

۳-۴-۳-۱-۱ روش چرخ گردان

یکی از روش های متداول در فرآیند انتخاب ، روش چرخ گردان است. در این روش رشته i ام با یک احتمال از P_i (که از مقدار تابع شایستگی آن سرچشمه می گیرد) انتخاب می شود بالطبع حاصل جمع این احتمال ها برای کل اعضای جمعیت بایستی برابر یک شود. احتمال هر رشته (کروموزوم) i ام برابر است با [3] :

$$P_i = \frac{F_i}{\sum_{j=1}^n F_j} \quad (۱۵-۳)$$

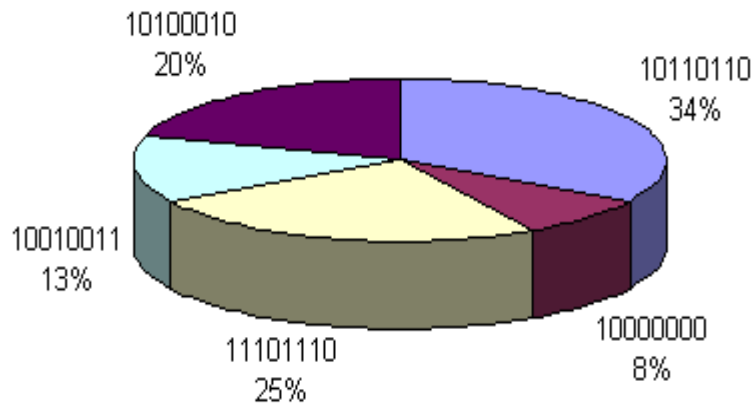
که n تعداد اعضای جمعیت و F مقدار تابع شایستگی هر رشته است.

حال اگر درصد احتمال این مقادیر را به صورت یک چرخ گردان نشان داده شود. مقادیر P_i ها ، قطاع های چرخ گردان را تشکیل می دهد. با تولید یک عدد تصادفی بین صفر و یک ، کروموزومی با قطاع بزرگتر یا شایستگی بیشتر ، شانس بیشتری برای حضور در جمعیت بعد می یابد. به این ترتیب انتظار می رود که

¹⁰⁴ . Rank
¹⁰⁵ . Steady State
¹⁰⁶ . Tournament
¹⁰⁷ . Elitism

مکانیزم چرخ گردان به تعداد F_i/\bar{F} کپی از رشته i ام را تولید نماید. مقدار میانگین شایستگی های یک جمعیت از رابطه (۱۶-۳) تعیین می شود [3].

$$\bar{F} = \sum_{j=1}^n F_j / n \quad (16-3)$$



شکل (۱۶-۳) - مدلی از چرخ گردان

برای اجرای این روش، می بایست در ابتدا مجموع مقادیر تابع شایستگی برای رشته های جمعیت مورد نظر را بدست آورد. آن گاه براساس رابطه (۱۵-۳) مقدار P_i برای هر کروموزوم محاسبه می شود. در ادامه مقدار \bar{P}_j بر اساس رابطه زیر محاسبه می شود [13]:

$$\bar{P}_j = \sum_{i=1}^m P_i \quad j=1, \dots, n \quad (17-3)$$

که در آن n تعداد اعضای جمعیت و m شماره جمعیت یا کروموزوم مورد نظر در جمعیت حاضر است.

حال به تعداد اعضای جمعیت ، اعداد تصادفی یکنواخت در محدوده صفر و یک تولید می شود. اگر عدد تصادفی تولید شده کوچکتر یا مساوی با \bar{P}_j نظیر کروموزوم j ام باشد؛ آن کروموزوم برای تکثیر انتخاب می شود و در استخر تولید مثل قرار می گیرد [13].

۳-۴-۳-۱-۲ روش رتبه بندی

در روش چرخ گردان ، اگر مقادیر شایستگی رشته ها ، خیلی با هم تفاوت داشته باشند، فرآیند انتخاب دچار مشکل می شود. مثلاً اگر بهترین شایستگی ۸۵ در صد باشد، در حدود ۸۵ در صد از شکل را اشغال خواهد کرد، بنابراین سایر کروموزوم ها شانس کمتری برای انتخاب شدن خواهند داشت [3].

در روش رتبه بندی ابتدا جمعیت را بر اساس مقادیر شایستگی رتبه بندی می شوند. سپس انتخاب کروموزوم ها بر اساس رتبه هر رشته صورت می گیرد. مثلاً بدترین حالت (کمترین مقدار شایستگی) دارای رتبه یک و به همین ترتیب مورد بعدی دو و الی آخر، در نهایت بهترین مورد (کروموزومی با بیشترین شایستگی) دارای رتبه برابر n خواهد بود (n تعداد کروموزوم های موجود در جمعیت است).

در روش رتبه بندی احتمال انتخاب رشته i ام به شرح زیر محاسبه می گردد [14]:

$$P_i = \frac{m}{\sum_{j=1}^n j} \quad (18-3)$$

که در آن n تعداد اعضای جمعیت و m شماره رشته موردنظر در جمعیت حاضر است. به عبارت دیگر m برابر i است.

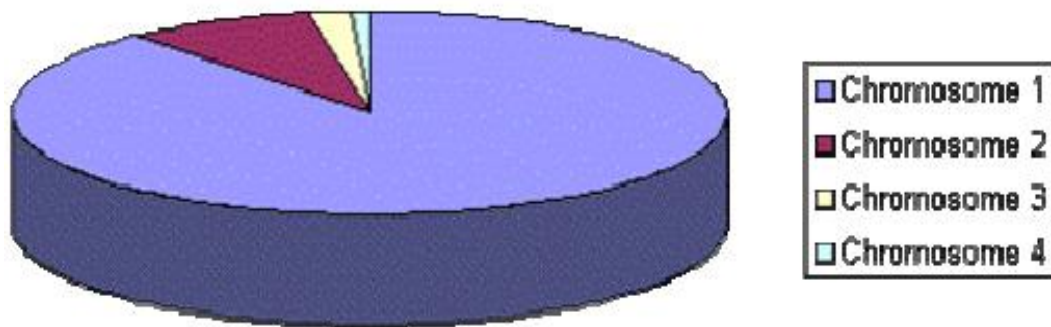
در ادامه همانند روش چرخ گردان مقادیر تجمعی P_i بر اساس رابطه (۳-۱۷) بشرح زیر محاسبه می

شود:

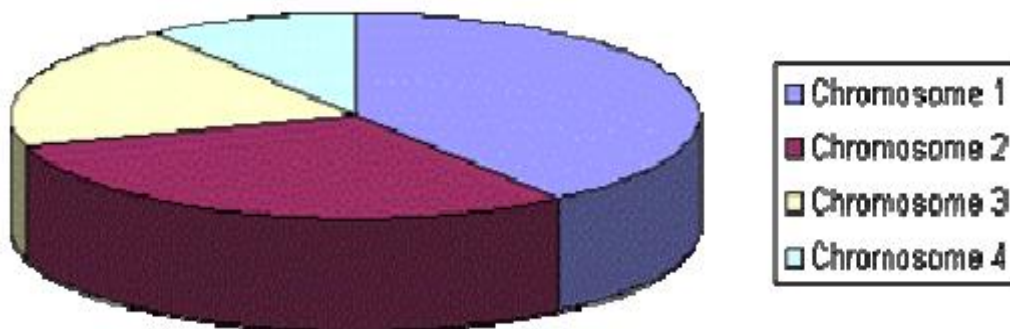
$$\bar{P}_j = \sum_{i=1}^m P_i \quad j=1, \dots, n \quad (17-3)$$

سپس با تولید اعداد تصادفی یکنواخت در محدوده صفر تا یک و مقایسه آن با مقادیر تجمعی \bar{P}_i برای هر کروموزوم ، رشته منتخب مشخص و در استخر تولید مثل کپی می شود.

روش رتبه بندی و روش چرخ گردان در اشکال (۷-۳) و (۸-۳) مقایسه شده است [5].



شکل (۷-۳) - موقعیت کروموزوم ها بر اساس روش چرخ گردان



شکل (۸-۳) - موقعیت کروموزوم ها پس از مرتب سازی بر اساس روش رتبه بندی

همان طور که در شکل (۷-۳) ملاحظه می شود ؛ کروموزوم یک به دلیل شایستگی بالا ، قسمت اعظم دایره را در روش چرخ گردان به خود اختصاص داده است و احتمال انتخاب آن در جمعیت بعدی بسیار زیاد است. در حالیکه کروموزوم چهار با دارا بودن قطاع بسیار کوچکی از دایره ، شانس اندکی (تقریباً برابر صفر)

برای حضور در حوضچه پیوند دارد. این مسئله می تواند سبب به دام افتادن الگوریتم در نقطه بهینه محلی به دلیل همگرایی سریع الگوریتم شود. این مشکل در روش رتبه بندی حل شده است. همان طور که در شکل (۳-۸) دیده می شود ؛ نسبت قطاع دایره برای کروموزوم یک و چهار خیلی زیاد نیست. بدین سان الگوریتم به سرعت همگرا نشده و احتمال حضور کروموزوم هایی با شایستگی پایین نیز در استخر تولید مثل وجود دارد. ممکن است کروموزوم هایی با شایستگی پایین حاوی زیررشته های مناسبی برای طرح بهینه باشند. و حضور آن ها در استخر تولید مثل ، لازم است.

ضعف روش رتبه بندی تنها در آن است که به آهستگی همگرا^{۱۰۸} می شود. زیرا بهترین کروموزوم ها تفاوت چندانی با هم ندارند و همین امر باعث همگرایی آهسته آن می شود. لذا برای جمعیت های بزرگ توصیه نمی شود [3].

۳-۴-۳-۱-۳ روش رقابتی

در روش چرخ گردان الگوریتم گاهی با مشکلاتی از قبیل کندی و همگرایی ناگهانی به خاطر کوچک شدن سریع فضای جستجو مواجه می شود. روش رتبه بندی نیز به دلیل آهستگی همگرایی و مشکلاتی از این قبیل ، برای جمعیت های بزرگ زیاد مناسب نیست. برای گریز از این معایب ، معمولاً از روش دیگری به نام روش رقابتی استفاده می شود. این روش نخستین بار توسط گلدبرگ و دب در سال ۱۹۹۱ ارائه شده است [13].

در روش رقابتی که شبیه رقابت در طبیعت است ، یک زیر مجموعه کوچک از کروموزوم ها به صورت تصادفی انتخاب شده و به رقابت می پردازند. معیار رقابت ، میزان شایستگی هر کروموزوم است. سرانجام در این رقابت یکی از کروموزوم ها به پیروزی رسیده و به عنوان والد جدید انتخاب می شود. این فرآیند تا

¹⁰⁸ . Slow Convergence

انتخاب همه ی والد ها در جمعیت جدید ، تکرار می شود. به عبارت دیگر ، عملیات فوق به تعداد اعضای جمعیت تکرار می شود.

به عنوان مثال جمعیتی با شایستگی های شکل (۳-۹) را در نظر بگیرید [3]:

	1	2	3	4	5	6	7	8
Fitness	1	2.10	3.11	4.01	4.66	1.91	1.93	4.55

شکل (۳-۹) - نمایش شایستگی هر رشته در مثال روش مسابقه

در ابتدا موارد ۲ و ۴ به صورت تصادفی برای رقابت انتخاب می شوند که در این مرحله مورد ۴ برنده می شود (به خاطر شایستگی بیشتر) و رشته آن (کروموزوم مربوطه) از جمعیت اولیه انتخاب و در استخر تولید^{۱۰۹} مثل کپی می شود.

موارد	(2, 4)	(3, 8)	(1, 3)	(4, 5)	(1, 6)	(1, 2)	(4, 2)	(8, 3)
برنده	4	8	3	5	6	2	4	8

شکل (۳-۱۰) - نمایش رشته های برنده در مثال روش مسابقه

این روند تا انتخاب تمامی کروموزوم ها ادامه می یابد. در نهایت همان طور که در جدول مشاهده می شود کروموزوم های ۲ و ۳ و ۵ و ۶ هر کدام یک کپی و مقادیر ۴ و ۸ دو کپی دارند و مقادیر ۱ و ۷ نیز حذف شده اند.

این روش در جمعیت های بسیار بزرگ به عنوان بهترین روش شناخته می شود. مقدار کروموزوم منتخب برای رقابت به تعداد اعضای جمعیت بستگی دارد و تحت عنوان سایز رقابت^{۱۱۰} به عهده کاربر

¹⁰⁹ . Mating pool

¹¹⁰ . Size Tournament

گذاشته می شود. اما عموماً دو یا سه کروموزوم برای رقابت انتخاب می شوند [15]. یانگ و همکارانش^{۱۱۱} نخستین افرادی بودند که روش رقابتی را در مهندسی عمران جهت بهینه سازی سازه ها بکار گرفتند [16].

۳-۴-۳-۱-۴ روش حالت پایدار

این شیوه، روش خاصی برای انتخاب والدین نیست. اساس این روش به این صورت است که کروموزوم های خوب (با شایستگی بالا) در استخر تولید مثل کپی و مابقی حذف و به جای آن ها کروموزوم های جدید در استخر تولید مثل قرار می گیرد. معیار شایستگی خوب در این روش، برای حالات مختلف، متفاوت است. در برخی موارد در صدی از کروموزوم ها که شایستگی بالا دارند؛ برای کپی در استخر تولید مثل، انتخاب می شوند.

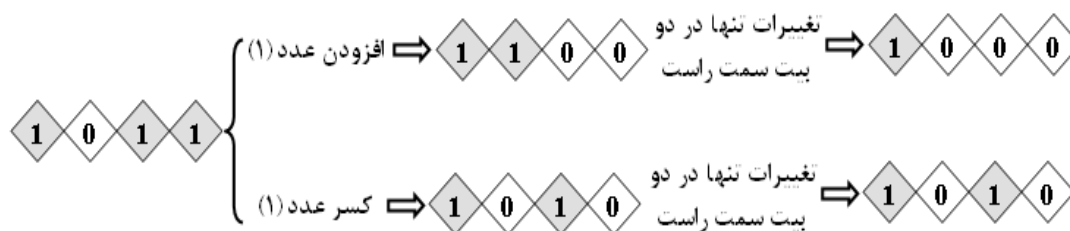
۳-۴-۳-۱-۵ روش کلات جاری

کلات جاری در مرجع [6] شیوه ای پویا، متناسب با بهترین رشته، برای فرآیند انتخاب، بشرح ذیل ارائه می دهد:

نحوه انجام کار به این ترتیب است که کروموزوم های جمعیت جاری بر اساس شایستگی به ترتیب نزولی مرتب می شوند. سپس در جمعیت بعدی به تعداد $nc - 2n_1 - 2n_2$ کروموزوم اول کپی می شود. n_1 تعداد متغیرهای طراحی سطح مقطع و n_2 تعداد متغیرهای طراحی هندسی می باشد. (در صورتیکه متغیرهای طراحی هندسی وجود نداشته باشد، $n_2 = 0$ منظور می شود). $2n_1 + 2n_2$ کروموزوم دیگر با افزودن و کسر عدد یک به مقدار رمزگشایی شده هر یک از زیر رشته های کروموزوم اول بطور جداگانه و اعمال تغییرات در دو بیت سمت راست هر زیررشته بدست می آید. مقادیر بیت های سایر زیررشته های دو

¹¹¹ . Yang, J. et al

کروموزوم جدید ، عیناً همانند با کروموزوم اول با بیشترین شایستگی در نظر گرفته می شود. شکل (۳-۱۱) شیوه اعمال این روش را بخوبی نشان می دهد. در این مثال مقدار عددی ، زیر رشته بهترین کروموزوم برابر 11 می باشد که پس از افزودن و کسر عدد یک به آن و اعمال تغییرات تنها در دو بیت سمت راست مقادیر 8 و 10 بدست می آید [6].



شکل (۳-۱۱) - روش کلات جاری برای فرآیند انتخاب

۳-۴-۱-۶ روش پیشنهادی میانگین

این روش با الهام از مطالب مرجع [3] و ایجاد تغییراتی در آن ارائه شده است. در این روش با گرد نمودن مقدار نسبت شایستگی هر کروموزوم به میانگین شایستگی های جمعیت حاضر، به نزدیکترین عدد صحیح ، تعداد دفعات کپی از کروموزوم مربوطه در استخر تولیدمثل مشخص می شود. یعنی:

$$\text{تعداد دفعات کپی از کروموزوم در استخر تولید مثل} = \text{Round}\left(\frac{F_i}{\bar{F}}\right)$$

که در آن \bar{F} میانگین شایستگی جمعیت حاضر و F_i مقدار شایستگی هر کروموزوم است.

این روش در مثال زیر شرح داده شده است.

Population no	Population	F	F / \bar{F}	Count	Mating Pool
<u>1</u>	00000000	1	0.35	0	00100001
2	00100001	2.1	0.74	1	00010101
3	00010101	3.11	1.09	1	00101010
4	00101000	4.01	1.41	1	01101010
5	01101010	4.66	1.64	2	01101010
<u>6</u>	11101000	1.31	0.46	0	11101101
7	11101101	1.93	0.68	1	01111100
8	01111100	4.55	1.60	2	01111100

شکل (۳-۱۲) - نمایش شیوه روش میانگین در فرآیند انتخاب

همان طور که در مثال فوق مشاهده می شود کروموزوم های ۲ و ۳ و ۴ و ۷ هر کدام یک بار و مقادیر ۵ و ۸ دو بار در استخر تولید مثل کپی می شوند. کروموزوم های ۱ و ۶ نیز به دلیل صفر بودن مقدار گرد شده نسبت شایستگی به میانگین شایستگی جمعیت ، حذف می شوند.

نکته قابل توجه در این روش آن است که می بایست همواره تعداد اعضای جمعیت ثابت بماند. این بدان معناست که در صورتی که تعداد اعضای جمعیت استخر تولید مثل ، پس از انتخاب کمتر از تعداد اعضای جمعیت حاضر باشد ، می بایست کمبود موجود با تولید کروموزوم های جدید جبران شود تا این مقدار ثابت بماند و نیز در صورتی که تعداد اعضای جمعیت استخر تولید مثل ، پس از فرآیند انتخاب به روش فوق ، بیشتر از تعداد اعضای جمعیت حاضر باشد ، کروموزوم هایی با شایستگی پایین حذف می شوند تا به مقدار مورد نظر برای تعداد اعضای جمعیت حاصل گردد.

۳-۴-۱-۷ مفهوم برگزیده (شایسته سالاری)

استراتژی نخبه‌گرایی یا مفهوم برگزیده، نخستین بار توسط فردی به نام‌دی جانگ^{۱۱۲} در سال ۱۹۷۵ مطرح شد [17]. بر اساس این روش بهترین کروموزوم‌ها (یک کروموزوم) بر مبنای شایستگی در جمعیت جدید بدون آنکه وارد استخر تولید مثل شود؛ کپی می‌شوند. این کار برای آن است تا بهترین کروموزوم نسل حاضر، در نسل بعدی حضور داشته باشند.

به کمک استراتژی فوق اطمینان حاصل می‌گردد که بهترین فرزند هر نسل نسبت به بهترین فرزند نسل‌های گذشته دارای نمره شایستگی پایین‌تری نخواهد بود. این روش اغلب به صورت ترکیبی با سایر روش‌های انتخابی ارائه می‌شود. استفاده از مفهوم برگزیده باعث افزایش کارایی GA می‌گردد، زیرا مانع از گم شدن جواب‌های خوب به دست آمده می‌شود. استراتژی نخبه‌گرایی تأثیر بسزایی در همگرایی الگوریتم داشته و استفاده از آن در مقالات گوناگون، بررسی و توصیه شده است [17].

۳-۴-۴ پیوند (ادغام)

در بخش پیشین چگونگی انتخاب کروموزوم‌ها مورد بررسی قرار گرفت. به نحوی که کروموزوم‌های منتخب به عنوان والد برگزیده می‌شوند. در این قسمت به بررسی روش‌های مختلف برای تولید فرزندان^{۱۱۳} پرداخته می‌شود.

۳-۴-۴-۱ عملگرهای GA

¹¹² . Kenneth De Jong

¹¹³ . Offspring

عملگرهای وراثتی^{۱۱۴} متعددی برای تولید رشته های بهتر وجود دارد که هدف این عملگرها جستجوی فضای طراحی و تا حد امکان حفظ اطلاعات نهفته در رشته ها است. چرا که این والدها بهترین موارد انتخاب شده توسط عملگرهای فاز انتخاب هستند و نباید از دست بروند. از مهمترین عملگرهای GA می توان به موارد زیر اشاره کرد:

۱. عمل جفت گیری یا ادغام
۲. عمل معکوس کردن^{۱۱۵}
۳. عمل حذف و کپی کردن^{۱۱۶}
۴. عمل حذف و تولید مجدد^{۱۱۷}
۵. عمل جداسازی^{۱۱۸}
۶. عمل نقل مکان^{۱۱۹}
۷. عمل بخش بندی^{۱۲۰}
۸. عمل غالب شدن یا تسلط^{۱۲۱}
۹. عمل ادغام و معکوس سازی^{۱۲۲}
۱۰. روش تکثیر میانی
۱۱. عملگرهای بیتی^{۱۲۳}
۱۲. عملگر جهش^{۱۲۴}

114 . Inheritance Oprator

115 . Inversion

116 . Deletion And Duplication

117 . Deletion And Regeneration

118 . Segregation

119 . Migration

120 . Sharing

121 . Dominance

122 . Cross Over And Inversion

123 . Bite-Wise Operator

124 . Mutation

که معمولاً در یک الگوریتم ژنتیک ساده^{۱۲۵} تنها از دو عملگر اصلی زیر پس از فرآیند انتخاب استفاده می شود:

۱. ادغام

۲. جهش

۳-۴-۴-۱-۱ عملگر ادغام

در مرحله انتخاب جمعیتی از بهترین کروموزوم ها شکل می گیرد. در فرآیند ادغام ، هدف تولید رشته های بهتر و جدید (تولید فرزندان) می باشد. فرآیند ادغام ، با هدف تعویض ویژگی طرح ها در میان اعضای جمعیت ، به قصد بهبود شایستگی نسل بعد انجام می شود. این مشابه با انتقال صفات ژنتیکی در فرآیندهای زایش موجودات زنده است که توسط DNA و RNA صورت می پذیرد. پیوند سبب جستجوی بیشتر در فضای طراحی می گردد.

عملگر ادغام یک عملگر ترکیبی است که شامل سه مرحله است. در مرحله اول یک جفت رشته به صورت تصادفی انتخاب می شود. در مرحله دوم یک زیررشته ، از کروموزوم ها به طور تصادفی در طول رشته انتخاب خواهد شد. بایستی توجه داشت که طول زیررشته در هر دو کروموزوم ، ثابت باشد. سرانجام در سومین مرحله زیررشته منتخب در دو رشته والد جابه جا می شود.

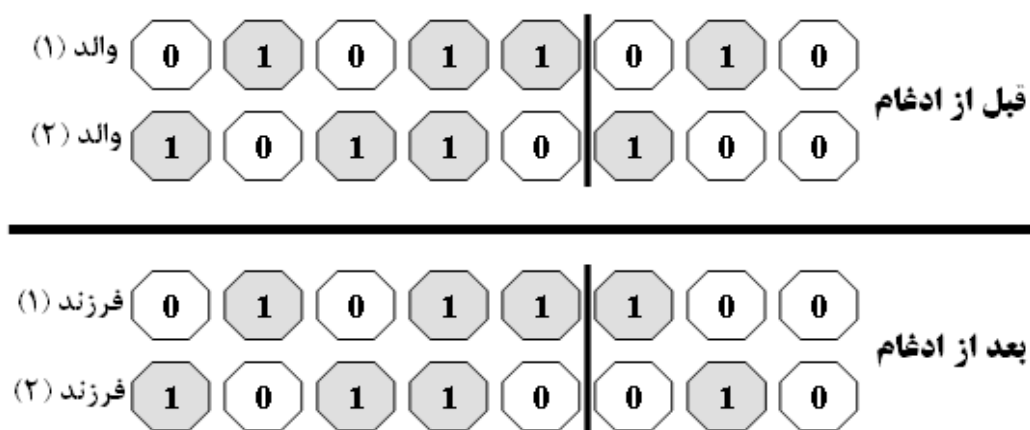
روش های مختلف و متنوعی برای عمل ادغام وجود دارد. بر اساس نظریه دب^{۱۲۶} نمی توان گفت که کدامیک از روش های ادغام بهتر است [3]. در هر حال مشهورترین روش های ادغام بشرح زیر خلاصه می شوند:

¹²⁵ . Simple Genetic Algorithm

¹²⁶ . Deb

۳-۴-۱-۱-۱-۱ روش ادغام تک نقطه ای یا مکانی^{۱۲۷}

در روش ادغام تک نقطه ای، یک مکان بطور تصادفی در طول رشته ها انتخاب می شود و بیت های بعد از این مکان جابجا می شوند. شکل (۳-۱۳) نمونه ای از روش ادغام تک نقطه ای را نشان می دهد. در این شکل کلیه بیت ها پس از خط ادغام (سه بیت) بین دو رشته جابجا شده و فرزندان تولید می شوند.



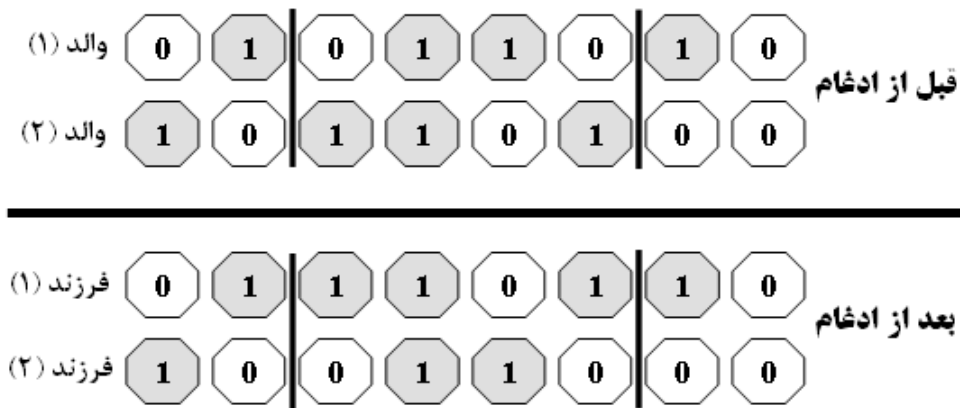
شکل (۳-۱۳) - روش ادغام تک نقطه ای

از آنجایی که مکان جابجایی به صورت تصادفی انتخاب شده است لذا از مناسب بودن این مکان اطلاعی در دست نیست. اگر این نقطه مکان مناسبی باشد منجر به تولید فرزندان مناسبی می شود در غیر این صورت باعث از بین رفتن کیفیت رشته های والد و حذف آن ها در نسل بعدی می گردد. برخی از مقالات همچون مرجع [17] این روش را توصیه نمی نمایند.

¹²⁷ . Single-Sight Cross Over

۳-۴-۱-۱-۲ روش ادغام دو نقطه ای^{۱۲۸}

روش ادغام دو نقطه ای توسط /شلمن وهمکارانش^{۱۲۹} در سال ۱۹۸۹ ارائه شد [7]. عملگر پیوند دو نقطه ای ، تقریباً مشابه روش ادغام تک نقطه ایی است. با این تفاوت که در این روش دو مکان را به صورت تصادفی در طول رشته ها انتخاب کرده و اطلاعات بین این دو نقطه جابجا می شود. در شکل (۳-۱۴) روش ادغام دو نقطه ای نشان داده شده است.



شکل (۳-۱۴) - روش ادغام دو نقطه ای

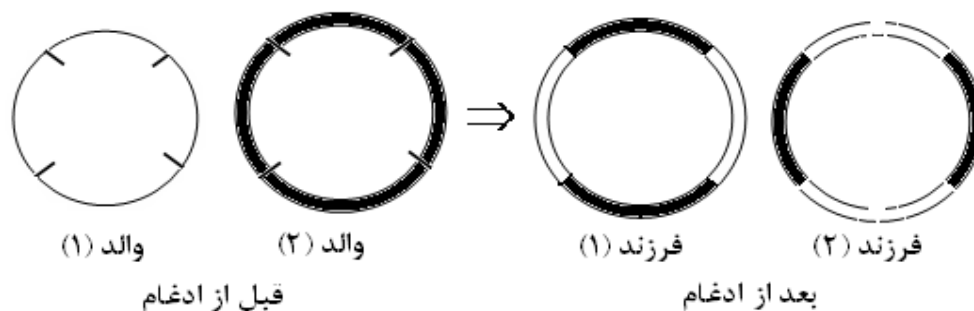
۳-۴-۱-۱-۳ روش ادغام چند نقطه ای^{۱۳۰}

در این روش چند مکان برای انجام عمل ادغام در طول رشته انتخاب می شود. تعداد این مکان ها ممکن است ، زوج و یا فرد باشد. در حالتی که تعداد زوج باشد ، رشته ها به صورت یک حلقه ای که بدون ابتدا و انتها است، خواهند بود. این مکان ها به صورت تصادفی در اطراف دایره انتخاب می شوند؛ سپس در نهایت ، اطلاعات بین این مکان ها جابجا می شوند [18]. شکل (۳-۱۵) نحوه ادغام چهار نقطه ای را نشان می دهد [3].

¹²⁸ . Two-Point Cross Over

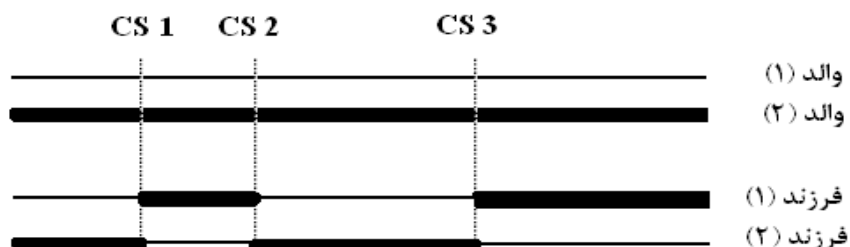
¹²⁹ . Eshelman, et al.

¹³⁰ . Multi-Point Cross Over



شکل (۳-۱۵) - روش ادغام چند نقطه ای (حالتی که تعداد مکان ها زوج باشد)

اما اگر تعداد مکان های فرد باشد؛ عمل ادغام به صورت شکل (۳-۱۶) انجام می شود [3].



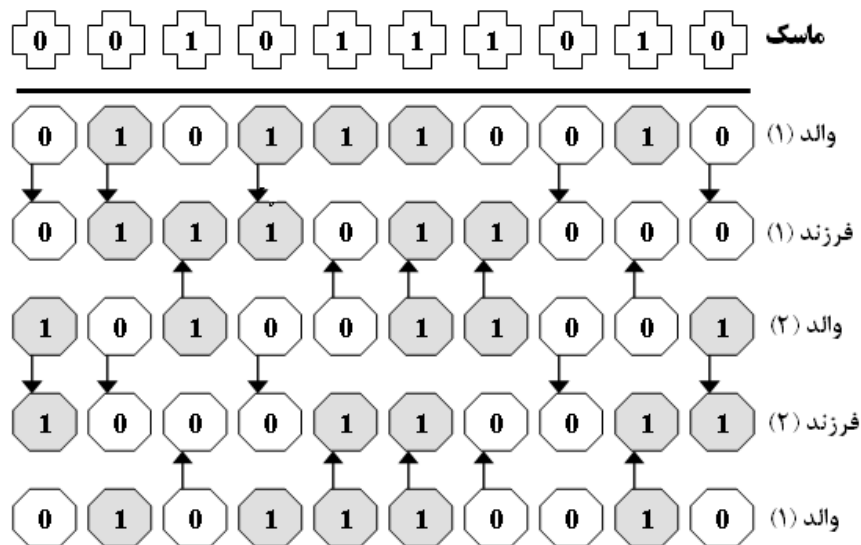
شکل (۳-۱۶) - روش ادغام چند نقطه ای (حالتی که تعداد مکان ها فرد باشد)

۳-۴-۴-۱-۱-۴-۴ روش ادغام یکنواخت^{۱۳۱}

این روش حالت پیشرفته ادغام چند نقطه ایی است. در این روش هر بیت بر اساس یک احتمال پنجاه در صدی از والد هایش انتخاب شده و جایجا می شوند. برای این منظور از یک الگوی ادغام تصادفی به نام ماسک^{۱۳۲} استفاده می شود. طول رشته ماسک، برابر طول کروموزوم های جمعیت است. هنگامی که در ماسک مقدار بیت هم ارز، صفر (0) باشد، ژن از والد اول و اگر مقدار یک (1) باشد، ژن از والد دوم کپی می شود. روش ادغام چند نقطه ایی در شکل زیر نشان داده شده است [18].

¹³¹ . Uniform Cross Over

¹³² . Mask



شکل (۳-۱۷) - روش ادغام یکنواخت

۳-۴-۱-۱-۵ روش ادغام متغیر

دب در سال ۱۹۸۹ تعریفی ارائه داده است که با استفاده از یک تابع، درصد مورد نیاز Sh ، جهت تقسیم بندی و اشتراک دو رشته را محاسبه می نماید. این رابطه بشرح زیر تعریف می شود [3]:

$$Sh(d_{ij}) = \begin{cases} \frac{1-d_{ij}}{\sigma} & \text{if } d_{ij} < \sigma \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (۳-۱۹)$$

که در آن

d_{ij} : فاصله بین i امین و j امین رشته

σ : حداکثر فاصله بین دو رشته برای تقسیم بندی و اشتراک را نشان می دهد.

۳-۴-۱-۱-۶-۴-۳ نرخ ادغام ۱۳۳

در انجام فرآیند ادغام با تعریف ثابتی به نام نرخ ادغام (پیوند) ، شانس حضور کروموزوم در فرآیند ادغام بررسی می شود. نرخ ادغام بیانگر احتمال ادغام است که آن را با P_C نشان می دهند و مقدار آن بین 0 و 1 است. با فرض احتمال ادغام P_C می توان گفت که $100 * P_C$ درصد از رشته های موجود در استخر تولیدمثل در عملیات ادغام به کار رفته اند و $100 * (1 - P_C)$ درصد از جمعیت باقی می ماند.

نحوه انجام کار به این صورت است که ، با انتخاب مقدار نرخ پیوند ، برای هر کروموزوم یک عدد تصادفی در محدوده صفر تا یک تولید می شود. اگر عدد تصادفی تولید شده از نرخ ادغام کمتر باشد ، این کروموزوم برای آمیزش با کروموزوم بعدی که شرایط فوق را دارد، انتخاب می شود.

انتخاب نرخ ادغام مناسب نیز ، اغلب مشکل ساز است. اگر این مقدار خیلی زیاد باشد ، باعث می شود تا فرصت تطابق در کروموزوم از دست برود و همچنین اگر این مقدار خیلی کم باشد، تعداد فرزندان تولید شده کافی نخواهد بود. در این پایان نامه الگوریتمی برای غلبه بر تأثیر این پارامتر و دیگر پارامترهای از این دست ، ارائه شده است.

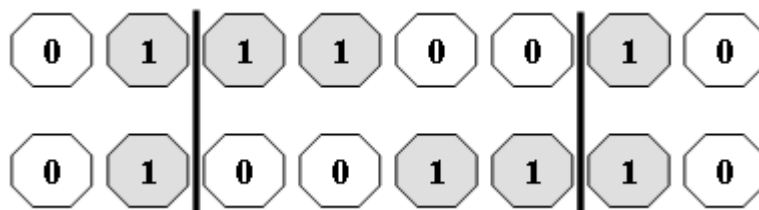
۳-۴-۱-۴-۲ عمل معکوس سازی

در این عمل یک رشته از داخل جمعیت انتخاب شده و به صورت تصادفی دو نقطه از آن انتخاب می شود. سپس همه ی بیت های بین این دو نقطه معکوس می گردد [3]. لازم به ذکر است که در این روش تنها به یک والد نیاز است. این معکوس سازی را می توان به دو صورت انجام داد [13]:

۱- در این حالت هر بیت معکوس می شود. یعنی اگر صفر است تبدیل به یک می شود و بالعکس اگر یک باشد به صفر تبدیل می شود. این حالت ، مختص روش کدگذاری دودویی است.

۲- در این حالت زیر رشته ، معکوس می شود.

در هر حال ، انجام عمل معکوس سازی نیز همانند فرآیند ادغام بر اساس ثابتی به نام نرخ معکوس^{۱۳۴} سازی انجام می شود. این نرخ بیانگر احتمال معکوس سازی برای هر کروموزوم است. شیوه ی اعمال نرخ معکوس سازی همانند روش ادغام می باشد. لازم به ذکر است که عملیات فوق نیازمند تنها یک والد است.

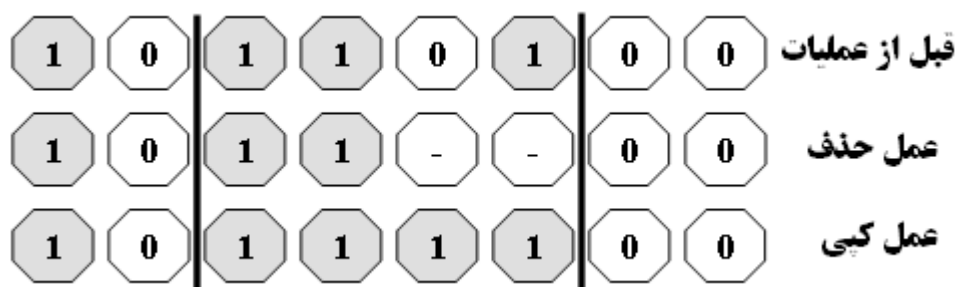


شکل (۳-۱۸) - عمل معکوس سازی

۳-۴-۴-۱-۳ عمل حذف و کپی

در این عمل یک رشته از داخل جمعیت متناسب با نرخ عملیات انتخاب شده و به صورت تصادفی دو نقطه از آن برگزیده می شود. سپس نصف بیت های زیررشته مورد نظر حذف شده و بیت های قبلی آن ها کپی می شود. لازم به ذکر است که این عملیات نیز تنها نیازمند یک والد است [18]. شکل (۳-۱۹) عملیات حذف و کپی را بر روی یک رشته نشان می دهد.

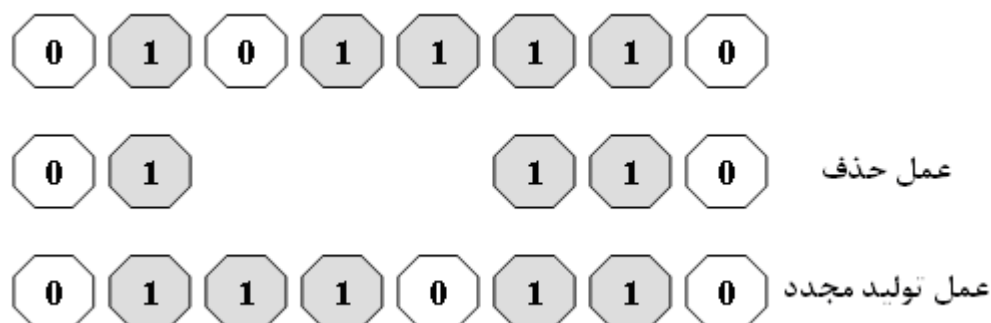
¹³⁴ . Inversion Rate



شکل (۳-۱۹) - عمل حذف و کپی بیت های پیشین

۳-۴-۴-۱-۴ عمل حذف و تولید مجدد

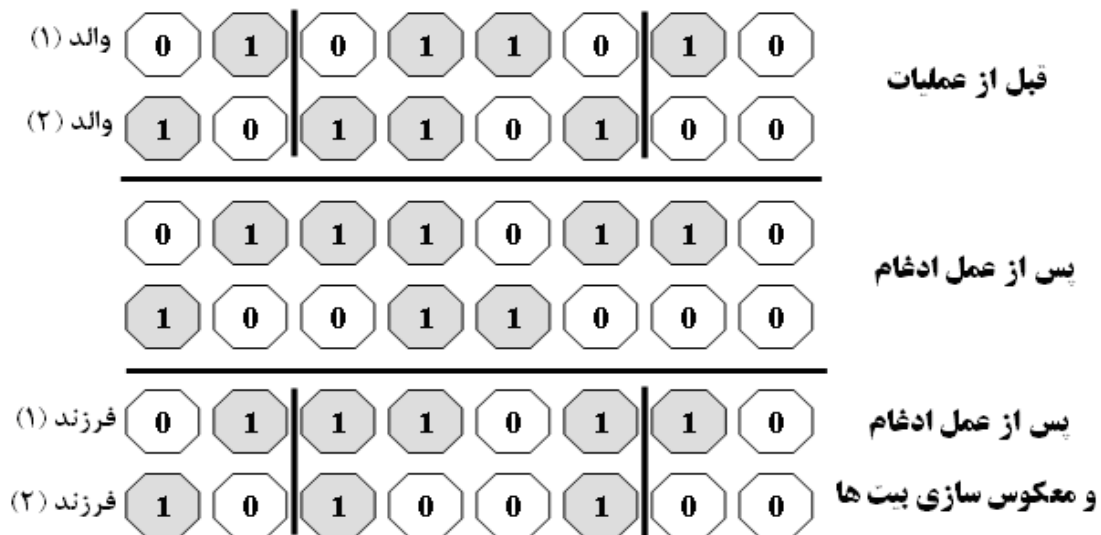
در این عمل ژن های بین دو نقطه از رشته منتخب حذف شده و به صورت تصادفی مجدداً تولید می شوند. انتخاب رشته منتخب نیز بر اساس نرخ ثابتی همانند نرخ ادغام انجام می شود. چگونگی اعمال این اپراتور در شکل (۳-۲۰) نشان داده شده است [3].



شکل (۳-۲۰) - عمل حذف و تولید مجدد

۳-۴-۴-۱-۵ عمل ادغام و معکوس سازی

این عمل ترکیبی از عملیات ادغام و معکوس سازی است. در این عمل متناسب با نوع ادغام دو رشته ترکیب شده و سپس عمل معکوس سازی بر یکی از دو رشته حاصل، در همان محل ادغام، صورت می گیرد. در این حالت نیز معکوس سازی بر دو نوع است. این اپراتور نیز همانند دیگر عملگرها، نیازمند نرخ ثابتی برای انتخاب رشته ها از میان استخر تولید مثل است. تا بر اساس آن کروموزوم های والد مشخص شوند. شکل (۳-۲۱) حالت ادغام دو نقطه ایی به همراه معکوس سازی را نشان می دهد. در این شکل رشته دوم برای اعمال عملیات معکوس سازی انتخاب شده است [3].



شکل (۳-۲۱) - عمل ادغام و معکوس سازی بیت ها

۳-۴-۴-۱-۶ روش تکثیر میانی

با استفاده از روش تکثیر میانی، امکان جستجو در طول متغیرهای والد نیز ممکن می شود. این روش ادغام دارای احتمال یکسانی در تولید یک نقطه درون ناحیه محصور بین دو والد است. روش تکثیر میانی برای حالت های مختلف کدگذاری، به شیوه های گوناگونی به شرح زیر ارائه شده است.

۳-۴-۴-۱-۶-۱ روش تکثیر میانی برای کدگذاری مقدار

یکی از متداول ترین شیوه ادغام در روش کدگذاری مقدار ، روش تکثیر میانی است. در این روش مقدار متغیر فرزند ترکیب خطی از متغیرهای والدین است. این رابطه خطی به شرح زیر قابل تعریف است [4] :

$$C_1 = \lambda_1 P_1 + \lambda_2 P_2 \quad (20-3)$$

$$C_2 = \lambda_1 P_2 + \lambda_2 P_1 \quad (21-3)$$

که در آن P_1 و P_2 متغیرهای والدین و C_1 و C_2 متغیرهای فرزندان و λ_1 و λ_2 ضرایب خطی بشرح زیر می باشند [4]:

$$\lambda_1, \lambda_2 \geq 0 \quad (22-3)$$

$$\lambda_1 + \lambda_2 = 1 \quad (23-3)$$

باید توجه داشت که λ_1 و λ_2 الزاماً برای تمامی متغیرهای کروموزوم یکسان نمی باشند. در صورت یکی بودن ، این شیوه را تکثیر خطی می نامند. لازم به ذکر است که در صورت لزوم مقادیر حاصل از روابط (۲۰-۳) و (۲۱-۳) به نزدیکترین عدد صحیح گرد می شوند.

۳-۴-۴-۱-۶-۲ روش تکثیر میانی برای کدگذاری دودویی

روش تکثیر میانی در کدگذاری دودویی ، با مقادیر رمزگشایی شده رشته ها سروکار دارد. بر اساس این روش ، اگر P_1 و P_2 مقادیر رمزگشایی شده دو رشته والد (1) و (2) باشند ؛ عمل ادغام بین این دو رشته ، مقدار جدیدی بشرح رابطه زیر تولید می نماید [3]:

$$C = (1 - \lambda)P_1 + \lambda P_2 \quad (24-3)$$

که در آن λ یک عدد تصادفی در محدوده صفر تا یک می باشد.

۳-۴-۴-۱-۷ عملگرهای بیتی

الگوریتم های ژنتیک با رشد روزافزون خود توانسته ، در توابع نرم افزارهای رایج امروزی نفوذ کند. یکی از این نرم افزارها ، برنامه مطلب^{۱۳۵} است که با وجود توابع گوناگون GA ، ابزاری مناسب برای کار با کدهای باینری را فراهم نموده است. مراجع [19] و [20] به بررسی و معرفی جعبه ابزار موجود در نرم افزار مطلب برای اجرای الگوریتم های ژنتیک می پردازند. بر اساس این مراجع ، نرم افزار مطلب امکان کار بر روی تک تک بیت ها توسط عملگرهای بیتی را دارا می باشد. جعبه ابزار الگوریتم ژنتیک مجموعه ای از تابع هایی هستند که توانایی بهینه سازی با استفاده از محیط محاسبات عددی را دارا می باشند.

گاتفرید^{۱۳۶} این عملگرها را به سه دسته تقسیم می کند [3]:

۱- عملگر مکمل یک^{۱۳۷}

۲- عملگرهای شیفت^{۱۳۸}

۳- عملگرهای منطقی^{۱۳۹}

¹³⁵ . Matlab

¹³⁶ . Bayron S. Gattfried

¹³⁷ . Ones Complement - Operator

¹³⁸ . Shift - Operator

¹³⁹ . Logical - Operator

رایج ترین این اپراتورها ، عملگرهای منطقی می باشند که بشرح زیر دسته بندی می شوند:

۱- عملگر And (&)

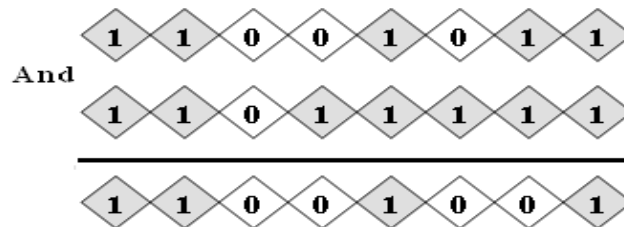
۲- عملگر Or (|)

۳- عملگر Xor (^)

عملگر منطقی در برخی مقالات و کتب به عنوان تولیدمثل محاسباتی معرفی می شوند.

۳-۴-۴-۱-۷-۱ عملگر And

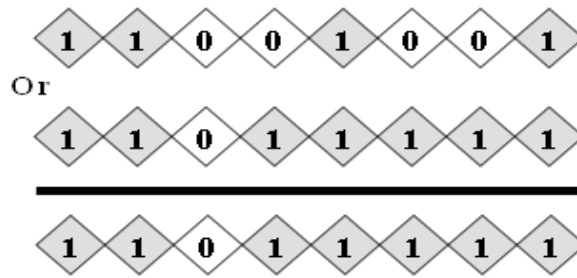
این عملگر نیازمند دو والد است. اساس کار این عملگر بدین ترتیب است که در صورتی که هر دو بیت رشته های منتخب (والدین) 1 باشند مقدار 1 حاصل می گردد؛ در غیر این صورت مقدار 0 حاصل می گردد. شکل (۳-۲۲) شیوه اعمال این عملگر را نشان می دهد:



شکل (۳-۲۲) - عملگر And از عملگرهای بیتی

۳-۴-۴-۲-۷-۱ عملگر Or

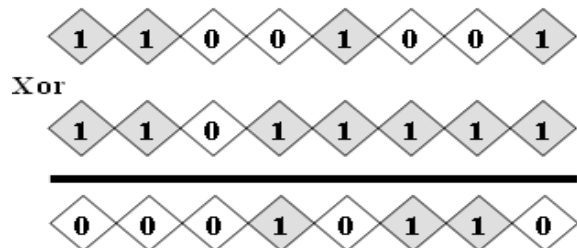
در این عملگر در صورتی که یکی از دو بیت رشته های منتخب 1 باشند مقدار 1 حاصل می گردد؛ در غیر این صورت یعنی اگر هر دو بیت صفر باشند ، مقدار 0 حاصل می گردد. شکل (۳-۲۳) شیوه اعمال این عملگر را نشان می دهد:



شکل (۳-۲۳) - عملگر Or از عملگرهای بیتی

۳-۴-۱-۷-۳ عملگر Xor

عملگر Xor مقدار یک را برمی گرداند ، اگر یکی از بیت های رشته های والد یک و دیگری صفر باشد؛ در غیر این صورت مقدار صفر را برمیگرداند. در شکل (۳-۲۴) شیوه اعمال این عملگر را نشان داده شده است.



شکل (۳-۲۴) - عملگر Xor از عملگرهای بیتی

۳-۴-۱-۸ جهش

از دیگر مراحل رایج در عملیات GA که تکامل جمعیت برای نسل بعد را به دنبال خواهد داشت، استفاده از اپراتور جهش است. پس از عمل ادغام رشته ها، نوبت به عمل جهش یا موتاسیون می رسد. نقش جهش در الگوریتم ژنتیک ، بازگرداندن مواد ژنتیکی گم شده و یا پیدا نشده به داخل جمعیت است. بدین سان با استعانت از اپراتور جهش از همگرایی زودرس الگوریتم ژنتیک و کسب جواب های بهینه محلی

جلوگیری می شود. به عبارت دیگر در یک کلام می توان گفت اپراتور جهش، سبب جستجوی بهتر فضای طراحی می شود.

۳-۴-۴-۱-۸-۱ عمل جهش در کدگذاری دودویی

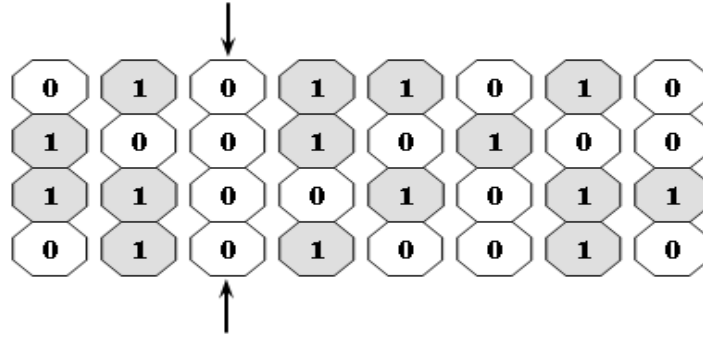
عمل جهش یک بیت، شامل تبدیل عدد صفر (0) به یک (1) و بالعکس است که بر اساس یک احتمال کوچک مثل P_m به صورت بیت به بیت صورت می گیرد. عمل جهش به این ترتیب است که یک عدد تصادفی بین صفر (0) تا یک (1) تولید می شود؛ اگر عدد تولید شده کوچکتر از P_m باشد مقدار خروجی را برابر درست^{۱۴۰} و گرنه برابر غلط^{۱۴۱} در نظر گرفته می شود. اگر برای هر بیت مقدار خروجی درست باشد، بیت تغییر می کند و گرنه بیت بدون تغییر باقی خواهد ماند.

بیت های یک رشته بصورت مستقل جهش می یابند ، به این معنا که جهش یک بیت بر روی احتمال جهش سایر بیت ها تأثیر نمی گذارد. این عمل در یک الگوریتم ژنتیک ساده به منزله ی یک عملگر ثانویه و به منظور حفظ اطلاعاتی که در حال از دست رفتن است، تلقی می گردد. به کمک این عملگر می توان امید داشت که کروموزوم های خوب که در مراحل انتخاب و یا تکثیر حذف شده اند ، دوباره احیا شوند. این عملگر همچنین تضمین می کند که بدون توجه به پراکندگی جمعیت اولیه ، احتمال جستجوی هر نقطه از فضای مسئله هیچگاه صفر نشود.

از دیگر مزایای عملگر جهش ، متفاوت و متمایز نمودن کروموزوم ها در یک جمعیت است. به عبارت دیگر با استعانت از عملگر جهش می توان تحرک شگرفی در یک جمعیت ایجاد نمود. به عنوان مثال اگر جمعیت زیر را در نظر موجود باشد:

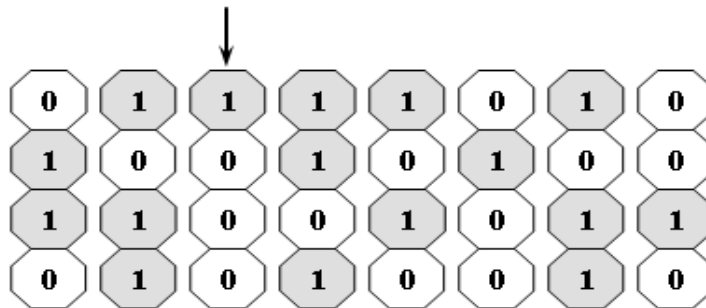
140 . True

141 . False



شکل (۳-۲۵) - نیاز جمعیت به بیت ۱

همان طور که ملاحظه می شود، همه ی بیت های ستون سوم جمعیت حاضر صفر است. اگر راه حل بهینه نیاز به یک در این موقعیت داشته باشد، در این صورت هیچکدام از عملیات ادغام و تولیدمثل قادر به این کار نخواهد بود. اما عمل جهش این کار را برای ما انجام خواهد داد و جمعیت پس از این عمل با توجه به یک احتمال مشخص به صورت زیر در می آید:



شکل (۳-۲۶) - تاثیر عملگر جهش

۳-۴-۴-۱-۸-۲ عمل جهش در کدگذاری مقدار [21]

در کدگذاری حقیقی برای اعمال عملگر جهش روابط زیر پیشنهاد می شود [4]:

$$C_k = P_k + \Delta(t, P_k^{Max} - P_k) \quad (۳-۲۵)$$

$$C_k = P_k - \Delta(t, P_k - P_k^{Min}) \quad (۳-۲۶)$$

در روابط فوق

P_k : مقدار متغیر موردنظر

P_k^{Max} : بزرگترین مقدار مجاز متغیر P_k

P_m^{Min} : کوچکترین مقدار مجاز متغیر P_k

t : تعداد نسلهای تولید شده تا آن زمان

$\Delta(t, y)$: مقداری بین صفر و y دارد واز رابطه زیر بدست می آید:

$$\Delta(t, y) = yr \left(1 - \frac{t}{T}\right)^b \quad (27-3)$$

T : تعداد کل نسل سازی

b : پارامتری بزرگتر از یک

r : عددی تصادفی در محدوده صفر و یک

انتخاب یکی از دو فرزند جهش یافته در روابط (۲۵-۳) و (۲۶-۳) به صورت تصادفی می باشد. در این شیوه باید دقت شود که مقدار متغیرها از مقادیر مجاز افزایش نیابند. در صورت نیاز به نزدیک ترین عدد صحیح مجاز گرد شوند.

$$3-4-4-1-8-3 \text{ نرخ جهش } (P_m)^{142}$$

این نرخ بیانگر احتمال جهش و تغییر برای هر بیت است. مقدار مناسب نرخ جهش در کیفیت نتایج تأثیر بسزایی دارد. نرخ جهش پایین سبب همگرایی سریع و عدم تحرک در فضای جستجو می شود. در حالیکه نرخ جهش بالا سبب می شود که عملیات GA به سمت روند جستجوی تصادفی میل نماید. این نرخ

برای یک جمعیت با اندازه ی ۲۰ تا ۲۰۰ مقداری بین 0.005 تا 0.05 پیشنهاد می شود. در صورتی که در فرآیند GA مفهوم نخبه گرایی وجود داشته باشد؛ پیشنهاد می شود نرخ جهش از حد معمول و متعارف بیشتر انتخاب شود.

نرخ جهش را می توان ثابت در نظر گرفت و یا پیشنهاد می شود آن را متناسب با تعداد نسل های تولید شده قرار داد. در این صورت دو حالت وجود دارد که به شرح زیر است:

۱- در این حالت نرخ جهش بصورت افزایشی می باشد. یعنی در ابتدا جهش با احتمال کمی اعمال شده و در خلال عملیات GA ، متناسب با نسبت شماره نسل به تعداد کل نسل ها ، افزایش می یابد. یعنی:

$$P_m = P_m^{Min} + (P_m^{Max} - P_m^{Min}) \frac{t}{T} \quad (28-3)$$

۲- در این حالت نرخ جهش بصورت کاهشی می باشد. یعنی در ابتدا جهش با بیشترین احتمال اعمال می شود و در خلال فرآیند GA ، رشد نزولی خود را متناسب با نسبت شماره نسل به تعداد کل نسل ها ، درپیش می گیرد. یعنی:

$$P_m = P_m^{Max} - (P_m^{Max} - P_m^{Min}) \frac{t}{T} \quad (29-3)$$

در روابط (۲۸-۳) و (۲۹-۳) متغیرهای عبارتند از:

P_m : مقدار نرخ جهش در هر نسل

P_m^{Max} : حداکثر مقدار نرخ جهش در فرآیند GA

P_m^{Min} : حداقل مقدار نرخ جهش در فرآیند GA

t : شماره نسل حاضر

T : تعداد کل نسل سازی

۳-۴-۵ مفاهیم تکمیلی

پارامترهایی همچون اندازه ی جمعیت^{۱۴۳}، نرخ عملگرهای GA ، به عنوان پارامترهای کنترلی^{۱۴۴} هستند که باید قبل از اجرای الگوریتم مشخص شوند. همچنین تعریف یک معیار برای تصمیم گیری در مورد خاتمه عملیات GA ضرورت دارد. این معیار تحت عنوان شرط خاتمه معرفی می شود. شرط خاتمه بیانگر آنست که الگوریتم می بایستی به جواب بهینه دست یافته باشد. یا اصطلاحاً عملیات GA به نقطه بهینه همگرا شده است.

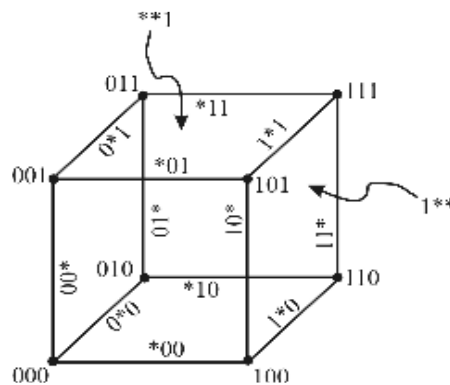
۳-۴-۵-۱ همگرایی الگوریتم ژنتیک^{۱۴۵}

تاکنون تحقیقات بسیاری برای همگرایی GA انجام شده است. بطور مثال مطالعات فراوانی با استفاده از زنجیره مارکوف^{۱۴۶} صورت گرفته است. این تحقیقات بر روی جمعیت های بزرگ و نرخ جهش پایین به صورت آماری انجام شده است [7]. که نتایج آن در مراجع مربوطه وجود دارد. بررسی ها دیگری برای یافتن یک حد بالا برای تعیین تعداد تکرارها نیز توسط افرادی چون کوهلر^{۱۴۷} در سال ۱۹۹۶ و گرینحالگ^{۱۴۸} در سال ۲۰۰۰ صورت گرفته است [7]. نتیجه برخی از این تحقیقات ، ارائه معیارهایی ، جهت خاتمه GA بوده است. یکی از این معیارها به این صورت تعریف می شود که هنگامی ، درصد ثابتی از سطر و ستون های ماتریس جمعیت شبیه هم شوند ، همگرایی حاصل شده است. این درصد مقداری در محدوده ۰.۸۰٪ تا ۰.۸۵٪

¹⁴³ . Population Size
¹⁴⁴ . Control Parameter
¹⁴⁵ . Convergence
¹⁴⁶ . Markov Chain
¹⁴⁷ . Koehler
¹⁴⁸ . Greenhalgh

می باشد [6]. مطالعات گوناگون دیگری نیز به همراه اثبات های متنوع در مقالات گوناگون موجود است. اما بطور کلی یک روش صریح و جامع ریاضی درباره ی همگرایی وجود ندارد.

یک روش سنتی جهت بررسی همگرایی GA ، استفاده از تئوری الگو^{۱۴۹} است که توسط هولند در سال ۱۹۷۵ ارائه شده است. طبق تعریف: یک الگو، رشته ای از کاراکترهای ثابت صفر (0) و یک (1) و کاراکترهای شناور^{۱۵۰} (*) است [7]. الگو همانند یک شابلن^{۱۵۱} عمل می نماید. به عنوان مثال الگوی $11^{**}0$ بیانگر کلیه رشته های چهار بیتی است که با 11 شروع و با 0 خاتمه می یابند. به بیان دیگر این الگو توصیف کننده مجموعه چهار رشته، 11000 11100 11010 11110 است. شکل (۳-۲۷) یک الگو را برای یک عدد باینری سه رقمی نشان می دهد [7]. تعداد نقاط ثابت در یک الگو را رتبه^{۱۵۲} آن الگو می گویند (مثلاً 100^{**} از رتبه سه است). یک الگو توسط دو پارامتر به نام رتبه و طول^{۱۵۳} توصیف می شود. طول یک الگو را فاصله بین دورترین نقاط ثابت در یک رشته می نامند [6]. در شکل (۳-۲۷) رشته های سه رقمی با رتبه سه گوشه های مکعب، رشته های سه رقمی با رتبه دو ضلع های مکعب و رشته های سه رقمی با رتبه یک وجوه مکعب را نشان می دهند [7].



شکل (۳-۲۷) - الگو برای یک عدد باینری سه رقمی

¹⁴⁹ . Schema Theorem
¹⁵⁰ . Don't Care
¹⁵¹ . Template
¹⁵² . Order
¹⁵³ . Defining Length

قضیه الگو ، مقدار میانگین شایستگی رشته را به الگوی خاص ارتباط می دهد. این مقدار میانگین شایستگی برای یک الگو با توجه به ترکیب اعضای یک جمعیت از یک نسل به نسل بعد تغییر می کند. با توجه به جستجو برای رشته های بهینه رقابت الگوها باعث افزایش تعداد آن ها در جمعیت می گردد. قضیه الگو معتقد است که الگوهای نسبتاً کوتاه با رتبه پایین و میانگین شایستگی بالا ، بطور نمایی شانس بیشتری برای حضور در جمعیت های متوالی پیدا می کنند. زیرا اپراتور تکثیر الگوهای شایسته را بیشتر کپی کرده و عملگرهایی چون ادغام و جهش و ... ، الگوهایی با طول کوتاه را با احتمال کمتری بی نظم می کند [6]. بنابراین انتخاب یک عملگر ادغام مناسب نقش حیاتی را در این زمینه ایفا می کند.

به الگوهایی که دارای مقدار شایستگی بالا و طول کوتاه هستند ، اصطلاحاً بلوک های سازنده^{۱۵۴} گفته می شود. بطور کلی بر طبق قضیه الگو معنای جستجو در فضای ژنتیک توسعه ی این بلوک ها است. بلوک های سازنده با توجه به عملگرهای GA ، با یکدیگر ترکیب شده تا بلوک های بزرگتر و بهتری تشکیل دهند و سر انجام منجر به همگرایی به یک نقطه بهینه شوند [7]. گلدبرگ قضیه الگو را بشرح زیر بیان می نماید.

۳-۴-۵-۲ قضیه الگو

قضیه بنیادی الگوریتم ژنتیک^{۱۵۵} میزان رشد یا کاهش مورد انتظار یک الگوی خاص طی نسل های متوالی و تحت اثر عملگرهای GA را تعیین می کند [6]. همان طور که پیشتر بیان شد ، قضیه الگو معتقد است که الگوهای نسبتاً کوتاه با رتبه پایین و میانگین شایستگی بالا ، بطور نمایی شانس بیشتری برای حضور در جمعیت های متوالی دارند. بر طبق این قضیه الگوهایی با بدترین مقدار شایستگی نسبت به میانگین شایستگی ، شانس برای حضور در نسل های بعدی نخواهند داشت. پس الگوهای مناسب به حیات

¹⁵⁴ . Building Blocks

¹⁵⁵ . The Fundamental Theorem Of Genetic Algorithms

خود در نسل های بعدی ادامه می دهند. بهترین الگوها در زمان حیات GA تخمینی از نرخ همگرایی می باشند.

بنابراین اگر یک الگوی فرضی ، با S_t در جمعیت نسل t ام نشان داده شود ؛ تعداد نمایش این الگو در نسل $t+1$ برابر است با [7]:

$$S_{t+1} = S_t P_t (1 + Q_t) R_t \quad (30-3)$$

P_t : احتمال انتخاب یک الگو برای حیات در نسل بعدی.

Q_t : احتمال انتخاب یک الگو برای جفت گیری.

R_t : احتمال اینکه یک الگو توسط عملگرهای ادغام و موتاسیون از بین نرود.

باید توجه داشت که اگر در رابطه (30-3) ، $P_t(1+Q_t) < 1$ باشد، سرانجام این الگو از بین می رود.

حیات یک الگو بر اساس رابطه زیر بیان می شود [7]:

$$S_{t+1} \geq (P_t P_{t-1} \dots P_1) [(1+Q_t)(1+Q_{t-1}) \dots (1+Q_1)] (R_t R_{t-1} \dots R_1) S_1 \quad (31-3)$$

این رابطه احتمال انتخاب یک الگو را که از نسلی با نسل دیگر متفاوت است، نشان می دهد.

ممکن است الگویی در نسل اولیه مقداری برابر با $P_t(1+Q_t) > 1$ داشته باشد و در نسل های بعدی به

مقدار $P_t(1+Q_t) < 1$ برسد و همان طور که اشاره شد، در این حالت این الگو برای مدت زیادی زنده نخواهد

ماند و از بین خواهد رفت.

بر طبق نظر گلدبرگ ، تئوری الگو برای عملگرهای انتخاب و ادغام تک نقطه ای از رابطه زیر بدست

می آید [7]:

$$S_{t+1} \geq S_t \frac{\hat{f}}{f} \left\{ 1 - \left[P_c \frac{\delta}{N_{bits} - 1} \right] - \zeta P_m \right\} \quad (32-3)$$

که:

\hat{f} : میانگین شایستگی کروموزوم های شامل الگو.

\bar{f} : میانگین شایستگی جمعیت.

p_c : احتمال ادغام (نرخ ادغام).

P_m : احتمال جهش (نرخ جهش).

δ : فاصله بین اولین و آخرین بیت الگو.

N_{bite} : تعداد مکان های ادغام.

ζ : تعداد رقم های تعریف شده در الگو.

مطالعات فراوانی در زمینه بهبود قضیه بنیادی جهت افزایش کارایی GA انجام شده است. اما عملاً اثبات قوی چه در این زمینه و چه در زمینه های دیگر، جهت خاتمه عملیات GA وجود ندارد. پیشنهادهای متنوعی جهت خاتمه عملیات GA وجود دارد که در ذیل به شرح مختصر هر یک از آن ها پرداخته شده است.

۳-۴-۵-۳ شرط توقف الگوریتم

برخی از شرط های متداول توقف عملیات GA عبارتند از [7]:

۱. رسیدن به جواب^{۱۵۶}: این ساده ترین فکر برای همگرایی است. به این معنی که اگر تصور شد الگوریتم به مقدار کروموزوم مناسب رسیده است، الگوریتم متوقف شود.

۲. عدم پیشرفت^{۱۵۷}: یعنی الگوریتم GA پس از n بار تکرار با همان کروموزوم های قبلی ادامه پیدا کند؛ در این صورت الگوریتم متوقف شود. در این حالت ممکن است الگوریتم در یک نقطه کمینه نسبی ، به دام افتاده باشد.

۳. روش آماری^{۱۵۸}: اگر انحراف از معیار^{۱۵۹} مقادیر شایستگی جمعیت به یک مقدار مشخصی رسید، الگوریتم متوقف می شود. این بدان مفهوم است که مقادیر شایستگی جمعیت با یکدیگر تفاوت چندانی نداشته باشند.

۴. تعداد تکرارها^{۱۶۰}: اگر با هیچ کدام از موارد فوق جواب نداد، شرط توقف براساس تعداد تکرار بنا می شود.

در هر صورت باید اذعان داشت که ممکن است GA نیز ، همانند دیگر روش های بهینه سازی ، به جواب بهینه نرسد و یا در نقطه کمینه نسبی گرفتار شود. در هر صورت اگر الگوریتم به یک حل بهینه همگرا نشود ، می بایست پارامترهای آن را تغییر داده و مجدداً الگوریتم را اجرا شود. این پارامترها نقش بسزایی در رسیدن به جواب بهینه دارند. در پایان نامه حاضر الگوریتمی ارائه شده است که تأثیر پارامترهای GA را بطور چشمگیری (بارزی) کاهش می دهد و کاربر را از اجرای مجدد برنامه با پارامترهای جدید بی نیاز می سازد. در یک نگاه کلی پارامترهای اساسی در پیاده سازی عملیات GA را می توان بشرح زیر دسته بندی نمود:

◀ نحوه ی نمایش متغیرهای طراحی

◀ نحوه ارزیابی تابع جریمه و شایستگی رشته ها

◀ اندازه جمعیت

157 . No Improvement

158 . Statistics

159 . Standard Deviation

160 . Number Of Iterations

- ◀ نوع روش انتخاب
- ◀ عملگرهای GA همچون ادغام ، جهش و ...
- ◀ نرخ عملگرهای GA
- ◀ شرط خاتمه

۴-۱ مقدمه

یکی از هنرهای مهندسی بدست آوردن بیشترین بازده ، با انتخاب یک سیستم مناسب و صرف کمترین مصالح است. در مهندسی سازه وظیفه سیستم های سازه تحمل بارهای مؤثر و معمولاً انتقال نیرو به تکیه گاهها است. این سیستم ها ، 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 [6].

در این راستا طرح بهینه سازه های اسکلتی همچون خرپاها به چهار دسته عمده تقسیم می شود [6]:

۱- بهینه یابی مقطع^{۱۶۱} که دربرگیرنده تعیین سطح مقطع بهینه اعضا می باشد.

¹⁶¹ . Sizing Optimization

۲- بهینه یابی شکل یا هندسه^{۱۶۲} که در آن مختصات بهینه گرهی به ازای نحوه قرارگیری مفروض اعضا تعیین می شود.

۳- بهینه یابی توپولوژی^{۱۶۳} که مشتمل بر تعیین بهترین آرایش اعضا در فضای مفروض مختصات گرهی است.

۴- بهینه یابی پیکربندی^{۱۶۴} که در برگیرنده سه مورد قبل بصورت توأم می باشد. در بهینه یابی مقطع ، طرح بهینه به ازای کمترین مقدار سطح مقطع با مختصات ثابت گرهی (هندسه ثابت) و همبندی ثابت خرپا (توپولوژی ثابت) انجام می پذیرد (گلدبرگ و سمتانی ۱۹۸۶^{۱۶۵} [22]). معمولاً در مسائل کاربردی مهندسی از مقاطع استاندارد موجود در بازار استفاده می شود. در این راستا بهینه یابی مقاطع منفصل^{۱۶۶} ، با اتخاذ اعضا از لیست پروفیل های موجود ، توسعه و گسترش یافت. (راجیو و کریشنامورتی ۱۹۹۲ [9]).

در بهینه یابی شکل یا هندسه ، مختصات گرهی خرپا جهت طراحی بهینه بررسی می شود. (ایمای و اسچمیت ۱۹۸۱^{۱۶۷} [23]). این مهم در اغلب مقالات الگوریتم ژنتیک ، بصورت توأم با سطح مقطع بهینه مورد بررسی قرار می گیرد. به عبارت دیگر در این گونه مسائل ، هدف یافتن طرح بهینه سطح مقطع اعضا به همراه مختصات گرهی بهینه می باشد.

در بهینه یابی توپولوژی ، همبندی بهینه اعضا در خرپا تعیین می گردد (رینگرتز ۱۹۸۵ [24] و کریش ۱۹۸۹^{۱۶۸} [25]). بهینه یابی توپولوژی ، امروزه در اکثر مقالات علمی ، همزمان با بهینه یابی سطح مقطع انجام می گیرد. این مطلب با فرض ثابت بودن هندسه سازه انجام می پذیرد.

162 . Geometrical (Shape) Optimization

163 . Topological Optimization

164 . Layout Optimization

165 . Goldberg And Samtani, 1986

166 . Discrete Variable Optimization

167 . Imai And Schmit, 1981

168 . Ringertz, 1985 ; Krish, 1989

در این پایان نامه ، با کمک روش های نوین الگوریتم ژنتیک^{۱۶۹} ، شیوه نوینی جهت بهینه یابی توپولوژی و سطح مقطع سازه های خرپایی ، بصورت همزمان ، ارائه شده است. در فصل حاضر ، در ابتدا به طور اجمالی به شرح مبانی بهینه یابی توپولوژی و سطح مقطع خرپاها توسط الگوریتم های ژنتیک پرداخته شده است.

۲-۴ مبانی بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی بوسیله GA

روش های کلاسیک ، نیازمند ریاضیات خاصی جهت بهینه یابی توپولوژی و سطح مقطع سازه های خرپایی می باشد ؛ اما این مهم از طریق الگوریتم های ژنتیک به راحتی قابل دست یابی است. اشخاصی چون گریسون و همکاران^{۱۷۰} ۱۹۹۳ [26] ؛ حاجلا و همکاران^{۱۷۱} ۱۹۹۵ [27] ، راجان^{۱۷۲} ۱۹۹۵ [10] /وزاکی^{۱۷۳} ۱۹۹۵ [28] ، ۲۰۰۱ [29] ؛ راجیو و کریشنامورتی ۱۹۹۷ [30] ؛ وازکوئز^{۱۷۴} ۱۹۹۸ [31] ؛ چای و همکاران^{۱۷۵} ۱۹۹۹ [32] ؛ کاوه^{۱۷۶} و همکاران ۱۹۹۹ [33] ، ۲۰۰۳ [34] ، ۲۰۰۶ [35] ؛ تانگ و همکاران^{۱۷۷} ۲۰۰۵ [36] ؛ سیسوک و همکاران^{۱۷۸} ۲۰۰۷ [37] ؛ رحامی و همکاران^{۱۷۹} ۲۰۰۸ [38] و ... این مطلب را با کمک روش های پیشنهادی خود در زمینه GA ، جهت بهینه یابی توپولوژی و سطح مقطع سازه های خرپایی به اثبات رسانیده اند.

¹⁶⁹ . Advanced GA Methods

¹⁷⁰ . D.E. Grierson, et al 1993

¹⁷¹ . Hejela Lee And Lin 1995

¹⁷² . S.D. Rajan, 1995

¹⁷³ . M.Ohsaki, 1995 , 2001

¹⁷⁴ . M. Vázquez-Espi 1998

¹⁷⁵ . S.Chai , L.S.Shi And H.C.Sun, 1999

¹⁷⁶ . A.Kaveh, et al , 1999 , 2003

¹⁷⁷ . W. Tang, et al , 2005

¹⁷⁸ . Šešok, et al , 2007

¹⁷⁹ . H.Rahami, 2008

عموماً در بهینه یابی توپولوژیکی خرپاها ، حضور یا عدم حضور اعضا به عنوان یک متغیرهای بولی در نظر گرفته می شود. 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 می نمایند.

حذف متغیر توپولوژیکی یا تلقی حذف عضو به ازای حصول سطح مقطع صفر ، این اشکال را ایجاد می کند که در صورت گروه بندی اعضا ، هر متغیر طراحی سطح مقطع نماینده سطح مقطع اعضای گروه مربوطه است و سطح مقطع صفر باعث حذف کلیه اعضای آن گروه می شود. این مسأله ممکن است موردنظر طراح نباشد و در عین حال سبب ناپایداری یا حصول بهینه نسبی شود. به عنوان مثال اگر کلیه اعضای قطری یک خرپای مستوی ، به عنوان یک گروه در نظر گرفته شوند ؛ سطح مقطع صفر باعث حذف همگی آن ها خواهد شد. در حالیکه ممکن است در توپولوژی بهینه حضور برخی از آن ها لازم باشد. از سوی دیگر اگر عضو فقط به ازای سطح مقطع صفر حذف شود ، بسته به طول زیررشته احتمال آن پایین و سازه های تولید شده در جمعیت اولیه پرعرضو شده و این مسأله بر روی کیفیت نتایج تأثیر منفی می گذارد [6].

از روش های توپولوژیکی رایج دیگر ، اختصاص احتمال حضور اعضا P_e به بیت های بولی توپولوژیکی می باشد. اختصاص مقدار مناسب به P_e سبب می شود که کروموزوم های معادل با سازه ناپایدار در جمعیت اولیه کاهش و نتایج توپولوژی بهینه بهبود چشمگیری 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 می کند [6].

در هر صورت کلیه روش های فوق دارای محاسن و بالطبع ، معایب منحصر بفردی می باشد. اما وجه اشتراک تمامی روش فوق ، استفاده از فرمولبندی مفهوماً یکسانی برای مسأله بهینه یابی می باشد که در ادامه بشرح آن پرداخته شده است.

۴-۲-۱ فرمولبندی مسأله بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپاها براساس GA

در این پایان نامه بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپاها بر اساس GA ، زمانیکه متغیرهای طراحی منفصل بوده و می بایست از لیست مقاطع موجود^{۱۸۰} انتخاب شوند ، مورد توجه و بررسی قرار گرفته است. فرمولبندی مسأله بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی براساس الگوریتم ژنتیک بشرح زیر تعریف می شود:

یافتن:

$$A = [a_1, a_2, \dots, a_{Nos}]^T ; a_i \in S ; i = 1, \dots, Nos \quad (1-4)$$

جهت کمینه سازی تابع $f(A)$ که در معرض قیود زیر می باشد:

خرپا از نظر هندسی پایدار باشد = $G1$ ^{۱۸۱}

$$G2 = \begin{cases} g_{i2}(A) = 0 & \text{if } \frac{\sigma_{iT}}{\sigma_{all(Ten)}} - 1 \leq 0 ; i = 1, \dots, Net \\ g_{i2}(A) = \frac{\sigma_{iT}}{\sigma_{all(Ten)}} - 1 & \text{if } \frac{\sigma_{iT}}{\sigma_{all(Ten)}} - 1 > 0 ; i = 1, \dots, Net \end{cases} \quad (2-4)$$

$$G3 = \begin{cases} g_{i3}(A) = 0 & \text{if } \frac{\sigma_{iC}}{\sigma_{all(Com)}} - 1 \leq 0 ; i = 1, \dots, Nec \\ g_{i3}(A) = \frac{\sigma_{iC}}{\sigma_{all(Com)}} - 1 & \text{if } \frac{\sigma_{iC}}{\sigma_{all(Com)}} - 1 > 0 ; i = 1, \dots, Nec \end{cases} \quad (3-4)$$

$$G4 = \begin{cases} g_{i4}(A) = 0 & \text{if } \frac{\Delta_i}{\Delta_i^{all}} - 1 \leq 0 ; i = 1, \dots, Ndof \\ g_{i4}(A) = \frac{\Delta_i}{\Delta_i^{all}} - 1 & \text{if } \frac{\Delta_i}{\Delta_i^{all}} - 1 > 0 ; i = 1, \dots, Ndof \end{cases} \quad (4-4)$$

هر یک از موارد فوق بشرح زیر قابل تفسیر می باشند.

180 . Available List

181 . Truss Is Kinematically Stable

182 . Constraint Tensile Stress

183 . Constraint Compressive Stress

۱-۱-۲-۴ متغیرهای طراحی

رابطه (۱-۴) بردارمتغیرهای طراحی را نشان می دهد. در این رابطه

A : حاوی متغیرهای طراحی سطح مقطع و متغیرهای توپولوژیکی است.

S : مجموعه پروفیل های موجود است ، که بر اساس آن طراحی تشکیل می گردد.

Nos : تعداد اعضای مجموعه S است. به عبارت دیگر تعداد مقاطع موجود برای طراحی انجام می

شود.

a_i : سطح مقطع هر عضو از خرپا است ، که می تواند هر مقدار از مجموعه S را اختیار نماید.

۲-۱-۲-۴ تابع هدف

از آنجاییکه هدف کمینه نمودن وزن سازه به ازای بهترین آرایش اعضای خرپا است ؛ بنابراین می

توان تابع هدف را بشرح زیر تعریف نمود:

$$f(A) = \sum_{i=1}^{Ne} (\rho_i l_i a_i) \quad (۵-۴)$$

که در آن

Ne : تعداد اعضای خرپا است.

ρ_i : وزن مخصوص مصالح^{۱۸۴} هر عضو از خرپا است که در اغلب اوقات برای تمامی اعضا یکسان فرض می شود.

ℓ_i : طول هر عضو از خرپا است.

a_i : سطح مقطع هر عضو از خرپا است.

هنگامی که عضوی به دلیل حصول توپولوژی بهینه حذف می شود ، طول عضو مورد نظر برابر صفر منظور می گردد. این عمل سبب می شود ؛ تا مقدار وزن خرپا به ازای توپولوژی حاضر بدست آید. لازم به ذکر است ، در مراحل بعدی که ممکن است ؛ جهت یافتن توپولوژی بهینه ، عضو حذف شده ، ظاهر گردد؛ در این صورت ، مقدار طول آن مجدداً محاسبه و در رابطه (۴-۵) منظور می گردد.

حال اگر هدف کمینه نمودن حجم سازه به ازای بهترین توپولوژی خرپا مورد نظر باشد ؛ آنگاه تابع هدف بشرح زیر تعریف می شود:

$$f(A) = \sum_{i=1}^{Ne} (\ell_i a_i) \quad (۴-۶)$$

که در آن تعاریف ℓ_i ، a_i و Ne مشابه رابطه (۴-۵) تعریف می شود.

۴-۲-۱-۳ قید G1

در روند بهینه یابی با GA ، خرپاهای مختلف با توپولوژی های گوناگون ، توسط اپراتورهای ژنتیک ساخته می شود که ممکن است برخی از این خرپاها ، از نقطه نظر کنیلماتیکی ناپایدار باشند. در این پایان نامه ، ناپایداری توپولوژیکی هر رشته ، قبل از انجام عملیات تحلیل سازه مشخص و در صورت عدم پایداری ،

¹⁸⁴ . Density

کروموزوم مربوطه به شدت جریمه می شود. این عمل تا حد زیادی حجم عملیات عددی را کاهش و بر سرعت عملیات GA می افزاید. بدین ترتیب پایداری توپولوژیکی سازه بهینه تضمین می شود.

در این راستا با استعانت از رابطه (۷-۴) درجه نامعینی استاتیکی خرپا قبل از شروع عملیات تحلیل سازه مشخص می شود. در صورتیکه درجه نامعینی استاتیکی منفی باشد، سازه مربوطه دارای ناپایداری توپولوژیکی است و کروموزوم مربوطه جریمه می شود.

$$ID = 2J - Ne - R \quad (7-4)$$

در رابطه فوق

ID : درجه نامعینی استاتیکی سازه

J : تعداد گره های سازه هم ارز با رشته موردنظر

Ne : تعداد اعضای خرپای مترادف با کروموزوم مربوطه

R : تعداد واکنش های تکیه گاهی

است.

لازم به ذکر است که در رابطه فوق مقادیر J و Ne برای توپولوژی مربوط به هر رشته تعریف می شود. به عبارت دیگر در صورتیکه گره ای در فرآیند حصول توپولوژی بهینه، کلیه اعضای خود را از دست دهد، گره مفروض در کلیه جهات بسته و در رابطه (۷-۴) شرکت داده نمی شود و تعداد گره ها بر اساس خرپای جدید محاسبه می شود.

رابطه (۷-۴) تنها ناپایداری خارجی سازه را مشخص می نماید. بنابراین برای بررسی ناپایداری داخلی در روند بهینه یابی از طریق GA از ماتریس سختی سازه استفاده شده است. یک سازه پایدار از نقطه نظر

کنیماتیکی، دارای ماتریس سختی متقارن معین مثبت^{۱۸۵} می باشد. از آنجا که ماتریس سختی هر سازه متقارن است و در صورتی که ماتریس سختی یک سازه معین مثبت نباشد، سازه مورد نظر ناپایدار خواهد بود. لذا بر اساس مرجع [39] ماتریس های حقیقی متقارن بشرح زیر دسته بندی می شوند:

اگر H یک ماتریس $n \times n$ باشد، مینورهای اصلی^{۱۸۶} آن به شرح زیر تعریف می شوند:

$$\Delta_1 = k_{11}, \quad \Delta_2 = \det \begin{vmatrix} k_{11} & k_{12} \\ k_{21} & k_{22} \end{vmatrix}, \quad \Delta_3 = \det \begin{vmatrix} k_{11} & k_{12} & k_{13} \\ k_{21} & k_{22} & k_{23} \\ k_{31} & k_{32} & k_{33} \end{vmatrix}, \dots \quad (۸-۴)$$

که در نهایت

$$\Delta_n = \det|H|$$

با کمک این مینورهای، یک ماتریس حقیقی متقارن^{۱۸۷} براساس جدول زیر دسته بندی می شود:

جدول (۱-۴) - دسته بندی ماتریس های حقیقی متقارن

شرایط مینورهای اصلی	انواع ماتریس حقیقی متقارن
$\Delta_1 > 0, \Delta_2 > 0, \dots, \Delta_n > 0$	ماتریس معین مثبت
$\Delta_1 < 0, \Delta_2 > 0, \Delta_3 < 0, \dots, etc.$	ماتریس معین منفی ^{۱۸۸}
$\Delta_1 \geq 0, \Delta_2 \geq 0, \dots, \Delta_n \geq 0$	ماتریس نیمه معین مثبت ^{۱۸۹}
$\Delta_1 \leq 0, \Delta_2 \geq 0, \Delta_3 \leq 0, \dots, etc.$	ماتریس نیمه معین منفی ^{۱۹۰}
هیچ یک از شرایط فوق حاکم نباشد.	ماتریس نامعین ^{۱۹۱}

185 . Positive Definite

186 . Principal Minors

187 . Symmetric Real Matrices

188 . Negative Definite

189 . Positive Semidefinite

190 . Negative Semidefinite

191 . Indefinite

به عبارت دیگر می توان گفت در صورتی یک سازه پایدار است که کلیه اعضای قطر اصلی ماتریس سختی تجزیه شده (در روش چولسکی) آن مثبت و مخالف صفر باشند. لذا می توان همواره در عملیات تحلیل ماتریسی سازه ، قبل از محاسبه تغییرمکان گره های سازه و تنش اعضای خرپا ، ماتریس سختی سازه کنترل شود. اگر یکی از داریه های قطر اصلی ماتریس سختی تجزیه شده منفی ویا برابر صفر باشد ، عملیات ماتریسی متوقف و کروموزوم مربوطه به سبب ناپایداری به شدت جریمه می شود.

باید توجه داشت که در طی روند بهینه یابی از طریق GA اگر کلیه اعضای متصل به گره ای تحت بار و یا تکیه گاه برای حذف انتخاب شده باشند ، بدون هر گونه عملیات ماتریسی و روابط ناپایداری ، کروموزوم مربوطه به شدت جریمه خواهد شد. این عمل نیز کمک فراوانی به بهبود سرعت فرآیند بهینه یابی می نماید. در هر صورت سعی برآن شده است تا با استعانت از شیوه های فوق سازه های ناپایدار در طی فرآیند بهینه یابی مقاطع و توپولوژی از طریق GA شناسایی و با اعمال جریمه ای بزرگ ، گام مؤثری در جهت حذف آن از جمعیت های GA برداشته شود. مهمترین و اساسی ترین ویژگی این شیوه ها ، افزایش و بهبود سرعت عملیات GA در روند بهینه یابی می باشد.

۴-۲-۱-۴ قید $G3, G2$

برای یک خرپا با توپولوژی بهینه ، همواره می بایست تنش ناشی از بارگذاری در تمامی اعضا ، در محدوده مجاز و قابل قبول قرار داشته باشد. این مقدار مجاز براساس جنس مصالح اعضای خرپا تعیین می شود. بنابراین در روند بهینه یابی مقاطع و توپولوژی از طریق GA ، پس از کنترل پایداری سازه ، تنش تک تک اعضای خرپا محاسبه می شود. در صورت نقض قیود بر اساس روابط (۲-۴) و (۳-۴) جریمه ای به کروموزوم مربوطه اعمال می شود. باید توجه داشت که رابطه (۲-۴) مقدار نقض قیود ناشی از تنش کششی اعضای خرپا و رابطه (۳-۴) مقدار نقض قیود ناشی از مقدار تنش فشاری اعضای سازه را محاسبه می نماید.

به عبارت دیگر براساس اینکه عضو فشاری یا کششی است ، نقض قیود آن توسط رابطه مربوطه کنترل و در صورت لزوم ، مقدار آن محاسبه می شود. پارامترهای روابط (۲-۴) و (۳-۴) به شرح ذیل تعریف می شود:

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

σ_{iT} : تنش کششی عضو i ام

$\sigma_{all(Ten)}$: تنش مجاز و قابل قبول کششی

Net : تعداد اعضای کششی خرپا به ازای توپولوژی موجود

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

σ_{iC} : تنش فشاری عضو i ام

$\sigma_{all(Com)}$: تنش مجاز و قابل قبول فشاری

Nec : تعداد اعضای فشاری خرپا به ازای توپولوژی موجود

در بسیاری از مواقع مقادیر تنش های مجاز مشخص است. اما در هر صورت تنش فشاری مجاز را می

توان بر اساس رابطه اوایلر^{۱۹۲} بشرح زیر محاسبه نمود [8]:

$$\sigma_{cr} = \frac{E\pi^2\beta_i a_i}{l_i} \quad (9-4)$$

که در آن

β_i : ضریب کمانش وابسته به شکل سطح مقطع عرضی عضو i ام

a_i : سطح مقطع عرضی عضو i ام

E : مدول الاستیسیته^{۱۹۳}

l_i : طول عضو i ام

۴-۲-۱-۵ قید $G4$

همان طور که بیان شد ، هدف در این پایان نامه بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی با فرض مختصات ثابت گرهی (هندسه ثابت) است. در این راستا همواره کنترل مقدار تغییر مکان گره های سازه ، امری حیاتی و ضروری می باشد.

برای این منظور رابطه (۴-۴) مقدار تغییرمکان گره های فعال سازه را کنترل می نماید. به عبارت دیگر پس از تحلیل خرپای پایدار و محاسبه مقادیر تنش ، میزان تغییرمکان گره های فعال سازه محاسبه می شود. در صورتی که تغییرمکان درجه آزادی i ام ، در محدوده مجاز باشد ، جریمه ای به رشته موردنظر تعلق نمی گیرد. اما در غیراین صورت ، کروموزوم مربوطه متناسب با میزان تخطی جریمه خواهد شد. مقدار این جریمه ، بر اساس روابط (۴-۴) بدست می آید. در این روابط

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

Δ_i : مقدار تغییرمکان درجه آزادی i ام

Δ_i^{all} : مقدار تغییرمکان مجاز و قابل قبول درجه آزادی i ام

$Ndof$: تعداد درجات آزادی فعال گره های خرپا^{۱۹۴}

می باشد.

¹⁹³ . Elasticity Modulus

¹⁹⁴ . Number Degree Of Freedom

باید توجه داشت که قیود $G2$ ، $G3$ و $G4$ در روابط (۲-۴) و (۳-۴) و (۴-۴) بصورت قیود نرمال شده^{۱۹۵} بیان شده اند. این کار نتایج خوبی را به دنبال خواهد داشت زیرا به لحاظ کمی ، میزان نقض تنش بسیار متفاوت با نقض تغییرمکان است و نرمال کردن قیود سبب می شود ارزش کمی یکسانی به آن ها اختصاص یابد [6].

۲-۲-۴ مبانی توپولوژی پایه در بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپاها

در بهینه یابی توپولوژی خرپاها ، بطور مرسوم از سازه مبنا با موقعیت ثابت نقاط گرهی استفاده می شود. اعضای توپولوژی بهینه بصورت زیر مجموعه ای از اعضای سازه مبنا که معمولاً پر عضو انتخاب می شود ، تعیین می گردند [6].

انتخاب یک سازه مبنای مناسب ، عموماً یکی از مشکلات بهینه یابی مقاطع و توپولوژی از طریق GA می باشد ؛ یک سازه مبنا پر عضو ، احتمال کسب بهینه نسبی را افزایش می دهد. زیرا که با ازدیاد متغیرهای طراحی ، تعداد زیررشته ها افزایش و در نتیجه طول کروموزوم افزایش می یابد. این امر سبب رشد فزاینده حجم عملیات عددی می شود که بالطبع سرعت همگرایی کاهش و عموماً بهینه نسبی حاصل می گردد. از سوی دیگر انتخاب یک سازه مبنای کم عضو نیز مقبول نمی باشد. زیرا در این شرایط تعریفی برای حداقل اعضای سازه وجود ندارد و از سوی دیگر امکان وجود بهینه مطلق در آرایش مطروحه بسیار پایین است. در مقالات گوناگونی ، سازه های مبنا مختلفی ارائه شده است که هر یک با محاسن و معایب منحصر بفردی همراه می باشد. بر طبق مرجع [6] ، شرسدا و همکارانش^{۱۹۶} ، مطالعات وسیعی در زمینه سازه مبنا انجام داده است. عنوان مقاله مذکور در مرجع [40] ذکر شده است.

¹⁹⁵ . Normalized Constraints

¹⁹⁶ . S.M. Shrestha and J.Ghaboussi, 1998

در این پایان نامه با استفاده از مطالب مرجع [6] سعی بر آن است تا با معرفی گراف پایه مناسب، برای سازه مبنا و ایجاد جمعیت اولیه منطقی، سرعت عملیات GA افزایش یابد تا حتی الامکان سازه ای بهینه، با آرایش میله ای اجرایی حاصل شود. برای این منظور در این فصل به بررسی نظریه گراف ها بطور مختصر پرداخته شده است:

۴-۲-۱-۲-۲-۴ آشنایی با تعاریف پایه نظریه گراف ها

برای سازه های اسکلتی، توپولوژی بهینه معمولاً بر اساس روش سازه مبنا بدست می آید. در این روش یک مجموعه از حالات مجاز نقاط گرهی ایجاد می شود و نحوه اتصال گره ها به یگدیگر توسط اعضا، توپولوژی سازه را پدید می آورد. در یک نگاه ریاضی به مسأله مزبور، علی الاصول تعداد گره های ممکن برای سازه مبنا، بینهایت است و این امر کار محاسبات را طولانی و پیچیده می کند. برای رفع این مشکل یکی از راه حل ها این است که مکان گره های سازه مبنا توسط یک شبکه متعامد مشخص گردد که در آن فاصله جزء به جزء گره های شبکه با توجه به نوع بارگذاری و تگیه گاه ها، قبل از شروع حل مسئله مقادیر ثابتی در نظر گرفته شود [6].

در ادامه به معرفی تعاریف مقدماتی نظریه گراف ها که می تواند به عنوان یک ابزار قوی در اختیار بهینه یابی سازه ها قرار گیرد، پرداخته می شود. تعاریف اساسی تئوری گراف ها به شرح ذیل می باشد:

یک گراف S عبارت است از مجموعه راس ها $N(S)$ ، مجموعه عضوها $M(S)$ و یک تابع انطباق که به هر یک از عضوهای گراف، یک زوج از رئوس گراف را وابسته می سازد. تابع انطباق به هر یک از اعضای گراف زوج گره های $\{n_1, n_2\}$ را وابسته می سازد، که در این صورت رئوس n_1 و n_2 همسایه نامیده می شوند [33].

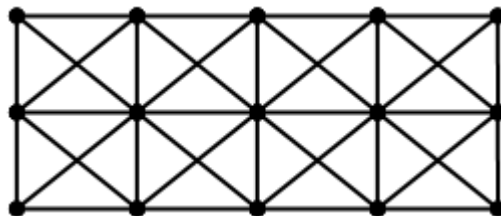
هر گاه بین دو راس بیش از یک عضو قرار داشته باشد ، به آن عضوها ، اعضای چندگانه گویند. اگر در یک گراف عضوی وجود داشته باشد که فقط با یک گره مشخص شود بدان حلقه گفته می شود [33].

گراف خنثی عبارتست از گرافی که در آن $N \neq \emptyset$ ولی $M = \emptyset$ باشد. برای معرفی بارهای گرهی وارد بر یک سازه می توان از این گراف استفاده نمود [6].

گرافی که تمام گره هایش به یگدیگر متصل شده باشند را گراف کامل نامیده می شود. تعداد اعضای یک گراف کامل N گرهی بشرح زیر محاسبه می شود [34]:

$$\frac{N(N-1)}{2} \quad (4-10)$$

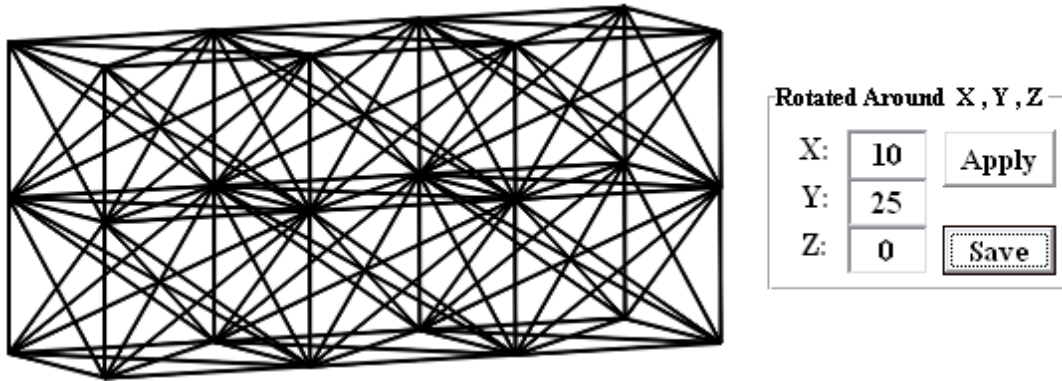
گرافی که در آن هر گره فقط به گره های اطراف خود متصل باشد را گراف ستاره ای نامیده می شود. به عنوان مثال در شکل (4-1) گراف پایه ستاره ای برای شبکه متعامد 15 گرهی در فضای دو بعدی نشان داده شده است [34].



شکل (4-1) - گراف پایه ستاره ای برای گراف خنثی 15 گره ای

در این شکل تعداد اعضا برابر 38 است که نسبت به حالت گراف کامل (105 عضو) خیلی کمتر می باشد.

گراف ستاره ای برای شبکه متعامد 30 گرهی (دو صفحه 15 گرهی) در فضای سه بعدی در شکل (4-2) با چرخشی تحت زاویه $(10^\circ, 25^\circ, 0^\circ)$ نشان داده شده است.



شکل (۲-۴) - گراف پایه ستاره ای برای گراف خنثی ۳۰ گره ای

سازه مبنای شکل (۲-۴) دارای ۱۶۷ عضو می باشد که بر اساس تعریف گراف پایه ستاره ای هر گره به کلیه نقاط مجاور خود در فضا متصل می باشد.

۲-۲-۲-۴ توپولوژی پایه

توپولوژی گراف پایه تأثیر بسزایی در وزن بهینه دارد. برای رسیدن به توپولوژی بهینه سراسری از گراف های پایه مختلف می توان استفاده نمود. به عنوان مثال ، گراف سازه مبنا می تواند نخست یک گراف کامل باشد و در مراحل بعدی با حذف اعضای بلندتر از L_{Max} ، گراف پایه را محدودتر کرده و مراحل بهینه یابی را تکرار شود. از نقطه نظر طراحی نیز ، اعضای با طول بلند غیر اقتصادی بوده و حذف آن ها سبب کاهش وزن سازه بهینه می شود. انتخاب گراف پایه با اعضای بیشتر ، علاوه بر آنکه زمان محاسبات کامپیوتری را افزایش می دهد و در پروسه بهینه یابی اشکال پیچیده و غیرعملی بدست می آورد ، طرح را از توپولوژی بهینه دور می کند [6].

همان طور که در بخش پیشین مشاهده شد ؛ گراف ستاره ای دارای اعضای کمتری نسبت به گراف کامل است. این ویژگی سبب کاهش طول کروموزوم و حجم محاسبات عددی و بدنبال آن افزایش سرعت

همگرایی در روند بهینه یابی از طریق GA می شود. از سوی دیگر در گراف ستاره ای محتمل ترین حالات برای نیل به بهینه سراسری وجود دارد. به عبارت دیگر می توان گفت ؛ گراف ستاره ای ، گراف کاملی است که کلیه اعضای بلند آن حذف شده اند و کوتاهترین اعضای ممکن جهت تشکیل توپولوژی سازه مبنا باقی مانده اند.

در این تحقیق با استفاده از مطالب مراجع [6] ، [33] ، [34] و تحقیقات به عمل آمده مشاهده شد که گراف ستاره ای یکی از بهترین حالات ممکن برای سازه مبنا در بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی است که این موضوع در فصل آتی مورد بحث قرار گرفته است.

۵-۱ مقدمه

الگوریتم ژنتیک یک روش جستجو است که با کمک نقاط مختلف ، فضای طراحی را کاوش می نماید. بنابراین نیاز به تعداد دفعات تکرار بسیار زیاد جهت رسیدن به جواب بهینه ، سبب افزایش حجم محاسبات عددی در فرآیند بهینه یابی می شود.

از سوی دیگر عدم شناخت درست از پارامترها و روابط حاکم بر GA از قبیل تعداد اعضای جمعیت ، تعداد نسل ها^{۱۹۷} ، نرخ عملگرهای GA همچون پیوند و جهش ، نوع تابع جریمه و مقادیر ثابت های دخیل در آن ، نوع تابع شایستگی و چگونگی فرآیند انتخاب سبب می شود تا در برخی مواقع GA ، بهینه نسبی را بدست آورد [6].

امروزه با پیشرفت رایانه ها در زمینه نرم افزار و سخت افزار ، مشکل سرعت عملیات بهینه یابی از طریق GA ، تا حدودی حل شده است ؛ اما تنظیم پارامترها و شناسایی صحیح روابط حاکم بر GA ، از جمله مشکلات دنیای امروزی الگوریتم های ژنتیک می باشد. افراد مختلفی با بیان روش های گوناگون سعی در حل این مشکل نموده اند.

در این پایان نامه با استفاده از مطالب مراجع [6] و [41] روشی نوین و ترکیبی ، جهت بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی ارائه شده است. ویژگی منحصر بفرد این الگوریتم در کاهش تأثیر پارامترهای GA و افزایش سرعت عملیات بهینه یابی می باشد. الگوریتم پیشنهادی یا به عبارت دیگر روش جستجوی چند منظوره (M.S.M)^{۱۹۸} ، روشی نیرومند جهت بهینه یابی سازه های خرپایی می باشد. این ادعا با مقایسه نتایج مثال های متداول در دنیای الگوریتم ژنتیک شرح داده شده است.

در روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) ، جمعیت GA به بخش های مختلف (جزایر متنوع) تقسیم می شود. هر بخش^{۱۹۹} دارای محیطی^{۲۰۰} متفاوت و ساختاری منحصر بفرد است. ویژگی ها و ساختار هر بخش بر اساس آزمون عملگرهای مختلف GA و انتخاب بهترین ، شکل گرفته است. به عبارت دیگر برای تشکیل جزایر^{۲۰۱} ، کلیه شیوه ها و عملگرهای مشروح در فصل سوم به کمک زبان برنامه نویسی ویژوال بیسیک^{۲۰۲} کد شده و بر اساس نتایج بهترین ها انتخاب و به کار گرفته شده است. این طریقه عمل سبب می شود که

197 . No Of Generation

198 . Multi Search Method

199 . Part

200 . Environment

201 . Islands

202 . Visual Basic

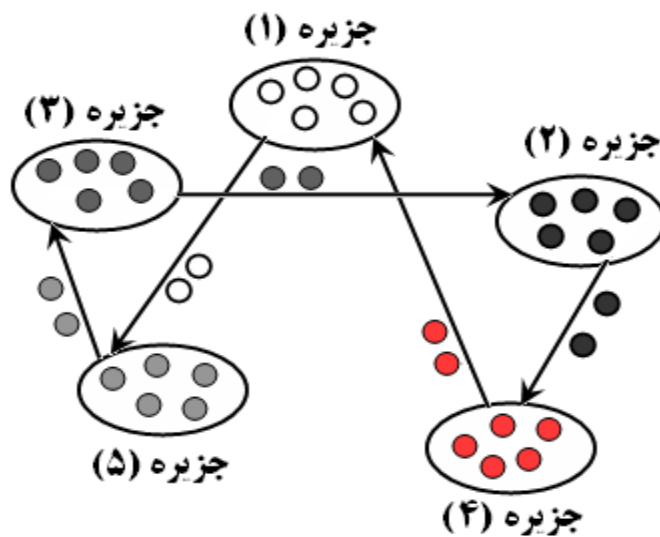
جواب ها تنوع خوبی داشته باشند. در پایان تعداد نسل سازی های معین براساس وقفه مهاجرت و طبق نرخ مهاجرت بهترین ها در مجموعه جزایر جابجا می شوند تا در نهایت ، الگوریتم به جواب های مناسبی برسد.

در مسایلی که به دلیل زیاد بودن تعداد متغیرهای طراحی و بزرگ بودن فضای کاوش ، تأثیر پارامترهای GA نقشی اساسی ایفا می نمایند و استفاده از روش های متداول GA منتهی به جواب بهینه نمی شود ، مدل پیشنهادی به طور مؤثر و هوشمندی فضای طراحی را مورد کاوش و در نهایت بهترین جواب های ممکن را ارائه می دهد. در ادامه روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) به تفصیل مورد بحث قرار گرفته است.

۲-۵ روش جستجوی چند منظوره (M.S.M)

در این روش یک جمعیت بزرگ به تعدادی زیر جمعیت^{۲۰۳} کوچکتر تقسیم می شود و الگوریتم ژنتیک مرسوم با عملگرها و پارامترها متفاوتی ، برای هر کدام از زیر جمعیت ها به طور جداگانه به کار گرفته می شود. هر کدام از این جمعیت ها به عنوان یک جزیره نامیده می شود. بهترین کروموزوم های هر جزیره پس از طی چند نسل مشخص ، بطور تناوبی به جزایر دیگر منتقل می شود. این مطلب در شکل (۵-۱) نشان داده شده است.

²⁰³ . Subpopulations



شکل (۱-۵) - روش جستجوی چند منظوره

در فرآیند انتقال دو پارامتر بشرح زیر تعریف می شود:

۱. وقفه مهاجرت^{۲۰۴}: بیانگر تعداد نسل ها بین هر انتقال می باشد.
 ۲. نرخ مهاجرت^{۲۰۵}: بیانگر درصد اعضای منتخب برای انتقال از هر جزیره در زمان انتقال می باشد.
- نحوه مهاجرت انتخاب شده به صورت یک حلقه با مقصدهای تصادفی^{۲۰۶} می باشد که هر کدام از زیرجمعیت ها دارای یک مقصد تصادفی می باشند و این مقصدها به طور تصادفی در هر دوره تناوب مهاجرت^{۲۰۷} مشخص می شوند. این مطلب در شکل (۱-۵) نشان داده شده است.
- بهترین های هر جزیره برای مهاجرت انتخاب می شوند. عملگر مهاجرت ، بهترین های یک زیرجمعیت را به جزیره دیگری می فرستد ، که شامل محیط و اعضای با ساختار بسیار متفاوتی است. پس از فرآیند

²⁰⁴ . Migration Interval

²⁰⁵ . Migration Rate

²⁰⁶ . Random Destinations

²⁰⁷ . Migration Period

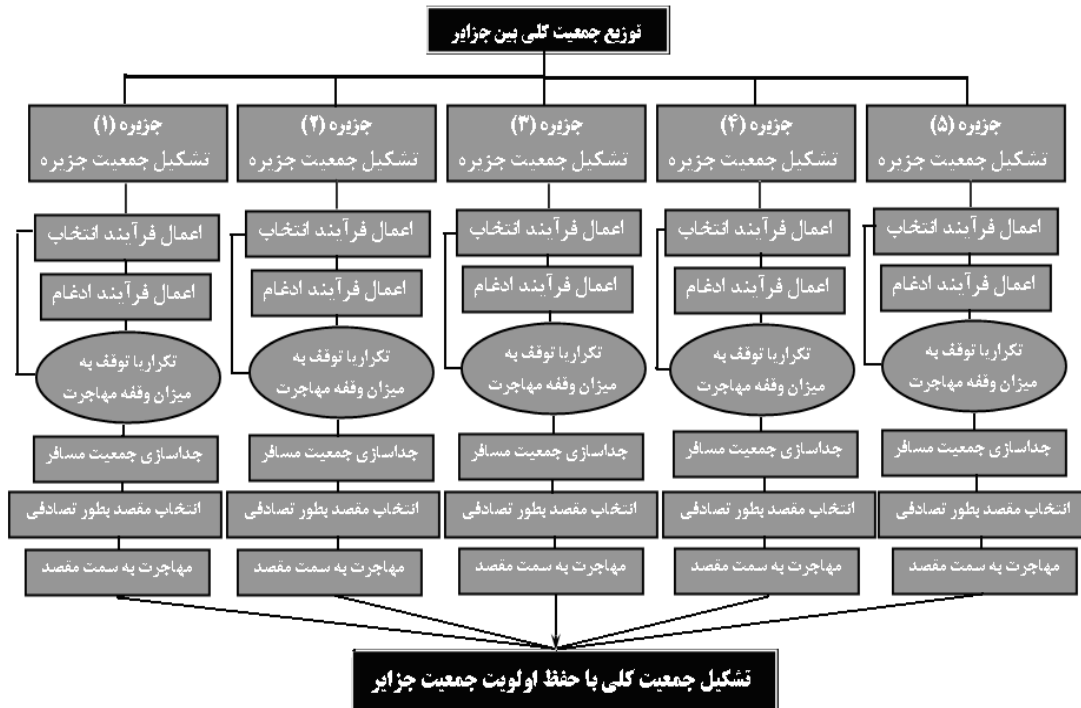
مهاجرت ، الگوریتم ژنتیک جمعیت های مهاجر^{۲۰۸} را با باقیمانده اعضای جمعیت ترکیب می کند و به سوی حصول جمعیتی با برآزش بالاتر گام برمی دارد.

بنابراین در روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) به سبب آنکه یک جمعیت بزرگ به تعدادی زیر جمعیت تبدیل می شود ؛ تعداد اعضای هر زیرجمعیت کمتر و همگرایی سریعتر^{۲۰۹} حاصل می شود. در روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) به سبب وجود مکانیزم مهاجرت ، جواب ها در خلال فرآیند کاوش از تنوع خاصی برخوردارند. بنابراین روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) فضای طراحی را بطور کامل تری مورد کاوش قرار می دهد. از سوی دیگر در روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) به دلیل خصوصیات مجزای فضای هر جزیره ، می توان از تمامی روش های معتبر و کارآمد معرفی شده توسط محققین بهره جست. به عبارت دیگر هر مسئله بهینه یابی در یک لحظه با چندین روش ، بررسی و فضای طراحی کاوش می شود و در ادامه بهترین نتایج ، فی مابین دیگر جزایر به اشتراک گذاشته و جمعیت های جدیدی در اختیار هر جزیره جهت پرورش قرار می گیرد. این خصوصیات بطور دسته جمعی سبب کاهش تأثیر پارامترها و روابط حاکم بر عملیات GA می شود. سرعت همگرایی الگوریتم را بطور شگرفی افزایش می دهد.

شمای کلی روش پیشنهادی (M.S.M) را می توان بصورت الگوریتم شکل (۵-۲) نشان داد. لازم به ذکر است که شکل (۵-۲) اسلوب و اساس روش پیشنهادی (M.S.M) را نمایش می دهد.

208 . Immigrants

209 . Quick Convergence



شکل (۵-۲) - نمای کلی روش جستجوی چند منظوره (M.S.M)

همان طور که در الگوریتم فوق مشاهده می شود در ابتدا جمعیت کلی بین جزایر تقسیم می شود ؛ سپس هر جزیره متناسب با روش انتخاب و عملگرهای مربوط به خود ، زیر جمعیت ها را پرورش می دهند. این فرآیند به میزان وقفه مهاجرت انجام می گیرد. پس از آن جمعیت های منتخب بر اساس نرخ مهاجرت انتخاب و به یکی از جزایر (بطور تصادفی) انتقال داده می شوند. پس از آن همگی زیر جمعیت ها با حفظ موقعیت جزیره ای خود جمعیت کلی را تشکیل می دهند.

لازم به ذکر است که در الگوریتم فوق فرآیند های انتخاب در هر جزیره متفاوت با جزیره های دیگر می باشد. برای این منظور کلیه فرآیند های انتخاب مشروح در فصل سوم بررسی و بهترین ها در هر جزیره قرار گرفته اند. در انتخاب فرآیند ادغام ، نیز کلیه عملگرهای GA با زبان برنامه نویسی ویژوال بیسک [42 – 44] بررسی و کارآمد ترین آن ها بر اساس نتایج در جزایر به کار گرفته شده اند.

۵-۳ کلیات الگوریتم پیشنهادی برای بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپا ها

دربخش ۵-۲ روش پیشنهادی یا به تعبیر صحیح تر روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) ارائه و مورد بحث قرار گرفت. این روش ، بخش اساسی و اصلی الگوریتم کلی ، جهت بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی است. آهنگ ثابت و پایدار روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) سبب می شود تا الگوریتم بهینه یابی به سمت جواب بهینه سراسری حرکت نماید. با استعانت از روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) از گسترش و پرورش کروموزوم های مرده و بی ارزش جلوگیری نموده و به ترویج کروموزوم های بهتر در فضای ژنتیک پرداخته می شود.

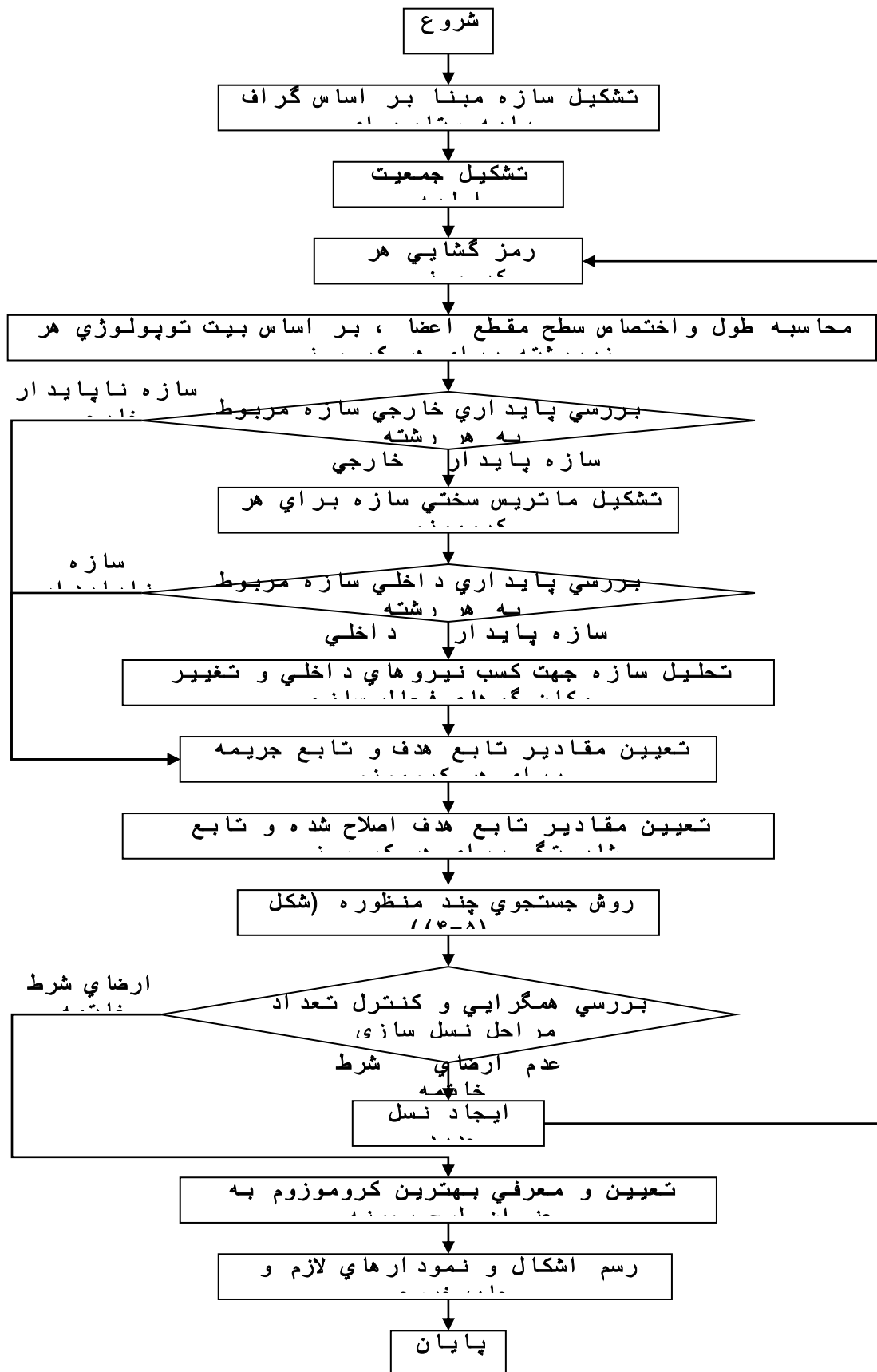
این الگوریتم به سبب شیوه جستجوی موازی در فضای طراحی ، قابلیت استفاده از سیستم های پردازش موازی را دارا می باشد. این قابلیت سبب افزایش سرعت عملیات بهینه یابی از طریق GA نیز می شود.

در الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A)^{۲۱۰} با استفاده از رایانه های موازی ، هر جزیره به یکی از پردازشگرها اختصاص می یابد. هر یک از جزایر بطور جداگانه به پرورش جمعیت خود می پردازد و ارتباط جزایر تنها در زمان مهاجرت رخ می دهد.

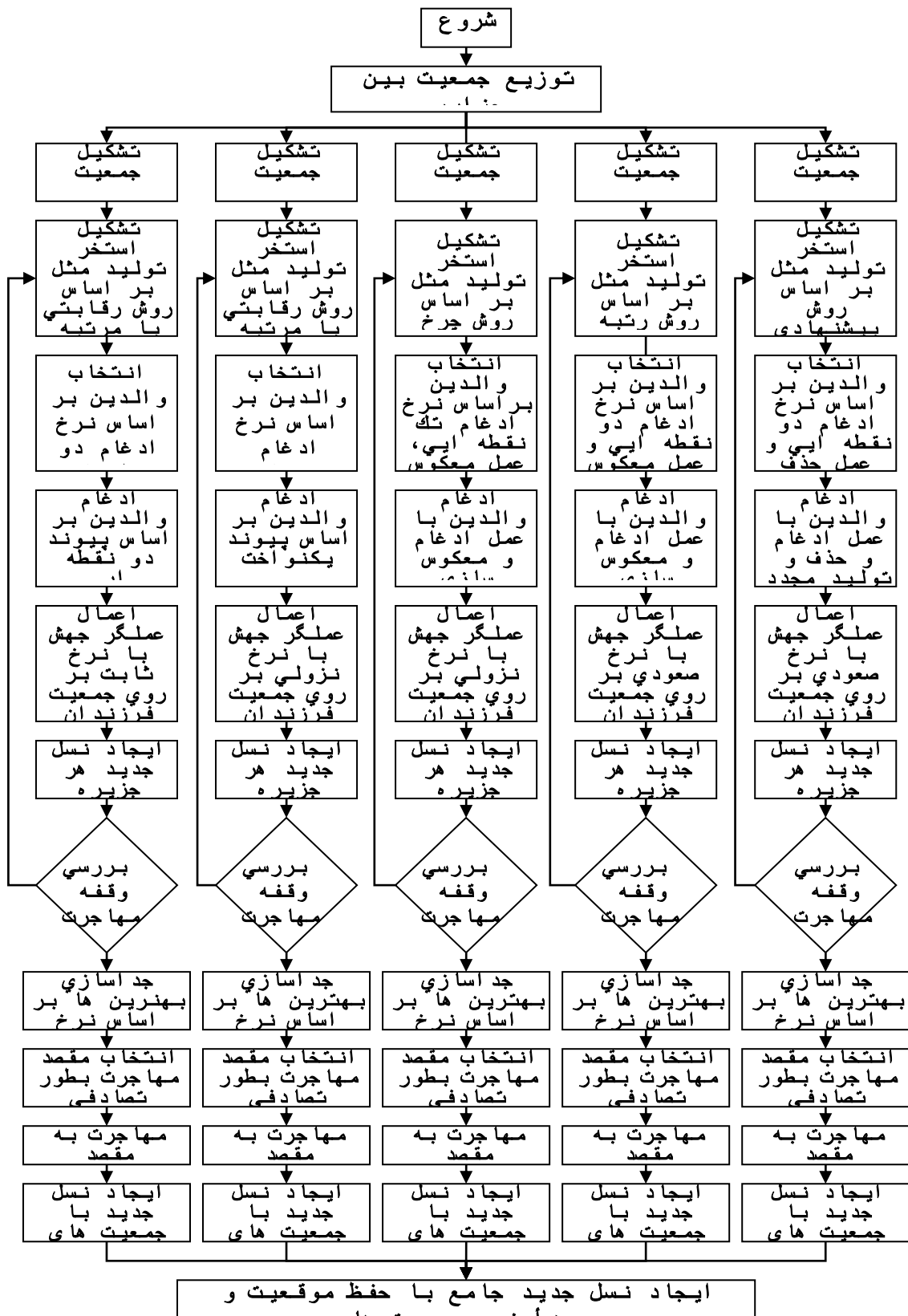
در پایان نامه حاضر به دلیل عدم دسترسی به سیستم رایانه های موازی ، به مدل سازی الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) با استفاده از یک رایانه خانگی پرداخته و در راه نیل به این هدف از زبان برنامه نویسی ویژوال بیسیک استفاده شده است. برای این منظور فلوجارت الگوریتم بیان شده نیاز است. این

²¹⁰ . Multi Search Algorithm

فلوچارت در شکل (۳-۵) نشان داده شده است. کلیه مراحل فلوچارت ، در ادامه به تفصیل مورد بحث و بررسی قرار گرفته است.



شکل (۳-۵) - فلوچارت M.S.A برای بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپاها



شکل (۵-۴) - فلوچارت روش جستجوی چند منظوره (M.S.M)

۵-۳-۱ تولید سازه مبنا

همان طور که بیان شد؛ عموماً در روند بهینه یابی توپولوژی سازه های خرپایی، گراف پایه ستاره ای نتایج خوب و قابل قبولی را در بر دارد. در گراف ستاره ای، هر گره فقط به گره های اطراف خود متصل می باشد. این مسئله سبب می شود که به دلیل کاهش تعداد اعضا نسبت به گراف کامل، طول هر کروموزوم کاهش و بالطبع سرعت همگرایی افزایش و احتمال حصول بهینه محلی کاهش یابد. از سوی دیگر توپولوژی گراف ستاره ای از آرایش اجرایی خاص و منحصر بفردی برخوردار است.

به عبارت دیگر می توان گفت، تقریباً تمامی ویژگی های یک سازه مبنای مناسب در گراف ستاره ای موجود است و این حالت یکی از بهترین حالات ممکن جهت بهینه یابی توپولوژی سازه های خرپایی است.

بنابراین بر اساس تعریف گراف پایه ستاره ای، برای تولید سازه مبنا در ابتدا مکان گره های سازه مبنا توسط یک شبکه متعامد مشخص می گردد. در این شبکه متعامد، همان طور که پیشتر بیان شد؛ فاصله جزء به جزء گره های شبکه با توجه به نوع بارگذاری و موقعیت تکیه گاه ها در نظر گرفته می شود. موقعیت گره های سازه مبنا توسط یک زیربرنامه^{۲۱۱} در الگوریتم مذکور ارزیابی و سنجش می شود تا بر اساس آن گره های سازه مبنا شماره گذاری شود. بدین سان موقعیت مکانی ابتدایی و شماره گذاری اولیه گره های سازه (خرپای اولیه) از بین خواهد رفت و هر گره با موقعیت جدید شناسایی می شود.

در ادامه با توجه به تعریف گراف ستاره ای، هر گره به گره های مجاور خود توسط یک عضو متصل می شود. این عملیات در الگوریتم مذکور توسط یک زیربرنامه مجزا صورت می گیرد. بدین ترتیب الگوی سازه مبنا جهت بهینه یابی مقاطع و توپولوژی خرپای مورد نظر شکل می گیرد. لازم به ذکر است که در شماره گذاری اعضا، گره ابتدا دارای شماره کوچکتری نسبت به گره انتها می باشد.

²¹¹ . Sub Routin

۵-۳-۲ الگوریتم تولید جمعیت اولیه

در پایان نامه حاضر برای نمایش متغیرهای طراحی سطح مقطع و توپولوژی، از شیوه کدگذاری دودویی استفاده شده است. بنابراین در زیر برنامه تولید جمعیت اولیه، با تولید اعداد تصادفی^{۲۱۲} به تعداد اعضای سازه مبنا، در محدوده صفر تا Nos و تبدیل آن به یک عدد دودویی (رمز کردن^{۲۱۳})، زیررشته متناظر با متغیر سطح مقطع (عدد تصادفی) را بدست می آید. در بهینه یابی مقاطع منفصل و توپولوژی سازه های خرپایی، متغیرهای طراحی سطح مقطع عرضی، اعضای گروه بندی می باشند که بایستی از لیست پروفیل های موجود یعنی از مجموعه $S = \{A_1, A_2, \dots, A_{Nos}\}$ انتخاب گردند.

متغیر توپولوژیکی، بصورت یک بیت بولی در نظر گرفته شده است. که حضور و یا عدم حضور اعضای سازه مبنا را مشخص می نماید. متغیر توپولوژی نیز همانند متغیر سطح مقطع با تولید عدد تصادفی در محدوده صفر تا یک و گرد نمودن این عدد بدست می آید. در این پایان نامه، عدم حضور عضو را در قالب صفر شدن مقدار بیت توپولوژی و حضور عضو را با اتخاذ مقدار یک برای بیت توپولوژی تعریف می شود. متغیر توپولوژیکی مربوط به هر عضو، در ابتدای زیررشته متغیر طراحی سطح مقطع (سمت چپ زیررشته متغیر طراحی سطح مقطع) قرار دارد. این کار سبب جلوگیری از همگرایی سریع و ممانعت از حصول بهینه محلی^{۲۱۴} می شود [6].

در این تحقیق سعی شده است تا در صورت گروه بندی اعضا^{۲۱۵} بتوان برای هر گروه، یک متغیر توپولوژی در نظر گرفت. در این شرایط متغیر توپولوژی در سمت چپ متغیر سطح مقطع گروه مربوطه قرار دارد. البته این امکان نیز پیش بینی شده است که در صورت گروه بندی اعضا بتوان برای هر عضو، یک

212. Random

213. Encoding

214. Local Optimum

215. Member Linking (Grouping)

متغیر توپولوژیکی در نظر گرفت. در این صورت نیز بطور مشابه حالات پیشین ، متغیرهای توپولوژیکی هر گروه در سمت چپ زیررشته متغیر سطح مقطع مربوطه ، قرار می گیرد.

۵-۳-۳ رمز گشایی^{۲۱۶} هر کروموزوم

همان طور که قبلاً بیان شد ؛ از جمله ویژگی های یک شیوه کدگذاری مناسب ، قابلیت تبدیل یک به یک بین عناصر گذشته و گذشته است. به عبارت دیگر می بایست ، هر نقطه در فضای جستجو قابل تبدیل به یک رشته باشد. در شیوه نمایش دودویی این ویژگی ، بارز و مبرهن است. در این پایان نامه با استعانت از روابط زیر ، تبدیل متغیرهای طراحی سطح مقطع به رشته های دودویی به راحتی قابل دستیابی است.

هر بیت قابلیت نمایش دو مقدار صفر و یک را دارد. بنابراین در ابتدا طول یک زیررشته بر اساس تعداد اعضای لیست مقاطع بشرح زیر تعیین می گردد:

$$2^{LS} \geq Nos \quad (1-5)$$

در رابطه فوق مجهول LS تعداد بیت ها یا کاراکترهای یک زیررشته می باشد و Nos تعداد اعضای موجود در لیست مقاطع است که مقداری معلوم می باشد.

کوچکترین مقدار LS که به ازای آن رابطه (۱-۵) برقرار باشد ، به عنوان طول یک زیررشته منظور می شود. به عبارت دیگر اولین عددی که به ازای آن نامساوی رابطه (۱-۵) برقرار می شود ، طول هر زیررشته است.

از سوی دیگر در بهینه یابی مقاطع و توپولوژی سازه های خرپایی ، متغیر بولی توپولوژی نیز وجود دارد ؛ که بر اساس آن حضور (مقدار بیت یک) و یا عدم حضور (مقدار بیت صفر) اعضای خرپا در روند بهینه یابی مشخص می شود. بنابراین طول یک زیر رشته با اکتساب بیت توپولوژی بشرح زیر بدست می آید:

²¹⁶ . Decoding

$$LST = LS + 1 \quad (2-5)$$

اما نکته حائز اهمیت ، آن است که هر زیررشته بدون بیت بولی توپولوژیکی ، می بایست بیانگر شماره مقطع ای از لیست پروفیل های موجود باشد. به عبارت دیگر ، هر یک از اعضای لیست مقاطع باید هم ارز با یک زیررشته باشد.

با توجه به اینکه یک زیررشته LS بیتی اعداد 0 تا $2^{LS} - 1$ را کد می کند ، مقدار متناظر زیررشته سطح مقطع i ام بشرح زیر قابل محاسبه است:

$$IR_i = \sum_{j=0}^{LS-1} 2^j b_j \quad (3-5)$$

که هر بیت b می تواند اعداد صفر یا یک را اختیار کند و به صورت رشته زیر نمایش داده می شود:

$$b_{LS-1} \dots b_2 b_1 b_0 \quad (4-5)$$

در روابط (3-5) IR_i ، عدد صحیح متناظر با زیررشته i ام می باشد که در محدوده صفر تا $2^{LS} - 1$ قرار دارد.

حال برای آنکه IR_i به شماره مقطع قرار گرفته در لیست پروفیل های S یعنی IS_i ارتباط داده شود ، از رابطه کلی زیر استفاده می شود:

$$IS_i = Int \left(IR_i * \frac{(Nos - 1)}{(2^{LS} - 1)} \right)$$

$$1 \leq IS_i \leq Nos \quad ; \quad 0 \leq IR_i \leq 2^{LS} - 1 \quad (5-5)$$

در رابطه (5-5) تابع $Int()$ ، قسمت اعشاری عدد درون پرانتز را حذف و عدد صحیح باقیمانده را ارائه

می دهد.

براساس رابطه (۵-۵) رشته هایی که با هیچکدام از متغیرهای طراحی هم ارز نمی باشند ، ترمیم شده و متناظر با یکی از اعضای مجموعه S قرار می گیرند. البته باید توجه داشت که اینکار ممکن است سبب شود برخی از مقاطع لیست پروفیل های موجود ، با وزن بیشتری برای متغیر طراحی سطح مقطع انتخاب شوند.

۵-۳-۴ توپولوژی هر کروموزوم

در روند بهینه یابی با الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) ، خرپاهای مختلفی در جزایر ساخته می شود. در طی این روند ، طول اعضایی که بواسطه کسب توپولوژی بهینه حذف می گردند ؛ برابر صفر منظور می گردد. تا بدین سان در عملیات تحلیل ماتریسی هیچگونه ارتباطی مابین دو نقطه ابتدایی و انتهایی عضو مذکور وجود نداشته باشد. طول اعضای باقیمانده متناسب با موقعیت گره های ابتدایی و انتهایی به شرح روابط زیر محاسبه می گردد:

$$\ell = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2} \quad (۶-۵)$$

$$\ell = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2 + (z_2 - z_1)^2} \quad (۷-۵)$$

رابطه (۶-۵) برای محاسبه طول اعضای خرپاهای مستوی و رابطه (۷-۵) برای محاسبه طول اعضای خرپاهای فضایی^{۲۱۷} به کار گرفته می شود.

از سوی دیگر در این مرحله ، سطح مقطع کلیه اعضای توپولوژی حاضر متناسب با زیررشته مربوطه و بنابر اطلاعات مرحله قبل (رمز گشایی زیررشته ها) مشخص می گردد. سطح مقطع اعضای حذف شده برابر صفر منظور می گردد.

لازم به ذکر است که محاسبه طول و سطح مقطع اعضای کروموزوم ها در هر مرحله از الگوریتم ، بطور مستقل از مراحل پیشین انجام می گیرد.

در نهایت کلیه پارامترهای لازم جهت تشکیل ماتریس سختی سازه^{۲۱۸} یعنی پارامترهای $\frac{EA}{\ell}$ در این مرحله از الگوریتم محاسبه می شود.

۵-۳-۵ بررسی پایداری سازه مربوط به هر کروموزوم

از کنترل های بسیار مفیدی که در روند بهینه یابی مقاطع و توپولوژی توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) انجام پذیرفته است ؛ بررسی پایداری سازه مربوط به هر کروموزوم ، قبل از انجام عملیات تحلیل ماتریسی است.

برای این منظور در ابتدا ، گره های آزاد بدلیل حذف کلیه اعضای متصل به این گره ، توسط یک زیربرنامه مشخص می شود. در صورتی که این گره ، گره تحت بار و یا تکیه گاه باشد ؛ کروموزوم مربوطه بدون هرگونه عملیات ماتریسی و روابط پایداری به شدت جریمه می شود. در غیر این صورت گره مربوطه در کلیه جهات بسته می شود تا عامل ناپایداری از بین برود. لازم به ذکر است که در این صورت ، گره مفروض در روابط پایداری یعنی رابطه (۷-۴) نیز شرکت داده نمی شود.

از دیگر تمهیدات انجام شده در الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) ، بررسی ناپایداری خارجی قبل از انجام عملیات ماتریسی با استفاده از رابطه (۷-۴) می باشد.

²¹⁸ . Structure Stiffness Matrix

$$ID = 2J - Ne - R$$

(۷-۴)

در صورتی که ID مقداری منفی باشد ، کروموزوم مربوطه بدون هر گونه عملیات ماتریسی به شدت جریمه می شود. در غیر این صورت در حالتی که ID مقداری نامنفی^{۲۱۹} (مثبت یا صفر) باشد ، با کنترل ماتریس سختی سازه ، ناپایداری داخلی بررسی می شود. برای این منظور ، همان طور که پیشتر بیان شد ؛ در صورتی که یکی از درایه های قطری ماتریس سختی تجزیه شده دارای مقداری نامثبت^{۲۲۰} (منفی یا صفر) باشد ؛ کروموزوم مربوطه ناپایدار بوده و به شدت جریمه می شود.

در نهایت ، در حالتی که یک کروموزوم از تمامی فیلتر های فوق به سلامت عبور نماید ، به عنوان یک کروموزوم سالم شناخته شده و تحت عنوان یک سازه پایدار معرفی می گردد ؛ تا برای انجام عملیات تحلیل ، جهت کسب نیروهای داخلی و محاسبه تغییر مکان گره های فعال به مرحله بعد برود.

۵-۳-۶ تحلیل سازه مربوط به هر کروموزوم

در این تحقیق ، جهت کسب نیروهای داخلی و محاسبه تغییر مکان گره های فعال سازه از عملیات تحلیل ماتریسی استفاده شده است. برای این منظور با تشکیل ماتریس سختی پایدار برای هر کروموزوم به آنالیز سازه پرداخته می شود. در طی این روند ، حل یک دستگاه n معادله با n مجهول نیاز است. برای نیل به این هدف از شیوه حل دستگاه به روش چولسکی^{۲۲۱} استفاده شده است. استفاده از این شیوه سبب افزایش سرعت عملیات بهینه یابی از طریق الگوریتم مطروحه می شود. ویژگی های روش حل دستگاه به شیوه چولسکی در پیوست به تفصیل مورد بحث قرار گرفته است.

219 . Non-Negative

220 . Non-Positive

221 . Cholesky Method

با حل دستگاه معادلات ، مقادیر تغییرمکان گره های سازه بدست می آید. در ادامه پس از محاسبه تغییرمکان گرهی نوبت به محاسبه مقادیر نیروهای داخلی اعضا می رسد تا با استفاده از آن ها و سطح مقطع هر عضو ، مقدار تنش در اعضای خرپا محاسبه شود.

در نهایت امر پس از محاسبه مقادیر تنش ها و تغییرمکان گره های فعال سازه نوبت به مرحله بعدی الگوریتم ، یعنی محاسبه تابع جریمه و تابع هدف می رسد.

۵-۳-۷ تابع هدف و تابع جریمه مورد استفاده

پس از بررسی پایداری هر کروموزوم و تحلیل کروموزوم های پایدار به جهت کسب نیروهای داخلی و تغییر مکان های گرهی ، نوبت به محاسبه میزان جریمه هر کروموزوم متناسب با نوع و میزان تخطی آن می رسد. همان طور که در فصول پیشین اشاره شد ، برای بررسی میزان شایستگی یک کروموزوم ، تابعی جهت محاسبه مقدار نقض قیود نیاز است. در راستای نیل به این هدف ، در این پایان نامه با استعانت از روابط (۳-۳) و (۵) و (۶-۳) تابع جریمه ای براساس پیشنهاد راجیووکریشنامورتی بشرح زیر تعریف می گردد:

$$f_i^{Penalty} = f_i(A) * K * C_i \quad (۸-۵)$$

که در آن $f_i^{Penalty}$ مقدار تابع جریمه کروموزوم i ام است و C_i ، بیانگر جمع کل نقض های صورت گرفته توسط سازه مرتبط با کروموزوم i ام می باشد و بصورت زیر تعریف می شود:

$$C_i = \sum_{j=1}^{Ne} \sum_{k=2}^3 g_{jk}(A) + \sum_{n=1}^{Ndof} g_{n4}(A) \quad ; \quad i=1, \dots, nc \quad , \quad n=1, \dots, Ndof \quad (۹-۵)$$

در رابطه فوق nc ، تعداد کروموزوم های موجود در یک جمعیت (pop-size) می باشد. پارامترهای دیگر نیز تعاریفی مشابه روابط پیشین دارند.

لازم به ذکر است که رابطه (۹-۵) در صورت پایدار بودن سازه محاسبه می شود. و در صورت عدم پایداری سازه ، بدون محاسبه رابطه (۹-۵) ، مقدار بزرگی به عنوان جریمه به کروموزوم مربوطه براساس رابطه (۸-۵) اعمال می شود. به عبارت دیگر در این صورت بدون انجام هر گونه محاسباتی ، مقدار C_i بشرح زیر اتخاذ می شود:

$$C_i = 10^6$$

پس از محاسبه مقدار تابع جریمه متناظر با هر کروموزوم ، مقدار تابع هدف مربوط به هر کروموزوم بشرح زیر محاسبه می شود:

$$\begin{cases} f_i(A) = \sum_{j=1}^{Ne} (\rho_j \ell_j a_j) & \text{if } \textit{Object Function Based On Weight Structure} \\ f_i(A) = \sum_{j=1}^{Ne} (\ell_j a_j) & \text{if } \textit{Object Function Based On Volume Structure} \end{cases} \quad (10-5)$$

در این تحقیق ، زمانیکه تمامی اعضای سازه در روند بهینه یابی حذف گردند ؛ مقدار $f_i(A)$ برابر 10^6 در نظر گرفته می شود. این مسئله بسیار نادر و غیرمحمتمل می باشد ، اما پیش بینی آن امری ضروری است. حال با داشتن مقادیر تابع هدف و تابع جریمه متناظر با هر کروموزوم ، به راحتی می توان مقدار تابع شایستگی را برای هر رشته حساب نمود.

۵-۳-۸ تابع هدف اصلاح شده و تابع شایستگی مورد استفاده

در این تحقیق جهت محاسبه شایستگی هر کروموزوم با استعانت از روابط (۳-۱۳) و (۳-۱۴) تابع شایستگی بشرح ذیل انتخاب شده است.

$$F_i = [\phi_{Max}(A) + \phi_{Min}(A)] - \phi_i(A) \quad ; \quad i = 1, \dots, nc \quad (11-5)$$

$$\phi_i(A) = f_i(A) + f_i^{Penalty} \quad ; \quad i = 1, \dots, nc \quad (12-5)$$

در روابط فوق همان طور که پیشتر بیان شد؛ $f_i(A)$ ، $f_i^{Penalty}$ ، $\phi_i(A)$ و F_i به ترتیب تابع هدف، تابع جریمه، تابع هدف اصلاح شده و شایستگی کروموزوم i ام در جمعیت جاری است. $\phi_{Max}(A)$ و $\phi_{Min}(A)$ نیز به ترتیب مقادیر حداکثر و حداقل تابع هدف اصلاح شده در جمعیت حاضر می باشد.

براساس روابط (5-11) و (5-12) به طرح هایی با نقض قیود بالا یا $\phi_i(A)$ بالا، میزان شایستگی کم و بر عکس به طرح های خوب با مقدار تابع هدف اصلاح شده کم، شایستگی بالا اختصاص می دهد. لازم به ذکر است که رابطه (5-12) با توجه به رابطه (5-8) به صورت زیر نیز، قابل بیان است.

$$\phi_i(A) = f_i(A)(1 + KC_i) \quad ; \quad i = 1, \dots, nc \quad (13-5)$$

۵-۳-۹ روش جستجوی چند منظوره (شکل (5-4))

همان طور که در بخش 5-2 اظهار شد؛ در روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) می بایست جمعیت GA، به تعدادی زیر جمعیت تبدیل شود. بنابراین در الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) جهت نیل به این هدف، پنج جزیره برای طی عملیات بهینه یابی سازه های خرپایی در نظر گرفته شده است. به این منظور طبق شکل (5-4)، جمعیت GA بطور مساوی بین پنج جزیره تقسیم می شود. لازم به ذکر است در صورتیکه جمعیت کلی مضربی از پنج نباشد، سهم هر جزیره با تقسیم تعداد اعضای جمعیت بر عدد پنج و گزینش قسمت صحیح حاصل تقسیم بدست می آید. البته در راهنمای برنامه به کاربر توصیه می شود که تعداد اعضای جمعیت را مضربی از پنج (تعداد جزایر) انتخاب نماید.

پس از توزیع جمعیت بین جزایر، هر جزیره بر اساس اسلوب پیشنهادی فرآیند پرورش کروموزوم ها را سرلوحه کار خود قرار می دهد. شیوه هر جزیره با جزایر دیگر اندکی متفاوت است. انتخاب هر یک از متد

های موجود در جزایر ، بر اساس آزمودن کلیه روش ها و عملگرهای دنیای GA صورت گرفته است. این روش ها و عملگرها در فصل سوم به تفصیل مورد بحث قرار گرفته است. برای نیل به این هدف ، مثال های مطرح در دنیای الگوریتم ژنتیک با روش ها و عملگرهای مذکور ، مورد ارزیابی و بررسی قرار گرفته است. از میان تمامی روش های مطرحه ، بهترین ها براساس خروجی برنامه ها و سندیت و اعتبار آن ها در دنیای GA انتخاب شده است و در جزایر الگوریتم جستجوی چند منظوره به کار گرفته شده است. شرح تفصیلی روش و عملگرهای هر یک از جزایر در ذیل آمده است.

۵-۳-۹-۱ جزیره (۱)

اطلاعات جزیره (۱) را می توان بشرح جدول (۵-۱) دسته بندی نمود:

جدول (۵-۱) - اطلاعات جزیره (۱)

جزیره (۱)
تولید مثل:
جهت تشکیل استخر تولید مثل کروموزوم های والد براساس <u>روش رقابتی</u> با مرتبه (۳) انتخاب می شوند.
عملگرهای جزیره (۱):
۱- عملگر پیوند:
از میان عملگرهای GA <u>عملگر پیوند</u> ، به عنوان اولین عملگر مؤثر بر زیرجمعیت جزیره (۱) استفاده شده است. بنابراین در گام ابتدایی ، والدین بر اساس <u>نرخ پیوند</u> از میان استخر تولید مثل انتخاب می شوند ؛ سپس ، والدین بر اساس الگوی <u>پیوند دونقطه ای</u> در هم آمیخته و با تولید فرزندان ، نسل جدیدی را ایجاد می نمایند.
۲- عملگر جهش:
پس از انجام عمل پیوند کروموزوم های والد و تولید فرزندان ، نوبت به <u>عملگر جهش</u> می رسد تا تحولی در جمعیت فرزندان ایجاد شود. برای این منظور در جزیره (۱) از عملگر <u>جهش با نرخ ثابت</u> استفاده می شده است.

بررسی وقفه مهاجرت:

پس از اعمال عملگرهای مختلف GA و تولید فرزندان ، روش جستجوی چند منظوره تعداد نسل های جزیره (۱) را کنترل می نماید. در صورتیکه این مقدار کوچکتر از میزان وقفه مهاجرت باشد ، روند بهینه یابی از طریق جزیره (۱) تا اثنای شرط فوق ادامه می یابد. در غیر این صورت عملیات بهینه یابی در جزیره (۱) متوقف و اعضای نسل حاضر بر اساس شایستگی مرتب می شوند.

عمل مهاجرت:

در این مرحله با انتخاب مقصد مهاجرت بصورت تصادفی ، بهترین های جزیره (۱) به میزان نرخ مهاجرت اقدام به مهاجرت می نمایند. پس از مهاجرت جمعیت جدید از جزیره دیگری با مقصد جزیره (۱) وارد این جزیره می شوند و بدین ترتیب نسل جدید در این جزیره شکل می گیرد.

جمعیت جامع و نهایی:

در نهایت امر نسل نهایی جزیره (۱) در گروه جمعیت کل جای می گیرند. باید توجه داشت که در این مرحله موقعیت زیرجمعیت جزیره (۱) در جمعیت کلی ثابت و معلوم می باشد. این موضوع سبب می شود تا در تکرار بعدی الگوریتم جستجوی چند منظوره ، زیر جمعیت جزیره (۱) به جزیره خویش برگردد.

برای وارد نمودن اطلاعات جزیره (۱) از پنجره (1) Island استفاده می شود. شکل (۵-۵) پنجره Island

(1) را نشان می دهد.

Island (1)

Data Of Island (1)

The Number Population Selection For Tournament: 3

Data Of Parameters GA

Cross Over Rate: 0.85

Mutation Rate: 0.001

Ok Cancel

شکل (۵-۵) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۱)

پنجره (1) Island با علامت دار نمودن گزینه^{۲۲۲} مربوطه در پنجره Data Parameters Of GA ظاهر می شود.

همان طور که در شکل (۵-۵) مشاهده می شود ، براساس این پنجره اطلاعاتی همچون نرخ پیوند و نرخ جهش به همراه مرتبه (سایز رقابت) روش رقابتی توسط کاربر^{۲۲۳} به برنامه داده می شود. سایز رقابت در جزیره (۱) همواره برابر سه در نظر گرفته می شود؛ اما این موضوع قابل تغییر است و می توان متناسب با شرایط مسئله آن را تغییر داد.

پس از وارد نمودن اطلاعات ، با فشردن دکمه Ok ، اطلاعات در متغیرهای جزیره (۱) ذخیره می شوند.

۵-۳-۹-۲ جزیره (۲)

اطلاعات جزیره (۲) را می توان بشرح جدول (۲-۵) دسته بندی نمود:

جدول (۲-۵) - اطلاعات جزیره (۲)

جزیره (۲)
تولید مثل:
جهت تشکیل استخر تولید مثل کروموزوم های والد براساس روش رقابتی با سایز (۲) انتخاب می شوند.
عملگرهای جزیره (۲):
۱- عملگر پیوند:
از میان عملگرهای GA <u>عملگر پیوند</u> ، به عنوان اولین عملگر مؤثر بر زیرجمعیت جزیره (۲) استفاده شده است. بنابراین در گام ابتدایی ، والدین بر اساس <u>نرخ پیوند</u> از میان استخر تولید مثل انتخاب می شوند؛ سپس ، والدین بر اساس الگوی <u>پیوند</u> <u>یکنواخت</u> در هم آمیخته و با تولید فرزندان ، نسل جدیدی را ایجاد می نمایند.
۲- عملگر جهش:
پس از انجام عمل پیوند کروموزوم های والد و تولید فرزندان ، نوبت به <u>عملگر جهش</u> می رسد تا تحویلی در جمعیت فرزندان ایجاد شود. برای این منظور در جزیره (۲) از عملگر <u>جهش با نرخ نزولی</u> استفاده شده است.

222 . Option

223 . User

بررسی وقفه مهاجرت:

پس از اعمال عملگرهای مختلف GA و تولید فرزندان ، روش جستجوی چند منظوره تعداد نسل های جزیره (۲) را کنترل می نماید. در صورتیکه این مقدار کوچکتر از میزان وقفه مهاجرت باشد ، روند بهینه یابی از طریق جزیره (۲) تا اغنای شرط فوق ادامه می یابد. در غیر این صورت عملیات بهینه یابی در جزیره (۲) متوقف و اعضای نسل حاضر بر اساس شایستگی مرتب می شوند.

عمل مهاجرت:

در این مرحله با انتخاب مقصد مهاجرت بصورت تصادفی ، بهترین های جزیره (۲) به میزان نرخ مهاجرت اقدام به مهاجرت می نمایند. پس از مهاجرت جمعیت جدید از جزیره دیگری با مقصد جزیره (۲) وارد این جزیره می شوند و بدین ترتیب نسل جدید در این جزیره شکل می گیرد.

جمعیت جامع و نهایی:

در نهایت امر نسل نهایی جزیره (۲) در گروه جمعیت کل جای می گیرند. باید توجه داشت که در این مرحله موقعیت زیرجمعیت جزیره (۲) در جمعیت کلی ثابت و معلوم می باشد. این موضوع سبب می شود تا در تکرار بعدی الگوریتم جستجوی چند منظوره ، زیر جمعیت جزیره (۲) به جزیره خویش برگردد.

برای وارد نمودن اطلاعات جزیره (۲) از پنجره (2) Island استفاده می شود. شکل (۵-۶) پنجره Island

(2) را نشان می دهد.

Data Of Island (2)	
The Number Population Selection For Tournament:	2

Data Of Parameters GA	
Cross Over Rate:	0.85
<hr/>	
Maxinum Of Rate Mutation (PM_Max):	0.01
Mininum Of Rate Mutation (PM_Min):	0.001

Ok Cancel

شکل (۵-۶) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۲)

پنجره (2) Island با علامت دار نمودن گزینه مربوطه در پنجره Data Parameters Of GA ظاهر می شود.

همان طور که در شکل (۵-۶) مشاهده می شود ، براساس این پنجره اطلاعاتی همچون نرخ پیوند و مرتبه (سایز رقابت) روش رقابتی به همراه مقادیر حداکثر و حداقل نرخ جهش توسط کاربر به برنامه داده می شود. سایز رقابت در جزیره (۲) همواره برابر دو در نظر گرفته می شود ؛ اما این موضوع قابل تغییر است و می توان متناسب با شرایط مسئله آن را تغییر داد.

پس از وارد نمودن اطلاعات ، با فشردن دکمه Ok ، اطلاعات در متغیرهای جزیره (۲) ذخیره می شوند.

۵-۳-۹-۳ جزیره (۳)

اطلاعات جزیره (۳) را می توان بشرح جدول (۵-۳) دسته بندی نمود:

جدول (۵-۳) - اطلاعات جزیره (۳)

جزیره (۳)
تولید مثل:
جهت تشکیل استخر تولید مثل کروموزوم های والد براساس <u>روش چرخ گردان</u> انتخاب می شوند.
عملگرهای جزیره (۳) :
۱- عملگر پیوند و معکوس سازی:
از میان عملگرهای GA <u>عملگر پیوند تک نقطه ایی و معکوس سازی</u> ، به عنوان اولین عملگر مؤثر بر زیرجمعیت جزیره (۳) استفاده شده است. بنابراین در گام ابتدایی ، والدین بر اساس <u>نرخ پیوند تک نقطه ایی و معکوس سازی</u> از میان استخر تولید مثل انتخاب می شوند ؛ سپس ، والدین بر اساس الگوی <u>پیوند و معکوس سازی</u> در هم آمیخته و با تولید فرزندان ، نسل جدیدی را ایجاد می نمایند.
۲- عملگر جهش:
پس از انجام عمل پیوند کروموزوم های والد و تولید فرزندان ، نوبت به <u>عملگر جهش</u> می رسد تا تحولی در جمعیت فرزندان ایجاد شود. برای این منظور در جزیره (۳) از عملگر <u>جهش با نرخ نزولی</u> استفاده شده است.
بررسی وقفه مهاجرت:
پس از اعمال عملگرهای مختلف GA و تولید فرزندان ، روش جستجوی چند منظوره تعداد نسل های جزیره (۳) را کنترل می نماید. در صورتیکه این مقدار کوچکتر از میزان وقفه مهاجرت باشد ، روند بهینه یابی از طریق جزیره (۳) تا اغنای شرط فوق ادامه می یابد. در غیر این صورت عملیات بهینه یابی در جزیره (۳) متوقف و اعضای نسل حاضر بر اساس شایستگی مرتب می شوند.

عمل مهاجرت:

در این مرحله با انتخاب مقصد مهاجرت بصورت تصادفی ، بهترین های جزیره (۳) به میزان نرخ مهاجرت اقدام به مهاجرت می نمایند. پس از مهاجرت جمعیت جدید از جزیره دیگری با مقصد جزیره (۳) وارد این جزیره می شوند و بدین ترتیب نسل جدید در این جزیره شکل می گیرد.

جمعیت جامع و نهایی:

در نهایت امر نسل نهایی جزیره (۳) در گروه جمعیت کل جای می گیرند. باید توجه داشت که در این مرحله موقعیت زیرجمعیت جزیره (۳) در جمعیت کلی ثابت و معلوم می باشد. این موضوع سبب می شود تا در تکرار بعدی الگوریتم جستجوی چند منظوره ، زیر جمعیت جزیره (۳) به جزیره خویش برگردد.

برای وارد نمودن اطلاعات جزیره (۳) از پنجره Island (3) استفاده می شود. شکل (۵-۷) پنجره Island

(3) را نشان می دهد.

The image shows a dialog box titled "Island (3)". Inside the dialog, there is a section labeled "DataOf Island (3)" and a sub-section "Data Of Parameters GA". Three parameters are listed with corresponding input fields:

Parameter	Value
Cross Over And Inversion Rate (PC_Inversion):	0.85
Maximum Of Rate Mutation (PM_Max):	0.01
Minimum Of Rate Mutation (PM_Min):	0.001

At the bottom of the dialog, there are two buttons: "Ok" and "Cancel".

شکل (۵-۷) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۳)

پنجره Island (3) با علامت دار نمودن گزینه مربوطه در پنجره Data Parameters Of GA ظاهر می

شود.

همان طور که در شکل (۵-۷) مشاهده می شود ، براساس این پنجره اطلاعاتی همچون نرخ پیوند و معکوس سازی به همراه مقادیر حداکثر و حداقل نرخ جهش توسط کاربر به برنامه داده می شود. لازم به ذکر است که عمل معکوس سازی در جزیره (۳) ، براساس معکوس سازی بیت ها پی ریزی شده است. پس از وارد نمودن اطلاعات ، با فشردن دکمه Ok ، اطلاعات در متغیرهای جزیره (۳) ذخیره می شوند.

۵-۳-۹-۴ جزیره (۴)

اطلاعات جزیره (۴) را می توان بشرح جدول (۵-۴) دسته بندی نمود:

جدول (۵-۴) - اطلاعات جزیره (۴)

جزیره (۴)
تولید مثل: جهت تشکیل استخر تولید مثل کروموزوم های والد براساس <u>روش رتبه بندی</u> انتخاب می شوند. عملگرهای جزیره (۴) : ۱- عملگر پیوند و معکوس سازی: از میان عملگرهای GA <u>عملگر پیوند دو نقطه ایی و معکوس سازی</u> ، به عنوان اولین عملگر مؤثر بر زیرجمعیت جزیره (۴) استفاده شده است. بنابراین در گام ابتدایی ، والدین بر اساس <u>نرخ پیوند دو نقطه ایی و معکوس سازی</u> از میان استخر تولید مثل انتخاب می شوند ؛ سپس ، والدین بر اساس <u>الگوی پیوند و معکوس سازی</u> در هم آمیخته و با تولید فرزندان ، نسل جدیدی را ایجاد می نمایند. ۲- عملگر جهش: پس از انجام عمل پیوند کروموزوم های والد و تولید فرزندان ، نوبت به <u>عملگر جهش</u> می رسد تا تحولی در جمعیت فرزندان ایجاد شود. برای این منظور در جزیره (۴) از عملگر <u>جهش با نرخ صعودی</u> استفاده شده است. بررسی وقفه مهاجرت: پس از اعمال عملگرهای مختلف GA و تولید فرزندان ، روش جستجوی چند منظوره تعداد نسل های جزیره (۴) را کنترل می نماید. در صورتیکه این مقدار کوچکتر از میزان وقفه مهاجرت باشد ، روند بهینه یابی از طریق جزیره (۴) تا اغنای شرط فوق ادامه می یابد. در غیر این صورت عملیات بهینه یابی در جزیره (۴) متوقف و اعضای نسل حاضر بر اساس شایستگی مرتب می شوند. عمل مهاجرت: در این مرحله با انتخاب مقصد مهاجرت بصورت تصادفی ، بهترین های جزیره (۴) به میزان نرخ مهاجرت اقدام به مهاجرت می نمایند. پس از مهاجرت جمعیت جدید از جزیره دیگری با مقصد جزیره (۴) وارد این جزیره می شوند و بدین ترتیب نسل جدید در این جزیره شکل می گیرد.

جمعیت جامع و نهایی:

در نهایت امر نسل نهایی جزیره (۴) در گروه جمعیت کل جای می گیرند. باید توجه داشت که در این مرحله موقعیت زیرجمعیت جزیره (۴) در جمعیت کلی ثابت و معلوم می باشد. این موضوع سبب می شود تا در تکرار بعدی الگوریتم جستجوی چند منظوره ، زیر جمعیت جزیره (۴) به جزیره خویش برگردد.

برای وارد نمودن اطلاعات جزیره (۴) از پنجره Island (4) استفاده می شود. شکل (۵-۸) پنجره Island (4) را نشان می دهد.

The image shows a dialog box titled "Island (4)". Inside the dialog, there is a section titled "Data Of Island (4)" which contains a sub-section "Data Of Parameters GA". This sub-section lists three parameters with their corresponding values in input fields:

Parameter	Value
Cross Over And Inversion Rate (PC_Inversion):	0.85
Maximum Of Rate Mutation (PM_Max):	0.01
Minimum Of Rate Mutation (PM_Min):	0.001

At the bottom of the dialog box, there are two buttons: "Ok" and "Cancel".

شکل (۵-۸) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۴)

پنجره Island (4) با علامت دار نمودن گزینه مربوطه در پنجره Data Parameters Of GA ظاهر می شود.

همان طور که در شکل (۵-۸) مشاهده می شود ، براساس این پنجره اطلاعاتی همچون نرخ پیوند و معکوس سازی به همراه مقادیر حداکثر و حداقل نرخ جهش توسط کاربر به برنامه داده می شود. لازم به ذکر است که عمل معکوس سازی در جزیره (۴) ، براساس معکوس سازی بیت ها پی ریزی شده است. پس از وارد نمودن اطلاعات ، با فشردن دکمه Ok ، اطلاعات در متغیرهای جزیره (۴) ذخیره می شوند.

۵-۳-۹-۵ جزیره (۵)

اطلاعات جزیره (۵) را می توان بشرح جدول (۵-۵) دسته بندی نمود:

جدول (۵-۵) - اطلاعات جزیره (۵)

جزیره (۵)
<p>تولید مثل:</p> <p>جهت تشکیل استخر تولید مثل کروموزوم های والد براساس <u>روش پیشنهادی کلات جاری</u> انتخاب می شوند.</p> <p>عملگرهای جزیره (۵) :</p> <p>۱- عملگر پیوند و عمل حذف و تولید مجدد:</p> <p>از میان عملگرهای GA <u>عملگر پیوند دو نقطه ای و عمل حذف و تولید مجدد</u> ، به عنوان اولین عملگر مؤثر بر زیرجمعیت جزیره (۵) استفاده شده است. بنابراین در گام ابتدایی ، والدین بر اساس <u>نرخ پیوند دو نقطه ای و عمل حذف و تولید مجدد</u> از میان استخر تولید مثل انتخاب می شوند ؛ سپس ، والدین بر اساس <u>الگوی پیوند و عمل حذف و تولید مجدد</u> در هم آمیخته و با تولید فرزندان ، نسل جدیدی را ایجاد می نمایند.</p> <p>۲- عملگر جهش:</p> <p>پس از انجام عمل پیوند کروموزوم های والد و تولید فرزندان ، نوبت به <u>عملگر جهش</u> می رسد تا تحویلی در جمعیت فرزندان ایجاد شود. برای این منظور در جزیره (۵) از <u>عملگر جهش با نرخ صعودی</u> استفاده شده است.</p> <p>بررسی وقفه مهاجرت:</p> <p>پس از اعمال عملگرهای مختلف GA و تولید فرزندان ، روش جستجوی چند منظوره تعداد نسل های جزیره (۵) را کنترل می نماید. در صورتیکه این مقدار کوچکتر از میزان وقفه مهاجرت باشد ، روند بهینه یابی از طریق جزیره (۵) تا اغنای شرط فوق ادامه می یابد. در غیر این صورت عملیات بهینه یابی در جزیره (۵) متوقف و اعضای نسل حاضر بر اساس شایستگی مرتب می شوند.</p> <p>عمل مهاجرت:</p> <p>در این مرحله با انتخاب مقصد مهاجرت بصورت تصادفی ، بهترین های جزیره (۵) به میزان نرخ مهاجرت اقدام به مهاجرت می نمایند. پس از مهاجرت جمعیت جدید از جزیره دیگری با مقصد جزیره (۵) وارد این جزیره می شوند و بدین ترتیب نسل جدید در این جزیره شکل می گیرد.</p> <p>جمعیت جامع و نهایی:</p>

در نهایت امر نسل نهایی جزیره (۵) در گروه جمعیت کل جای می گیرند. باید توجه داشت که در این مرحله موقعیت زیرجمعیت جزیره (۵) در جمعیت کلی ثابت و معلوم می باشد. این موضوع سبب می شود تا در تکرار بعدی الگوریتم جستجوی چند منظوره ، زیر جمعیت جزیره (۵) به جزیره خویش برگردد.

برای وارد نمودن اطلاعات جزیره (۵) از پنجره Island (5) استفاده می شود. شکل (۹-۵) پنجره Island (5) را نشان می دهد.

The image shows a dialog box titled "Island (5)". Inside, there is a section "Data Of Island (5)" and a sub-section "Data Of Parameters GA". The parameters are as follows:

Parameter	Value
Cross Over Rate:	0.85
Maximum Of Rate Mutation (PM_Max):	0.01
Minimum Of Rate Mutation (PM_Min):	0.001

At the bottom of the dialog box, there are two buttons: "Ok" and "Cancel".

شکل (۹-۵) - پنجره ورودی اطلاعات جزیره (۵)

پنجره Island (5) با علامت دار نمودن گزینه مربوطه در پنجره Data Parameters Of GA ظاهر می شود.

همان طور که در شکل (۹-۵) مشاهده می شود ، براساس این پنجره اطلاعاتی همچون نرخ عمل ادغام و حذف و تولید مجدد به همراه مقادیر حداکثر و حداقل نرخ جهش توسط کاربر به برنامه داده می شود.

پس از وارد نمودن اطلاعات ، با فشردن دکمه Ok ، اطلاعات در متغیرهای جزیره (۵) ذخیره می شوند.

لازم به ذکر است که روش پیشنهادی کلات جاری با پاره ای از تغییرات جهت انجام فرآیند تولید مثل به کار گرفته شده است. اما اسلوب اساسی فرآیند که از مرجع [45] گرفته شده ، رعایت شده است.

در روش ترمیم یافته برای افزودن یا کسر مقدار یک به عدد رمزگشایی شده از عددی تصادفی استفاده شده است. به عبارت دیگر برای هر کروموزوم عددی تصادفی در محدوده صفر تا یک حدس زده می شود. سپس عدد تصادفی تولید شده گرد می شود. در صورتی که این مقدار برابر صفر باشد ، از مقدار رمز گشایی شده زیررشته مربوطه ، عدد یک کسر می گردد؛ در غیر این صورت به مقدار رمز گشایی شده زیر رشته مربوطه ، عدد یک اضافه می شود و در نهایت مقدار حاصل ، بصورت رمز در می آید. این فرآیند تنها به تعداد اعضای خرابا (Ne) صورت می گیرد.

از دیگر تغییرات انجام شده در روش پیشنهادی کلات جاری بررسی بیت توپولوژی زیر رشته های هر کروموزوم از جمعیت است. بر این اساس هر زیررشته که مقدار رمزگشایی شده آن بیانگر مقدار سطح مقطع کوچکی (مقدار کمی) ، برای المان مربوطه باشد ، بیت توپولوژی آن برابر صفر منظور می شود. حد کوچکی ، بر اساس تعداد مقاطع موجود در لیست پروفیل ها تنظیم می شود. به عبارت دیگر هر عدد رمز گشایی شده ایی که از مقدار $\frac{Nos}{10}$ کوچکتر باشد ، بیت توپولوژی آن برابر صفر منظور می شود. مقدار Nos تعداد اعضای موجود در لیست S است.

با اعمال تغییرات فوق ، میزان جمعیت لازم جهت بهینه یابی کاهش می یابد. لذا تنها به $2Ne$ کروموزوم جهت عملیات بهینه یابی در این جزیره نیاز است. که فرآیند تغییر در سطح مقطع برای گروه اول و اعمال تغییرات در بیت توپولوژی برای گروه دوم انجام می شود.

در تمامی جزایر مطرحه پنجره Data Parameters Of GA ، به عنوان پنجره مبنا ، جهت ورود اطلاعات GA و فراخوانی جزایر معرفی شده است. این پنجره در شکل (۵-۱۰) نشان داده شده است.

همان طور که در شکل (۵-۱۰) مشاهده می شود ، براساس این پنجره اطلاعاتی همچون تعداد اعضای جمعیت ، مقدار ثابت K برای تابع هدف اصلاح شده و میزان تکرار^{۲۲۴} و نسل سازی به عنوان ورودی های عمومی^{۲۲۵} GA توسط کاربر اعلام می گردند. نرخ مهاجرت و وقفه مهاجرت نیز از جمله اطلاعاتی می باشند که می بایست توسط کاربر اعلام گردد. این اطلاعات مختص الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) می باشند. باید توجه داشت که نرخ مهاجرت عددی در محدوده صفر تا صد (برحسب درصد) است.

شکل (۵-۱۰) - پنجره ورودی اطلاعات GA و فراخوانی جزایر

در سوی دیگر پنجره Data Parameters Of GA ، همان طور که بارز است با علامت دار نمودن هر یک از گزینه های مربوط به جزایر ، جزیره مربوطه فراخوانی شده و ظاهر می گردد. دکمه فرمان Help Island (i) این قابلیت را دارد؛ که اطلاعات هر جزیره را همچون مطالب جداول (۵-۱) ، (۵-۲) ، (۵-۳) ، (۵-۴) و (۵-۵) نمایش دهد.

²²⁴ . Iteration

²²⁵ . Public

در نهایت امر ، با فشردن دکمه فرمان OK اطلاعات ورودی در حافظه برنامه ذخیره می شوند.

۵-۳-۱۰ بررسی همگرایی و کنترل تعداد مراحل نسل سازی

همان طور که در فصل سوم بیان شد ؛ روش های متنوعی جهت بررسی شرط خاتمه در الگوریتم های ژنتیک وجود دارد. در این پایان نامه ، شرط خاتمه الگوریتم با کنترل تعداد مراحل نسل سازی اغناء می شود. به عبارت دیگر شرط همگرایی ، سپری شدن تعداد مشخصی از نسل ها که توسط کاربر مشخص می گردد؛ تعیین شده است. تعیین تعداد تکرار (تعداد نسل های تولید شده) جهت خاتمه الگوریتم مقداری اختیاری بوده و به تعداد اعضای خرپای موردنظر جهت بهینه یابی بستگی دارد. زمانی که شرط خاتمه (تکمیل نسل سازی) اغناء شود ، الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) بهترین کروموزوم نسل حاضر (آخرین نسل) را به عنوان طرح بهینه معرفی می نماید و جهت رسم توپولوژی نهایی و اعلام مقاطع بهینه به زیربرنامه چاپ خروجی^{۲۲۶} می فرستد.

۵-۴ قابلیت های جانبی الگوریتم جستجوی چند منظوره

روند کلی الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) در بخش ۵-۳ به تفصیل مورد بحث قرار گرفت. در این پایان نامه جهت افزایش سرعت بهینه یابی سازه های خرپایی از روش چولسکی (مشروح در پیوست) برای حل دستگاه معادلات^{۲۲۷} خطی استفاده شده است. در ضمن با استفاده از رابط گرافیکی اُپن جی ال تحت نرم افزار ویژوال بیسیک [46] ، یک محیط گرافیکی مناسب برای رسم توپولوژی بهینه و سازه مبنا ایجاد شده است.

²²⁶ . Print Output

²²⁷ . Solve System Equations

۵-۴-۱ بهبود سرعت عملیات بهینه یابی با الگوریتم جستجوی چند منظوره

بیشترین زمان در طی فرآیند بهینه یابی سازه ها ، مربوط به بخش تحلیل سازه می باشد. در عملیات بهینه یابی بر اساس GA^{۲۲۸} ، بطور متعارف تحلیل سازه جهت کسب نیروهای داخلی به میزان تعداد نسل ضربدر تعداد کروموزوم های پایدار جمعیت^{۲۲۹} لازم می شود ؛ که خود رقم قابل توجهی است. برای افزایش سرعت تحلیل سازه های پایدار در عملیات بهینه یابی ، جهت ذخیره سازی^{۲۳۰} ماتریس سختی سازه از روش نواری و برای حل دستگاه معادلات خطی از روش چولسکی استفاده شده است. هر یک از این روش ها بطور مشروح در پیوست توضیح داده شده است.

۵-۴-۲ رسم گرافیک توپولوژی خرپای بهینه

جهت رسم توپولوژی خرپای بهینه در الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) از آپن جی ال استفاده شده است. آپن جی ال یک رابط نرم افزاری برای سخت افزار گرافیک است. این رابط نرم افزاری تقریباً شامل ۱۲۰ فرمان مجزا از هم است که به برنامه نویس اجازه می دهد اشکال موردنیاز خود را به صورت دو بعدی یا سه بعدی تهیه نماید [46].

این رابط نرم افزاری به صورت یک رابط ساده و مستقل از سخت افزار طراحی شده تا بر روی بسیاری از سخت افزار های متعارف پیاده سازی شود. آپن جی ال تقریباً بر روی تمام سیستم عامل های امروزی

²²⁸ . GA Based Structural Optimization

²²⁹ . Popsiz

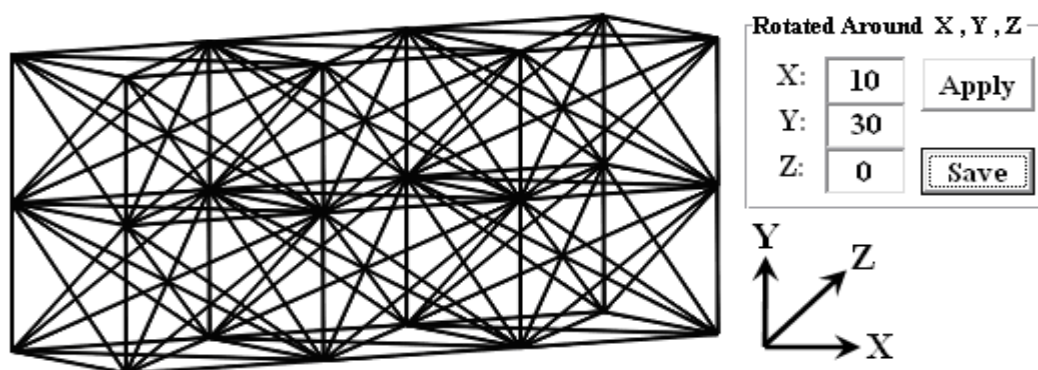
²³⁰ . Storage

قابلیت نصب و اجرا را دارد. از مزیت های آپن جی ال ، سرعت عمل آن نسبت به همتاهاى خود همچون دایرکت ایکس^{۳۳۱} و ... است. این رابط نرم افزای می تواند گرافیک را با جزئیات بیشتری نسبت به دیگر رابط های گرافیکی نمایش دهد [46].

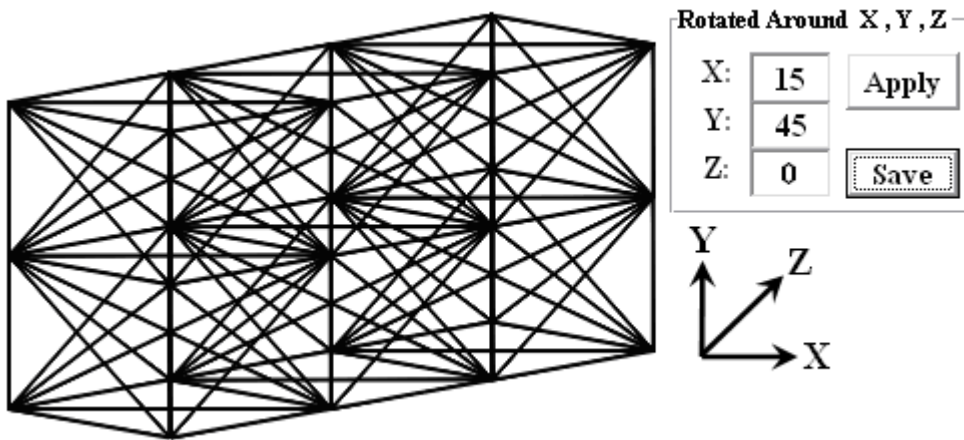
در پایان نامه حاضر با استعانت از رابط آپن جی ال ، گرافیک اشکال خروجی با قابلیت هایی همچون چرخش در زوایای مختلف و حول محورهای مختصات قابل مشاهده است. اشکال (۵-۱۱) و (۵-۱۲) یک گراف پایه ستاره ای را با ۱۶۷ عضو در دو زاویه دید مختلف نمایش می دهند. این دو زاویه دید ، حاصل چرخش حول محورهای X و Y می باشد.

در هنگام کار با برنامه ، پس از اتمام فرآیند بهینه یابی از طریق الگوریتم ، از منوی View با اجرای هر زیرمنو ، شکل مورد نظر از خرپا ظاهر می شود. برای بررسی بیشتر تمامی ابعاد شکل حاضر، می توان زاویه چرخش حول محور مورد نظر را وارد نمود. سپس با کلیک نمودن بر روی دکمه Apply ، سازه چرخش لازم حول محور مورد نظر را انجام می دهد. در صورتی که زاویه دید مناسب باشد ، می توان با کلیک نمودن بر روی دکمه Save ، تصویر مورد نظر در مسیر اجرای برنامه ذخیره نمود.

استفاده از رابط نرم افزاری آپن جی ال ، کارآیی خود را در تصاویر سه بعدی نشان می دهد. در فصل آتی با نمایش توپولوژی بهینه سازه سه بعدی در زوایای مختلف ، قدرت آپن جی ال به نمایش گذاشته می شود.



شکل (۵-۱۱) - گراف پایه ستاره ای برای گراف خنثی ۳۰ گره ای با چرخشی تحت زاویه دید $(10^\circ, 30^\circ, 0^\circ)$



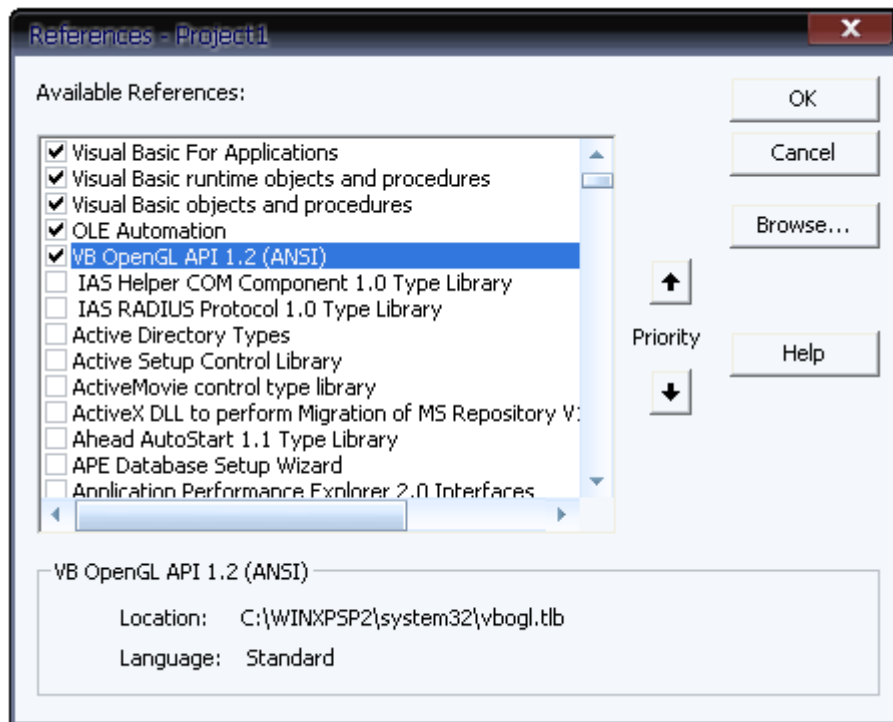
شکل (۵-۱۲) - گراف پایه ستاره ای برای گراف خنثی ۳۰ گره ای با چرخشی تحت زاویه دید $(15^\circ, 45^\circ, 0^\circ)$

باید توجه داشت که در صورت اجرای برنامه ، می بایست ابتدا نرم افزار گرافیک آپن جی ال را که در CD ضمیمه موجود می باشد ، نصب کرد. شیوه نصب رابط نرم افزاری آپن جی ال جهت اجرای برنامه الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) در زیر آمده است.

۵-۴-۲-۱ پیاده سازی آپن جی ال در ویژوال بیسیک

برای پیاده سازی آپن جی ال بر روی ویژوال بیسیک ، یک کتابخانه با نام وی بی آپن جی ال^{۳۳} وجود دارد. این کتابخانه شامل اکثر توابع آپن جی ال است که کار با آن را ساده تر می نماید. برای افزودن این کتابخانه به نرم افزار ویژوال بیسیک لازم است ، بشرح زیر عمل شود [46]:

برنامه ویژوال بیسیک را اجرا و از منوی Project بر روی زیر منوی References... کلیک نموده تا پنجره مورد نظر شکل (۵-۱۳) را ظاهر گردد.



شکل (۵-۱۳) - افزودن کتابخانه VBOGL به پروژه ویژوال بیسیک

سپس روی دکمه Browse کلیک کرده و فایل Vbogl.tlb را انتخاب و بر روی دکمه OK کلیک می شود. فایل Vbogl.tlb در CD ضمیمه پایان نامه موجود می باشد.

پس از افزودن رابط نرم افزاری آپن جی ال به نرم افزار ویژوال بیسیک رایانه می تواند از ویژگی های گرافیکی مطروحه استفاده نماید.

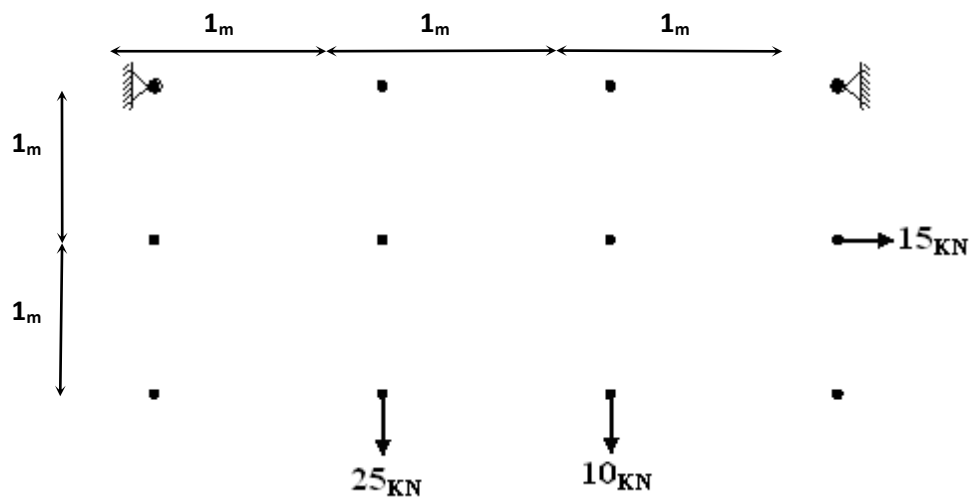
لازم به ذکر است که پنجره گرافیکی برنامه اجرایی الگوریتم مطروحه ، درای قابلیت تغییر ابعاد شکل به هنگام تغییر ابعاد پنجره نیز می باشد. به عبارت دیگر با تغییر ابعاد پنجره ، ابعاد شکل مورد نظر تغییر می نماید.

۶-۱ مقدمه

در این فصل جهت بررسی توانمندی الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) ، مثال های متداول در دنیای GA مورد ارزیابی قرار گرفته است. در بررسی های به عمل آمده سعی شده است تا تمامی شرایط یکسان جهت مثال های متداول برقرار شود.

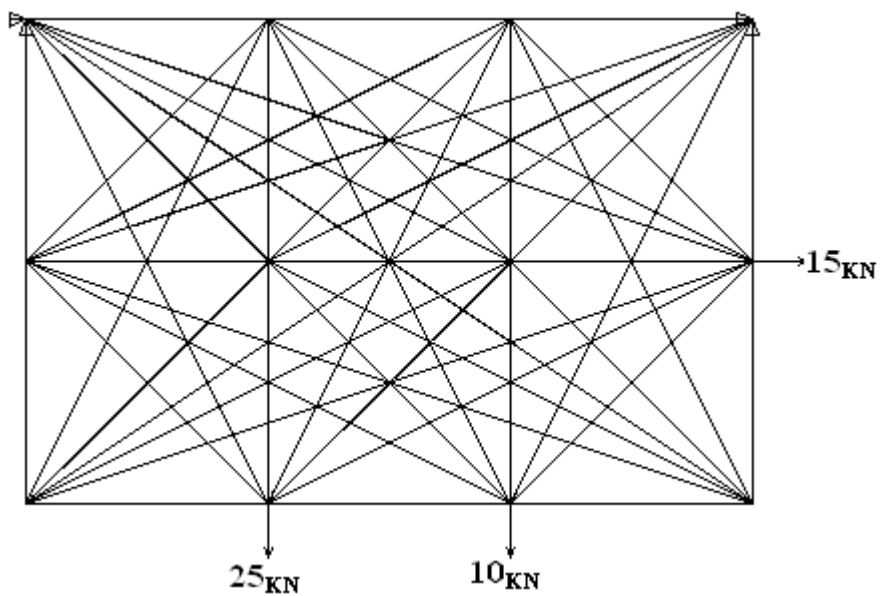
۶-۲ مثال (۱)

در اولین مثال به بررسی کارایی و مزیت گراف پایه ستاره ای به عنوان سازه مبنا پرداخته شده است. برای این منظور مثال مرجع [37] انتخاب شده است. در مثال مطروحه سطح مقطع اعضا ثابت و برابر $5e-4 m^2$ فرض شده است. به عبارت دیگر در این مثال هدف بهینه یابی توپولوژی سازه با فرض ثابت بودن سطح مقطع اعضای خرپا است. بر اساس مرجع [37] شبکه متعامد شکل (۶-۱) با ابعاد 3×2 موجود می باشد.



شکل (۱-۶) - گراف خنثی شبکه متعامد 3×2

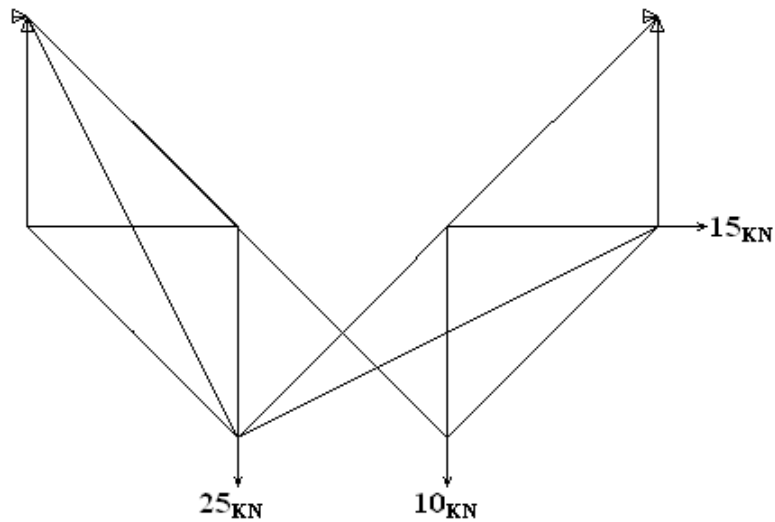
این مرجع گراف مبنای شکل (۲-۶) را به عنوان گراف پایه جهت سازه مبنا معرفی می نماید.



شکل (۲-۶) - گراف مبنای شبکه متعامد 3×2 بر اساس مرجع [37]

در نهایت طرح بهینه و مشخصات زیر ، برای سازه با توپولوژی بهینه نظیر شکل (۳-۶) ارائه شده است.

$$E = 200_{GPa} \quad \& \quad \rho = 7800_{Kg/Cm^2}$$



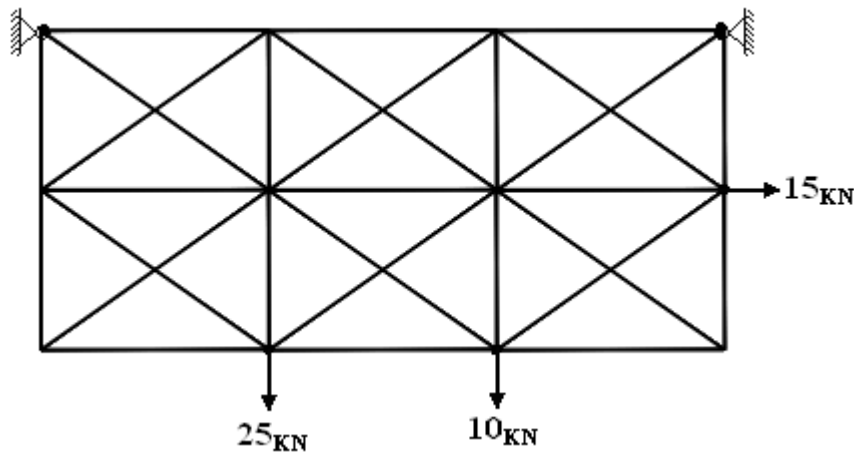
شکل (۳-۶) - توپولوژی بهینه شبکه متعامد 2×3 بر اساس مرجع [37]

بر اساس مرجع [37] مجموع طول اعضای برابر 20371.6_{mm} و وزن بهینه خرپا برابر 79.4492_{kg}

نتیجه شده است.

اما الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) گراف ستاره ای زیر را به عنوان سازه مبنا معرفی می

نماید.



شکل (۴-۶) - گراف مبنای شبکه متعامد 3×2 توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره

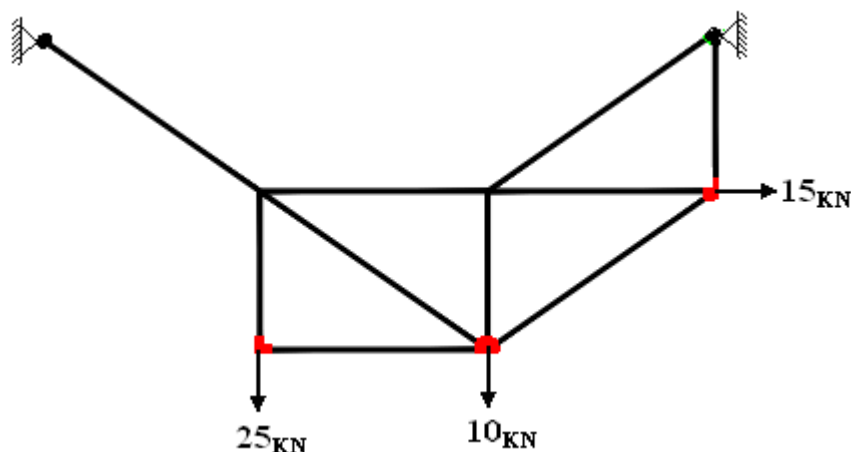
و در صورتی که پارامترهای الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) بشرح جدول (۱-۶) باشد ، شکل

(۵-۶) به عنوان توپولوژی بهینه نتیجه می شود.

جدول (۱-۶) - پارامترهای M.S.A برای مثال مرجع [37]

پارامترهای جزایر روش جستجوی چند منظوره				
جزیره (۱)				
روش انتخاب : روش تورنومنت با مرتبه (3)	پیوند دو نقطه ایی	نرخ ادغام : 0.8	نرخ جهش : 0.04	
جزیره (۲)				
روش انتخاب : روش تورنومنت با مرتبه (2)	پیوند یکنواخت	نرخ ادغام : 0.75	بیشترین میزان نرخ جهش : 0.05	کمترین میزان نرخ جهش : 0.05
جزیره (۳)				
روش انتخاب: چرخ گردان	پیوند تک نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.85	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.06	کمترین میزان نرخ جهش: 0.06
جزیره (۴)				
روش انتخاب : روش رتبه بندی	پیوند دو نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.9	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.065	کمترین میزان نرخ جهش: 0.065
جزیره (۵)				
روش انتخاب : روش پیشنهادی کلات جاری	پیوند دو نقطه ایی و عمل حذف و تولید مجدد	نرخ ادغام-حذف و تولید مجدد: 0.5	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.05	کمترین میزان نرخ جهش: 0.05
پارامترهای عمومی الگوریتم جستجوی چند منظوره				

تعداد اعضای جمعیت : 290	ثابت K : 20	تعداد مراحل نسل سازی : 5000
پارامترهای اختصاصی الگوریتم جستجوی چند منظوره		
نرخ مهاجرت : 25	وقفه مهاجرت : 100	



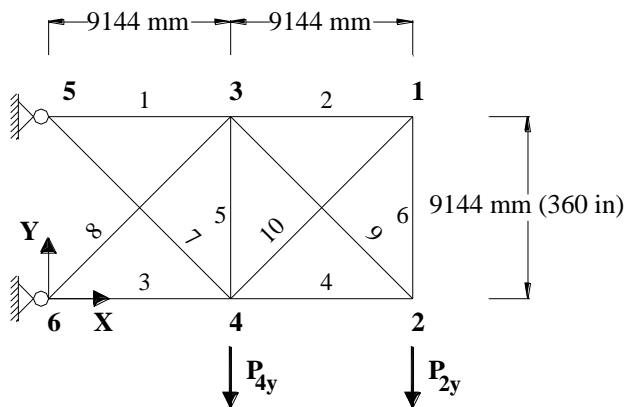
شکل (۵-۶) - توپولوژی بهینه شبکه متعامد 3×2

که بر اساس شکل فوق وزن بهینه برابر 45.46173_{kg} و مجموع طول اعضای خرپا بهینه برابر 11656.85_{mm} بدست می آید.

همان طور که مشاهده می شود؛ گراف پایه ستاره ای، توپولوژی بهینه بهتری نسبت به گراف پایه کامل از لحاظ وزن بهینه و مسائل اجرایی ارائه داده است. به عبارت دیگر با استفاده از گراف پایه ستاره ای با کاستن طول اعضا، توپولوژی عملی تری بدست می آید. از سوی دیگر نیز، در این شرایط 43% وزن سازه نسبت به حالت گراف کامل نیز کاهش داشته است.

۳-۶ مثال (۲) خرپای مستوی شش گرهی

در دومین مثال به ارزیابی خرابی مستوی شش گرهی توسط الگوریتم پیشنهادی (M.S.A) پرداخته شده است. این مثال الگوی بسیاری از الگوریتم های مطرح در دنیای بهینه سازی است. شکل (۶-۶) خرابی موردنظر را نمایش می دهد.



شکل (۶-۶) - خرابی مستوی شش گرهی

نیرو در قسمت تحتانی خرپا و به گره های ۲ و ۴ در راستای ۷ بشرح زیر وارد می شود:

$$P_{2y} = P_{4y} = -445.4 \text{ KN} = -100 \text{ Kips}$$

و برای کلیه اعضای خرپا E و ρ بشرح زیر تعریف می شود:

$$E = 6897000 \text{ N/Cm}^2 = 10^4 \text{ Ksi}$$

$$\rho = 0.0271264 \text{ N/Cm}^3 = 0.1 \text{ lb/in}^3$$

از سوی دیگر مجموعه های لیست مقاطع $\{S\}$ بشرح زیر مورد استفاده قرار گرفته است.

$$a_i \in S_1 = \left. \begin{array}{l} 10.45, 11.61, 15.35, 16.90, 18.58, 19.94, 20.19, 21.81 \\ 23.42, 24.77, 24.97, 26.97, 28.97, 30.97, 32.06, 33.03 \\ 37.03, 46.58, 51.42, 74.19, 87.1, 89.68, 91.61, 100.0 \\ 103.23, 121.29, 128.39, 141.94, 147.74, 170.97 \\ 193.55, 216.13 \end{array} \right\} (\text{Cm}^2); i = 1, \dots, 11$$

$$a_i \in S_1 = \left\{ \begin{array}{l} 1.62, 1.8, 2.38, 2.62, 2.88, 3.09, 3.13, 3.38, 3.63, 3.84 \\ 3.87, 4.18, 4.49, 4.80, 4.97, 5.12, 5.74, 7.22, 7.97, 11.5 \\ 13.5, 13.9, 14.2, 15.5, 16.0, 18.8, 19.9, 22.0, 22.9, 26.5 \\ 30.0, 33.5 \end{array} \right\} (in^2); i = 1, \dots, 11$$

$$a_i \in S_2 = \{0.645_{Cm^2}, 3.226_{Cm^2} * I(I = 1, 2, \dots, 76), 256.84_{Cm^2}, 258.06_{Cm^2}\}; i = 1, \dots, 11$$

$$a_i \in S_2 = \{0.1_{in^2}, 0.5_{in^2} * I(I = 1, 2, \dots, 76), 39.81_{in^2}, 40.0_{in^2}\}; i = 1, \dots, 11$$

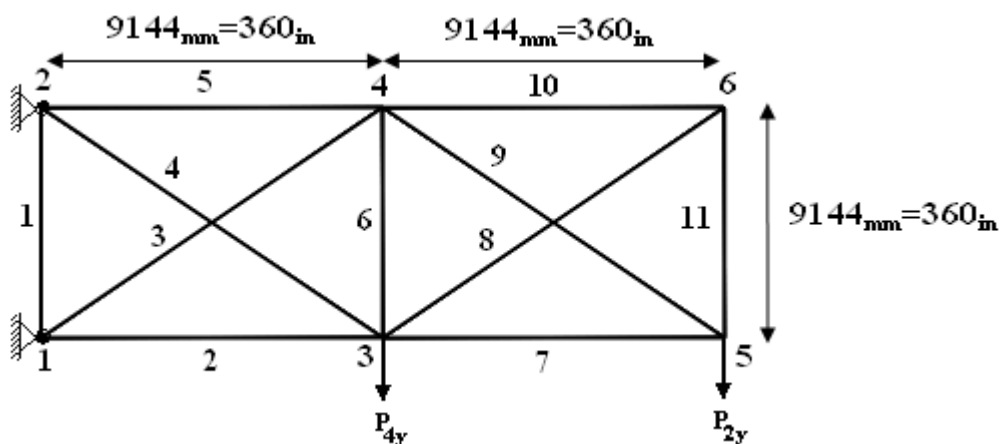
در اکثر مقالات جواب بهینه به ازای مجموعه مقاطع S_1 بدست آمده است. ولی با توجه به اینکه هر قدر تعداد عناصر مجموعه مقاطع منفصل (Nos) بیشتر باشد، روند بهینه یابی بواسطه افزایش طول کروموزوم و بالطبع کاهش سرعت همگرایی، کندتر می شود، لذا از مجموعه S_2 جهت نمایش قدرت الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) استفاده می شود.

هدف ما در این مسئله، حداقل کردن وزن سازه و یافتن توپولوژی بهینه تحت قیود زیر می باشد:

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

$$\Delta_{all}^y = 5.08_{Cm} = 2_{in}$$

در اولین گام، سازه مبنا با شش گره و یازده عضو همانند شکل (۶-۷) تشکیل می شود. همان طور که ملاحظه می شود؛ شماره گذاری گره های و اعضای سازه متناسب با شرایط سازه مبنا تغییر یافته است.



شکل (۶-۷) - سازه مبنا در بهینه یابی خرابای مستوی شش گرهی

در ادامه برای هر عضو یک متغیر طراحی سطح مقطع و یک متغیر طراحی توپولوژیکی در نظر گرفته شده است. بنابراین در حالتی که از مجموعه S_1 استفاده می شود؛ طول هر کروموزوم²³³ برابر 66 بیت و زمانی که از مجموعه S_2 استفاده می شود؛ طول هر کروموزوم برابر 88 بیت است.

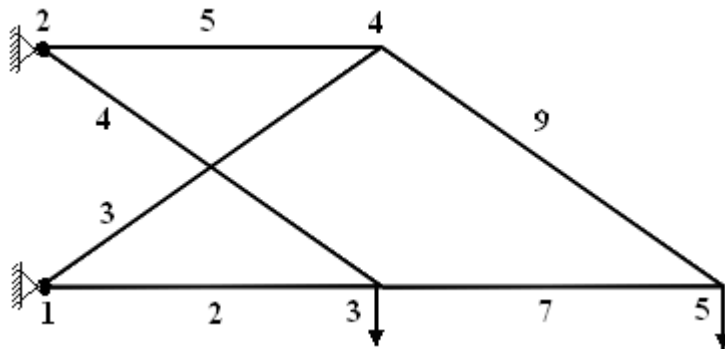
حال برای کسب توپولوژی بهینه در صورتی که مقاطع از لیست S_1 انتخاب شده باشند، پارامترهای الگوریتم، به شرح جدول (۶-۲) در نظر گرفته می شود.

جدول (۶-۲) - پارامترهای M.S.A برای خریای مستوی شش گرهی

پارامترهای جزایر روش جستجوی چند منظوره				
جزیره (۱)				
روش انتخاب: روش تورنومنت با مرتبه (3)	پیوند دو نقطه ایی	نرخ ادغام: 0.7	نرخ جهش: 0.01	
جزیره (۲)				
روش انتخاب: روش تورنومنت با مرتبه (2)	پیوند یکنواخت	نرخ ادغام: 0.8	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.005	کمترین میزان نرخ جهش: 0.001
جزیره (۳)				
روش انتخاب: چرخ گردان	پیوند تک نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.85	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.05	کمترین میزان نرخ جهش: 0.04
جزیره (۴)				
روش انتخاب: روش رتبه بندی	پیوند دو نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.9	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.06	کمترین میزان نرخ جهش: 0.05
جزیره (۵)				
روش انتخاب: روش پیشنهادی کلات جاری	پیوند دو نقطه ایی و عمل حذف و تولید مجدد	نرخ ادغام-حذف و تولید مجدد: 0.9	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.05	کمترین میزان نرخ جهش: 0.035
پارامترهای عمومی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
تعداد اعضای جمعیت: 110	ثابت K: 10	تعداد مراحل نسل سازی: 2500		
پارامترهای اختصاصی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
نرخ مهاجرت: 25		وقفه مهاجرت: 100		

233 . Length Of Chromosome

در شکل (۸-۶) توپولوژی بهینه خرپای مستوی شش گرهی نمایش داده شده است.



شکل (۸-۶) - توپولوژی بهینه برای خرپای مستوی شش گرهی

در جدول (۳-۶) نتایج طرح بهینه به ازای مجموعه مقاطع S_1 توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره و مراجع نامبرده ارائه و مقایسه شده است.

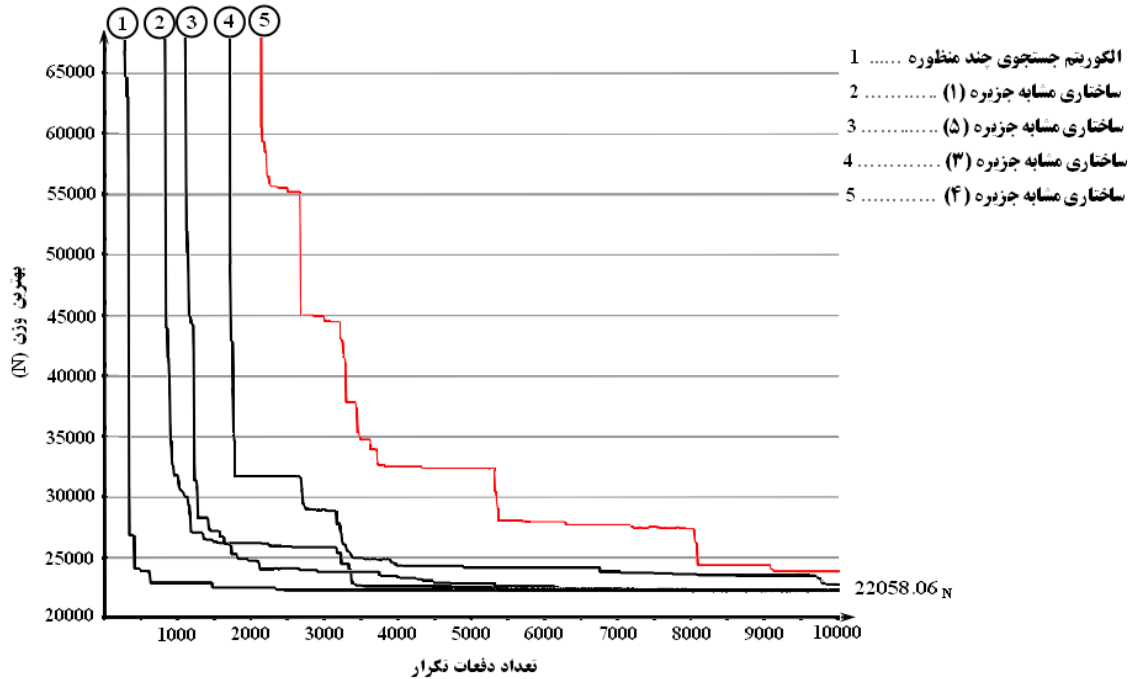
جدول (۳-۶) - نتایج طرح بهینه خرپای مستوی شش گرهی منتخب از لیست مقاطع S_1

سطح مقطع اعضا, $\text{Cm}^2 (\text{in}^2)$										وزن N (lb)	نتایج 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 [10]
--	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 [34]
--	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 [35]
--	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 [47]
--	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.A

همان طور که مشاهده می شود ؛ نتایج به ازای مقادیر مجموعه K_1 با نتایج دیگر مراجع یکسان است.

نمودار وزن بهینه خرپای مستوی در خلال نسل ها ، توسط روش های مختلف انتخاب در شکل (۶-۹)

، نشان داده شده است.



شکل (۶-۹) - روند بهینه یابی توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره و هریک از جزایر بطور مجزا

همان طور که ملاحظه می شود ؛ الگوریتم جستجوی چند منظوره به سرعت همگرا شده و قبل از

نسل ۲۵۰۰ به جواب بهینه رسیده است. روند بهینه یابی جزیره (۴) (روش رتبه بندی) نیز همان طور که

پیشتر بیان شد ؛ آهسته ، اما مطمئن و پیوسته است و برای رسیدن به جواب بهینه نیازمند تعداد نسل

سازی زیاد و بالطبع زمان بالایی می باشد. جزیره (۱ و ۲) (روش مسابقه ای) نیز نسبت به روش های دیگر

دارای سرعت بالاتری در همگرایی به سمت نقطه بهینه است. این روش ، قبل از نسل ۷۵۰۰ به جواب بهینه

رسیده است. جزیره (۳) (روش چرخ گردان) یا به تعبیر دیگر ژنتیک الگوریتم ساده در مثال هایی از این

قبیل بهتر از روش رتبه بندی عمل نموده و با سرعت بیشتری به سمت نقطه کمینه حرکت کرده است.

(جزیره ۵)) نیز با استعانت از روش پیشنهادی کلات جاری در فرآیند تولید مثل ، به محض یافتن توپولوژی بهینه با آهنگی یکنواخت و ثابت در کمینه نمودن وزن به سمت نقطه بهینه حرکت می نماید.

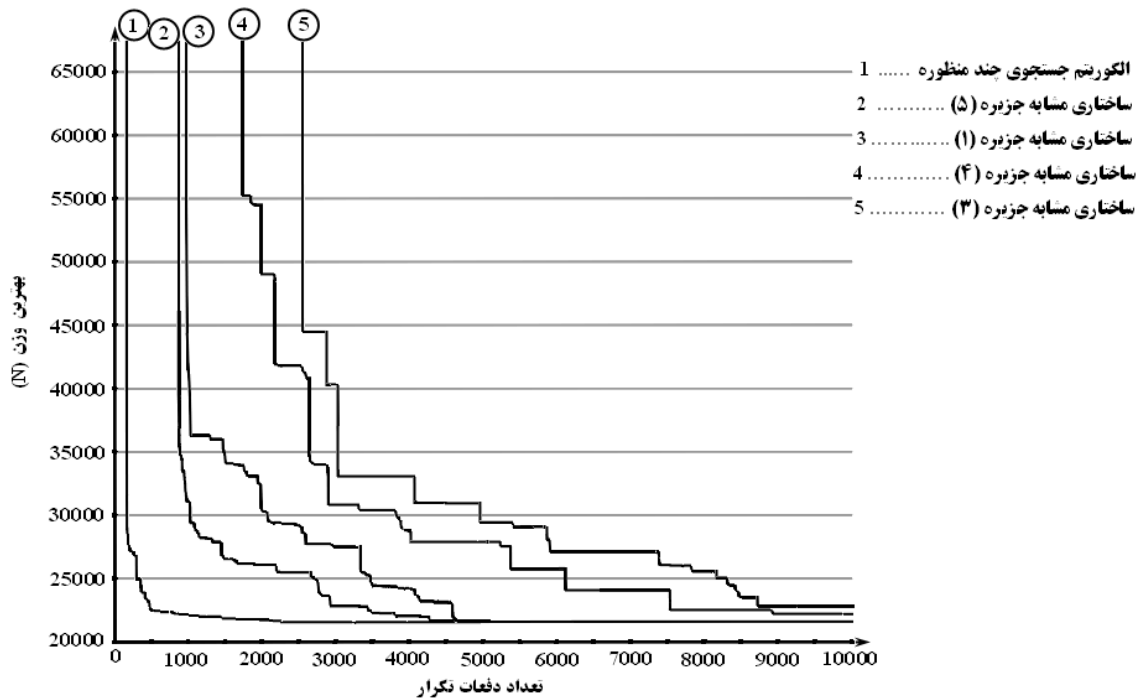
حال در ادامه از مقاطع لیست S_2 جهت کسب توپولوژی بهینه استفاده شده است. در این صورت جهت شرح بی نیازی الگوریتم پیشنهادی (M.S.A) به پارامترهای GA ، همان مقادیر جدول (۶-۲) برای جزایر الگوریتم پیشنهادی مجدداً استفاده شده است.

به این ترتیب توپولوژی بهینه ای مشابه شکل (۶-۸) حاصل می گردد که نتایج آن به شرح جدول (۶-۴) می باشد.

جدول (۶-۴) - نتایج طرح بهینه خرپای مستوی شش گرهی منتخب از لیست مقاطع S_2

سطح مقطع اعضا , $Cm^2 (in^2)$										وزن N (lb)	نتایج 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)	<u>135.48</u> (21.0)	154.84 (24.0)	--	21825 (4909.76)	مرجع [34]
--	135.48 (21.0)	--	100.0 (15.5)	--	187.1 (29.0)	38.71 (6.00)	<u>132.26</u> (20.5)	154.84 (24.0)	--	21711.9 (4884.31)	M.S.A

نمودار حصول وزن بهینه خرپای مستوی در خلال نسل سازی ها براساس روش های مختلف انتخاب در شکل (۶-۱۰) نشان داده شده است.



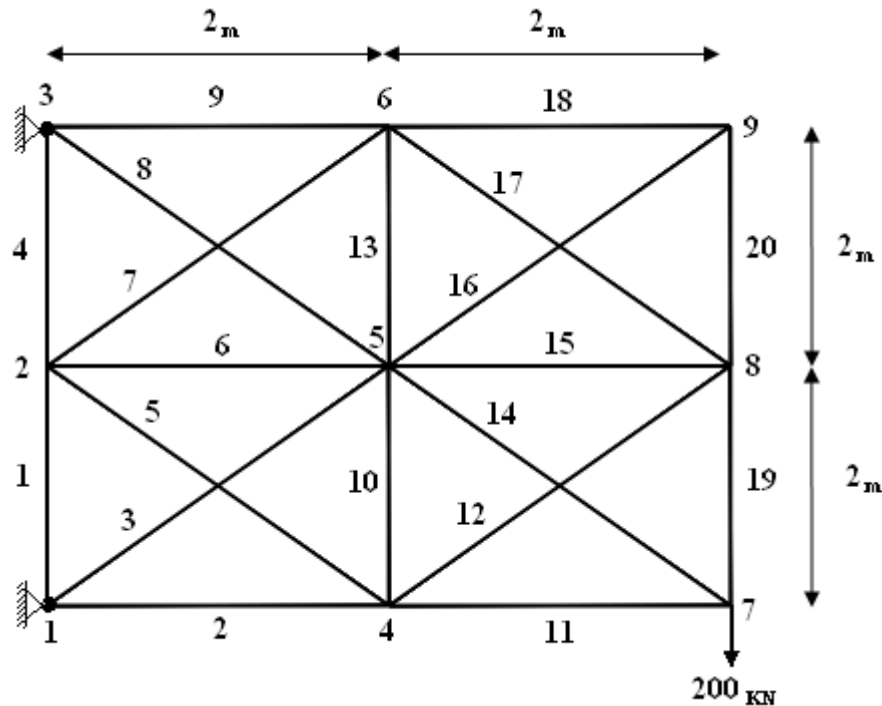
شکل (۶-۱۰) - روند بهینه یابی توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره و هریک از جزایر بطور مجزا

همان طور که در نمودار فوق مشاهده می شود؛ الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) به سرعت نسبت به نقطه کمینه همگرا شده و به جواب بهینه دست می یابد. جزیره (۵) (روش پیشنهادی کلات جاری) نیز با یافتن توپولوژی بهینه به صورت یکنواخت وزن سازه را بهینه می کند. روش های دیگر نیز به دلیل تنوع در مجموعه لیست مقاطع با آهنگی نزولی به سمت نقطه بهینه حرکت می نمایند. در این میان، جزیره (۱ و ۲) (روش مسابقه ای) از سرعت بیشتری نسبت به دیگر روش ها برخوردار هستند. جزیره (۳) (روش انتخابی چرخ گردان) با ماهیتی تقریباً تصادفی به سمت نقطه کمینه حرکت می نماید.

۶-۴ مثال (۳) شبکه 2×2 خرپای مستوی

در شکل (۶-۱۱) شبکه 2×2 خرپای مستوی تحت اثر بار متمرکز $P = 200_{KN}$ نمایش داده شده

است. این مثال از مراجع [29] و [34] انتخاب شده است.



شکل (۶-۱۱) - شبکه ۲×۲ خریای مستوی

هدف حداقل کردن حجم سازه به ازای فقط قید تنش مجاز کششی و فشاری $\pm 40.0 \text{ MPa}$ است.

بنابراین تابع هدف براساس رابطه (۵-۱۰) بشرح زیر تعریف می شود:

$$f_i(A) = \sum_{j=1}^{N_e} (\ell_j a_j) \quad (۵-۱۰)$$

مقاطع از لیست S بشرح زیر انتخاب می شود:

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

مرجع [29] اعضای با سطح مقطع 0.01_{Cm^2} را حذف شده فرض می نماید. لذا قید تنش را برای آن ها اعمال نمی کند. و به جای آن ، قید تغییر مکان گرهی را با اعمال یک کرانه فوقانی مجازی در نظر می گیرد. تا از تمایل اعضا جهت کسب سطح مقطع 0.01_{Cm^2} در روند بهینه یابی جلوگیری نماید. در این پایان نامه برای تمامی اعضای حاضر در هر کروموزوم پایدار ، بدون هر گونه فرض جانبی ، قید تنش در نظر گرفته شده و تنها اعضای با مقدار بیت توپولوژیکی صفر از سازه حذف می شوند. از سوی دیگر در این مثال نیز همانند

مثال های پیشین ، هر عضو دارای یک متغیر طراحی سطح مقطع و یک متغیر طراحی توپولوژیکی بولی می باشد. لذا طول هر کروموزوم متناسب با مقدار Nos و تعداد اعضای خرپا برابر 80 است.

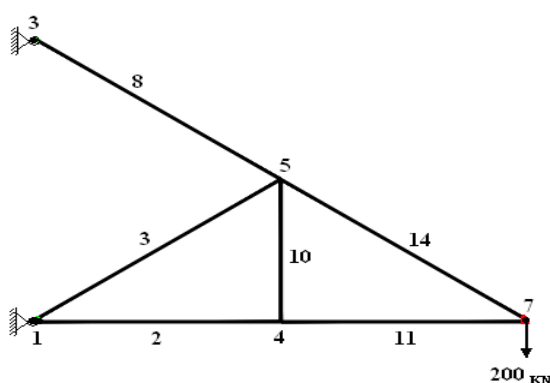
در کسب توپولوژی بهینه پارامترهای الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) بشرح جدول (۵-۶) انتخاب شده اند.

جدول (۵-۶) - پارامترهای M.S.A برای شبکه ۲x۲ خرپای مستوی

پارامترهای جزایر روش جستجوی چند منظوره				
جزیره (۱)				
روش انتخاب : روش تورنومنت با مرتبه (3)	پیوند دو نقطه ایی	نرخ ادغام : 0.8	نرخ جهش : 0.03	
جزیره (۲)				
روش انتخاب : روش تورنومنت با مرتبه (2)	پیوند یکنواخت	نرخ ادغام : 0.85	بیشترین میزان نرخ جهش : 0.05	کمترین میزان نرخ جهش : 0.05
جزیره (۳)				
روش انتخاب: چرخ گردان	پیوند تک نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.95	بیشترین میزان نرخ جهش : 0.055	کمترین میزان نرخ جهش : 0.045
جزیره (۴)				

روش انتخاب: روش رتبه بندی	پیوند دو نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.9	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.075	کمترین میزان نرخ جهش: 0.065
جزیره (۵)				
روش انتخاب: روش پیشنهادی کلات جاری	پیوند دو نقطه ایی و عمل حذف و تولید مجدد	نرخ ادغام-حذف و تولید مجدد: 0.6	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.045	کمترین میزان نرخ جهش: 0.035
پارامترهای عمومی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
تعداد اعضای جمعیت: 200	ثابت K: 20	تعداد مراحل نسل سازی: 10000		
پارامترهای اختصاصی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
نرخ مهاجرت: 25	وقفه مهاجرت: 100			

در این صورت الگوریتم مطروحه شکل (۶-۱۲) به عنوان توپولوژی بهینه معرفی می نماید.



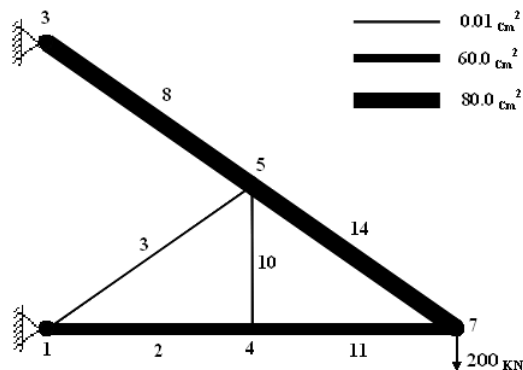
شکل (۶-۱۲) - توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرابای مستوی

در جدول (۶-۶) نتایج طرح بهینه حاصل از الگوریتم مطروحه نشان داده شده است.

جدول (۶-۶) - نتایج سطح مقطع و توپولوژی بهینه شبکه 2×2 خرابای مستوی

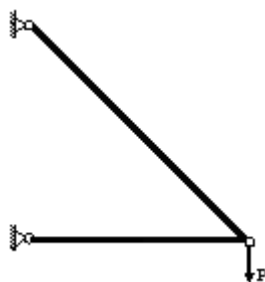
سطح مقطع اعضا و شماره اعضای توپولوژی بهینه			حجم
80.0 Cm^2	60.0 Cm^2	0.01 Cm^2	Cm^3
8, 14	2, 11	3, 10	69259.66

در صورتی که ارتباط شکل توپولوژی بهینه با مسیرهای بحرانی انتقال نیرو مورد 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 می باشند. این مطلب با فرض ضخامت برای خطوط به ترتیب سطح مقطع اعضا در شکل (۶-۱۳) نشان داده شده است.



شکل (۶-۱۳) - توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرپای مستوی متناسب با مسیر انتقال نیرو

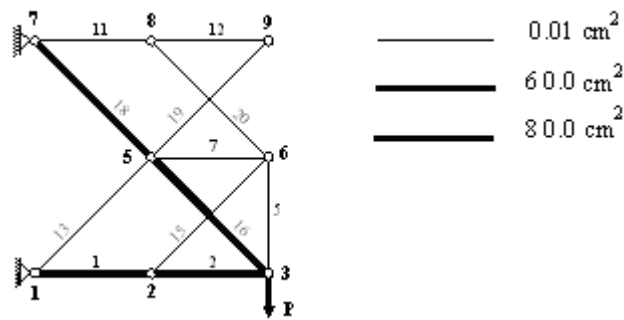
در صورتی که اعضای با سطح مقطع کوچک 0.01 cm^2 حذف و مفصل‌های بین اعضای باقیمانده برای حفظ پایداری سازه نیز حذف شوند؛ شکل (۶-۱۴) حاصل می شود که دقیقاً متناسب با مسیرهای انتقال بار به تکیه گاه‌ها است.



شکل (۶-۱۴) - توپولوژی بهینه اصلاح شده شبکه 2×2 خرپای مستوی

مرجع [34] حجم بهینه ای برابر 0.06927 m^3 برای شبکه 2×2 خرپای مستوی ارائه داده اند. شکل

(۶-۱۵) توپولوژی بهینه مرجع [34] را نشان می دهد.

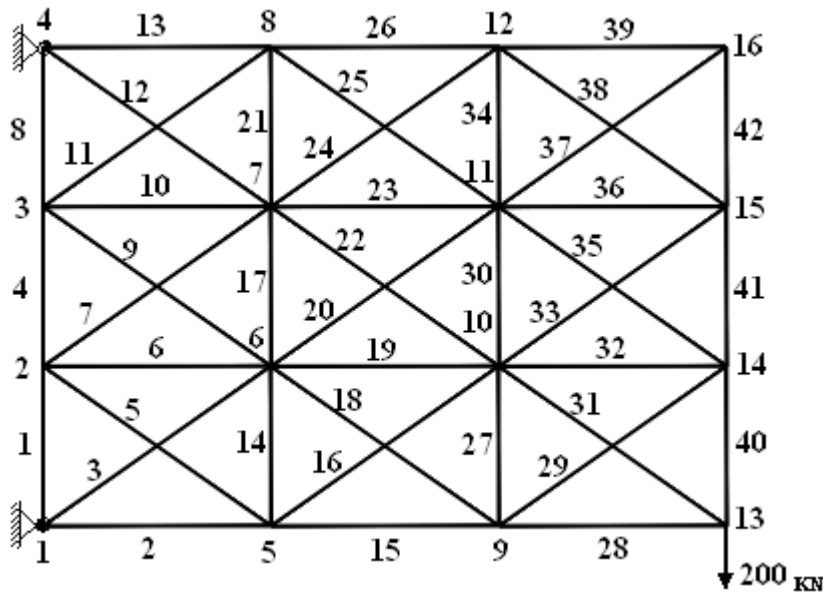


شکل (۶-۱۵) - توپولوژی بهینه برای شبکه 2×2 خرپای مستوی بر اساس مرجع [34]

همان طور که مشاهده می شود؛ در مرجع [34] نیز سطح مقطع اعضا، متناسب با مسیرهای انتقال نیرو بدست آمده است. بر این اساس متناسب با شماره گذاری مرجع [34] سطح مقطع اعضای 15, 19, 20, 7, 5, 11, 12, 13, برابر 0.01 cm^2 ، سطح مقطع اعضای 1, 2 برابر 60.0 cm^2 و اعضای 16, 18 برابر 80.0 cm^2 در نظر گرفته شده است.

۶-۵ مثال (۴) شبکه 3×3 خرپای مستوی

جهت بررسی عدم وابستگی الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) و آزمودن سرعت همگرایی الگوریتم مطروحه در نیل به بهینه سراسری مثال مراجع [29] و [34] جهت بررسی انتخاب شده است. شکل (۶-۱۶) شبکه 3×3 خرپای مستوی را نشان می دهد.



شکل (۶-۱۶) - شبکه ۳×۳ خربای مستوی

در این مثال به دلیل افزایش طول کروموزوم و حجم عملیات عددی ، سرعت همگرایی برای الگوریتم های متداول به طور چشمگیری کاهش می یابد ، اما الگوریتم جستجوی چند منظوره به راحتی به جواب بهینه مطلق دست می یابد.

هدف در این مثال نیز همانند مثال (۴) حداقل کردن حجم سازه به ازای فقط قید تنش مجاز کششی و فشاری $\pm 40.0 MPa$ است. بنابراین تابع هدف براساس رابطه (۵-۱۰) بشرح زیر تعریف می شود:

$$f_i(A) = \sum_{j=1}^{N_e} (\ell_j a_j) \quad (10-5)$$

مجموعه مقاطع اعضای موجود در این مثال نیز همانند مثال (۴) بشرح زیر می باشد:

$$a_i \in S = \{0.01_{Cm^2}, 20.0_{Cm^2}, 40.0_{Cm^2}, 60.0_{Cm^2}, 80.0_{Cm^2}\}; i = 1, \dots, 42$$

أزاکي [29] در این مثال نیز اعضای با سطح مقطع 0.01_{Cm^2} را حذف شده فرض می نماید و قید تنش را برای آن ها اعمال نمی کند. و به جای آن ، قید تغییر مکان گرهی را با اعمال یک کرانه فوقانی مجازی در نظر می گیرد. تا از تمایل اعضا جهت کسب سطح مقطع 0.01_{Cm^2} در روند بهینه یابی جلوگیری نماید. اما در

این پایان نامه برای تمامی اعضای حاضر در هر کروموزوم پایدار ، بدون هر گونه فرض جانبی ، قید تنش در نظر گرفته شده و تنها اعضای با مقدار بیت توپولوژیکی صفر ، از سازه حذف می شوند.

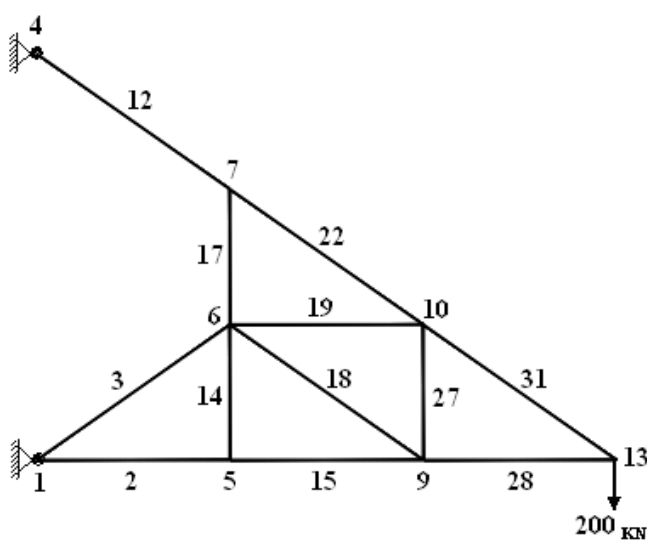
در این مثال نیز همانند مثال های پیشین ، هر عضو دارای یک متغیر طراحی سطح مقطع و یک متغیر طراحی توپولوژیکی بولی است. لذا طول هر کروموزوم متناسب با مقدار Nos و تعداد اعضای خرپا برابر 168 است. افزایش طول کروموزوم سبب افزایش حجم محاسبات عددی و بالطبع سبب کاهش سرعت همگرایی در روند بهینه یابی می شود.

در صورتی که پارامترهای الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) ، بشرح جدول (۶-۷) باشند ، شکل (۶-۱۷) تحت عنوان توپولوژی بهینه حاصل می گردد.

جدول (۶-۷) - پارامترهای M.S.A برای شبکه ۳x۳ خرابای مستوی

پارامترهای جزایر روش جستجوی چند منظوره

جزیره (۱)				
روش انتخاب : روش تورنومنت با مرتبه (3)	پیوند دو نقطه ایی	نرخ ادغام : 0.8	نرخ جهش : 0.004	
جزیره (۲)				
روش انتخاب : روش تورنومنت با مرتبه (2)	پیوند یکنواخت	نرخ ادغام : 0.7	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.009	کمترین میزان نرخ جهش: 0.008
جزیره (۳)				
روش انتخاب: چرخ گردان	پیوند تک نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.9	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.02	کمترین میزان نرخ جهش: 0.01
جزیره (۴)				
روش انتخاب : روش رتبه بندی	پیوند دو نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.85	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.03	کمترین میزان نرخ جهش: 0.02
جزیره (۵)				
روش انتخاب : روش پیشنهادی کلات جاری	پیوند دو نقطه ایی و عمل حذف و تولید مجدد	نرخ ادغام-حذف و تولید مجدد: 0.55	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.03	کمترین میزان نرخ جهش: 0.02
پارامترهای عمومی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
تعداد اعضای جمعیت : 420	ثابت K : 10	تعداد مراحل نسل سازی : 15000		
پارامترهای اختصاصی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
نرخ مهاجرت : 25	وقفه مهاجرت : 25			



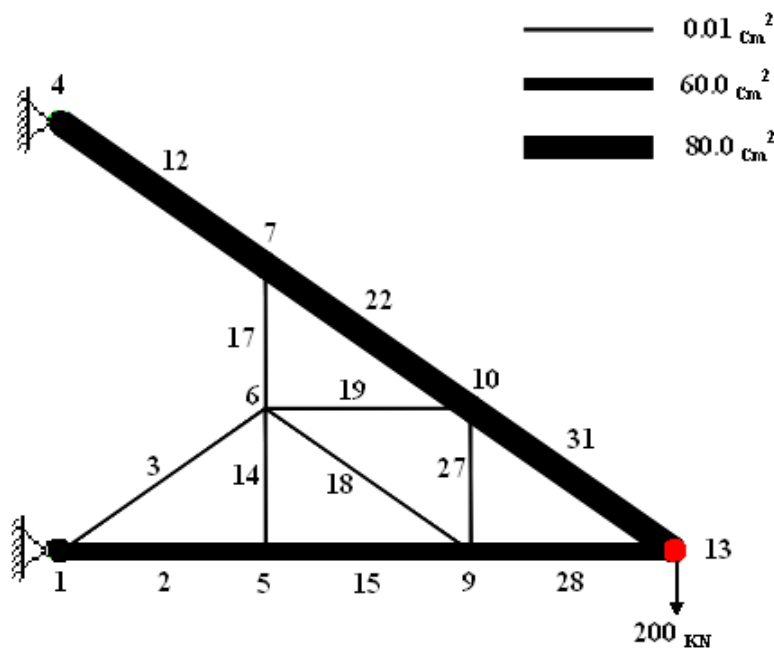
شکل (۶-۱۷) - توپولوژی بهینه برای شبکه 3×3 خرپای مستوی

در جدول (۸-۶) نتایج طرح بهینه حاصل از الگوریتم مطروحه نشان داده شده است.

جدول (۸-۶) - نتایج سطح مقطع و توپولوژی بهینه شبکه 3×3 خریای مستوی

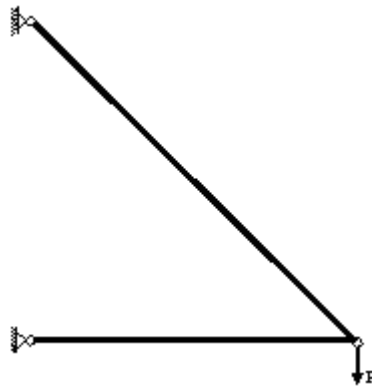
سطح مقطع اعضا و شماره اعضای توپولوژی بهینه			حجم Cm ³
80.0 Cm ²	60.0 Cm ²	0.01 Cm ²	103895.9
8, 12, 22	2, 15, 28	3, 14, 17, 18, 19, 27	

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 می باشند. این مطلب با فرض ضخامت برای خطوط به ترتیب سطح مقطع اعضا در شکل (۱۸-۶) نشان داده شده است.



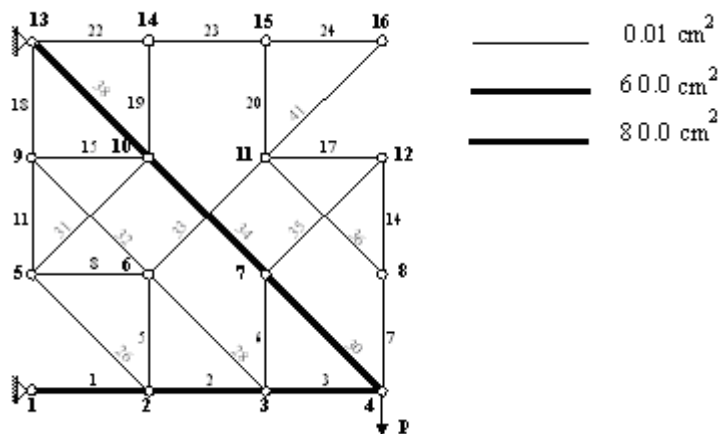
شکل (۱۸-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه 3×3 خریای مستوی متناسب با مسیر انتقال نیرو

در صورتی که اعضای با سطح مقطع کوچک 0.01 cm^2 حذف و مفصل های بین اعضای باقیمانده برای حفظ پایداری سازه نیز حذف شوند؛ شکل (۶-۱۹) حاصل می شود که دقیقاً متناسب با مسیرهای انتقال بار به تکیه گاه ها است.



شکل (۶-۱۹) - توپولوژی بهینه اصلاح شده شبکه 3×3 خرپای مستوی

مرجع [34] حجم بهینه ایی برابر 0.10393 m^3 برای شبکه 3×3 خرپای مستوی ارائه داده اند. شکل (۶-۲۰) توپولوژی بهینه مرجع [34] را نشان می دهد.



شکل (۶-۲۰) - توپولوژی بهینه برای شبکه 3×3 خرپای مستوی بر اساس مرجع [34]

همان طور که مشاهده می شود؛ در مرجع [34] نیز سطح مقطع اعضا را متناسب با مسیرهای انتقال نیرو بدست آورده است. اما توپولوژی شکل (۶-۲۰) متناسب با مسیر انتقال بار نمی باشد و اعضای زائد می بایست حذف گردند. جدول (۶-۹) نتایج مرجع [34] را بر اساس شماره گذاری شکل (۶-۲۰) نشان می دهد.

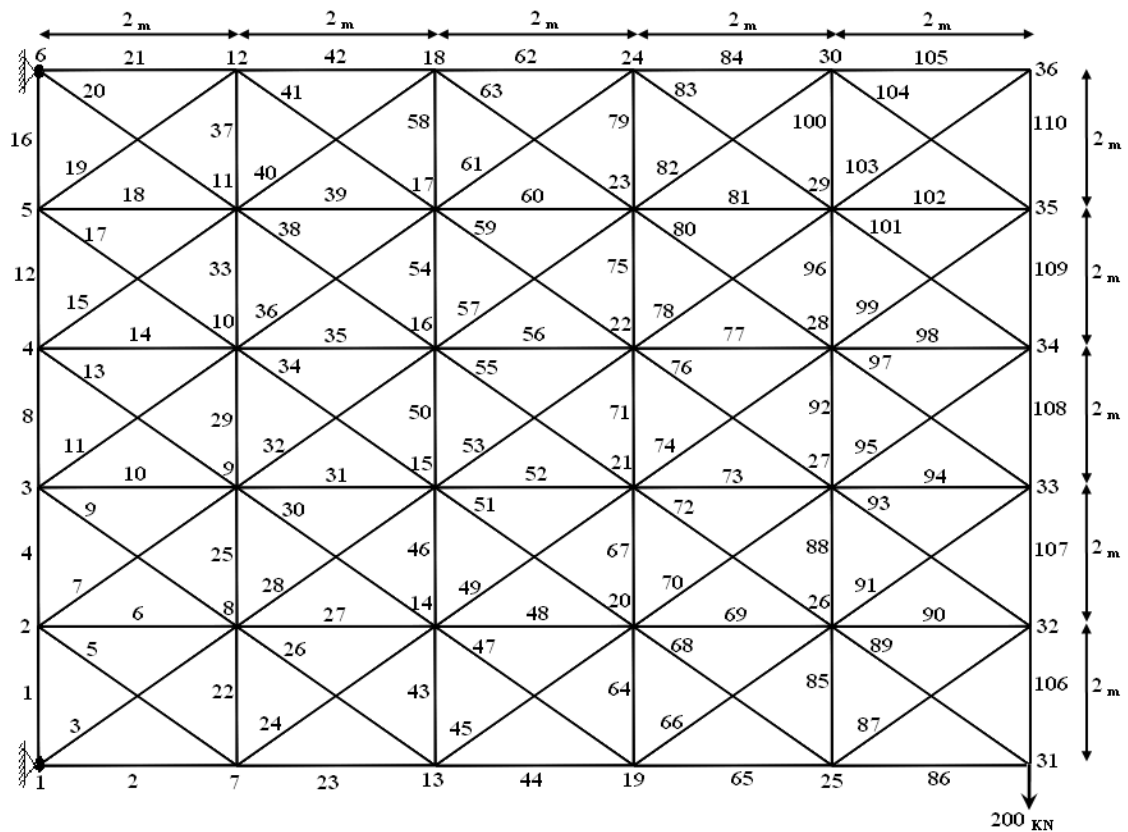
جدول (۶-۹) - نتایج سطح مقطع و توپولوژی بهینه شبکه 3×3 خرپای مستوی بر اساس مرجع [34]

سطح مقطع اعضا و شماره اعضای توپولوژی بهینه			حجم m^3
80.0 Cm^2	60.0 Cm^2	0.01 Cm^2	
30, 34, 38	1, 2, 3	5, 6, 7, 8, 11, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 23, 24, 26, 28, 31, 32, 33, 35, 36, 41	0.10393

همان طور که مشاهده شد؛ علی رغم افزایش طول کروموزوم (۱۶۸ بیت) در این مثال، الگوریتم جستجوی چند منظوره به راحتی جواب بهینه را بدست می آورد.

۶-۶ مثال (۵) شبکه 5×5 خرپای مستوی

در ادامه روند بهینه یابی توسط الگوریتم پیشنهادی (M.S.A) شبکه 5×5 خرپای مستوی از مرجع [29] انتخاب شده است. در این مثال بار متمرکز $P = 200_{KN}$ مشابه شکل (۶-۲۱) به سازه اثر داده شده است.



شکل (۶-۲۱) - شبکه ۵×۵ خرابای مستوی

این مثال نیز شرایطی مشابه دو مثال پیشین (مثال (۴) و (۵)) داشته و هدف حداقل کردن حجم سازه به ازای فقط قید تنش مجاز کششی و فشاری $\pm 40.0 MPa$ است. بنابراین تابع هدف براساس رابطه (۵) - (۱۰) بشرح زیر تعریف می شود:

$$f_i(A) = \sum_{j=1}^{N_e} (\ell_j a_j) \quad (۱۰-۵)$$

مجموعه مقاطع اعضای موجود در این مثال نیز همانند دو مثال قبل بشرح زیر تعریف می شود:

$$a_i \in S = \{0.01_{Cm^2}, 20.0_{Cm^2}, 40.0_{Cm^2}, 60.0_{Cm^2}, 80.0_{Cm^2}\}; i=1, \dots, 110$$

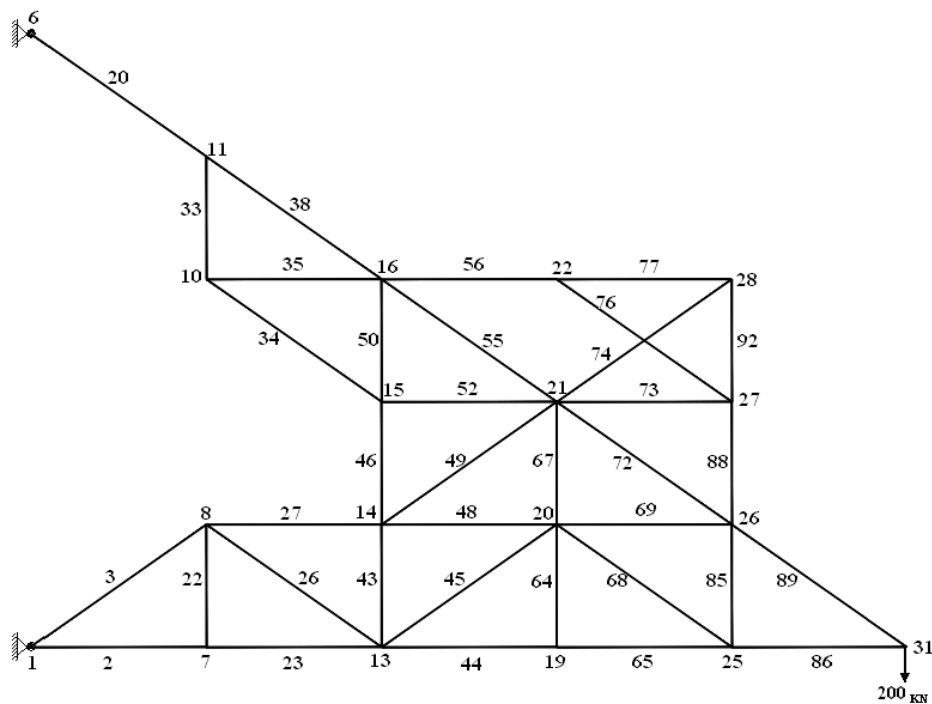
پارامترهای جزایر الگوریتم پیشنهادی (M.S.A) در این مثال نیز، مشابه مثال (۴) تنظیم شده است. در

این صورت نتایج حاصل از طرح بهینه بشرح جدول (۶-۱۰) می باشد.

جدول (۱۰-۶) - نتایج سطح مقطع و توپولوژی بهینه شبکه ۵ × ۵ خرپای مستوی

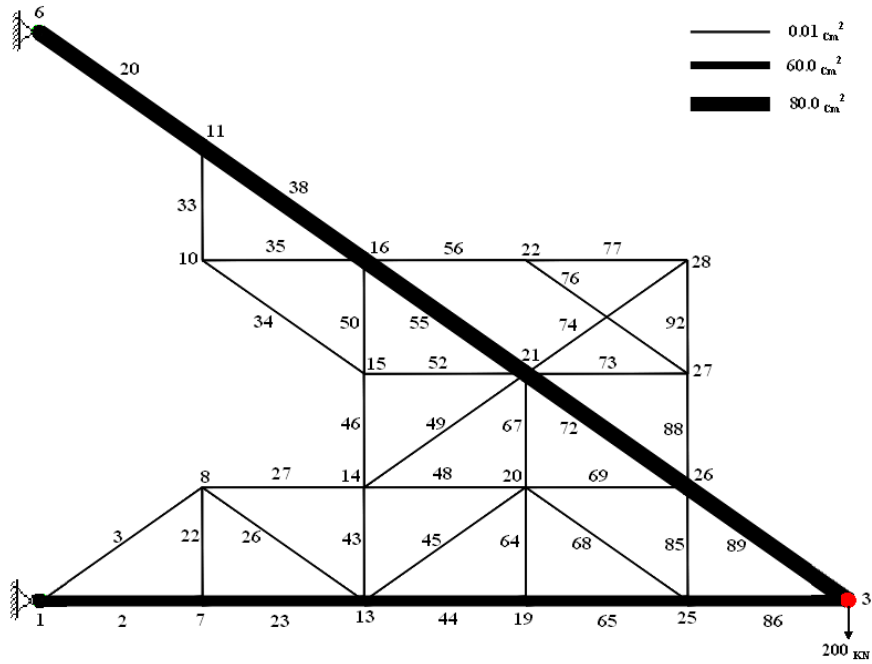
سطح مقطع اعضا و شماره اعضای توپولوژی بهینه			حجم m ³
80.0 Cm ²	60.0 Cm ²	0.01 Cm ²	
20, 38, 55, 72, 89	2, 23, 44, 65, 86	3, 22, 26, 27, 33, 34, 35, 43, 45, 46, 48, 49, 50, 52, 56, 64, 67, 68, 69, 73, 74, 76, 77, 85, 88, 92	1.73195

به دلیل تعداد اعضای زیاد در مثال مطروحه ، طول کروموزوم نسبت به مثال های قبل بطور قابل توجهی بلندتر است (۴۴۰ بیت). با افزایش طول کروموزوم ، سرعت همگرایی کاهش می یابد ؛ اما الگوریتم پیشنهادی (M.S.A) ، طرح بهینه مناسبی ، مطابق شکل (۲۲-۶) نتیجه می دهد.



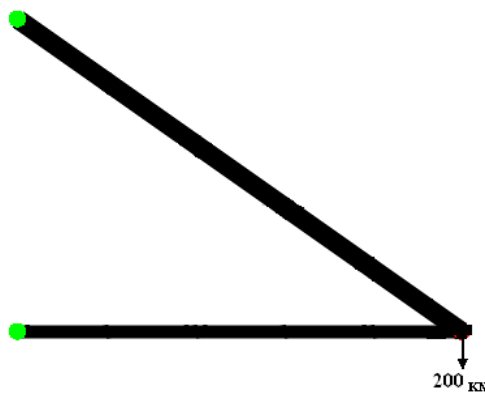
شکل (۲۲-۶) - توپولوژی بهینه برای شبکه ۵ × ۵ خرپای مستوی

در این مثال نیز سطح مقطع اعضای توپولوژی بهینه حاصل ، کاملاً منطبق بر مسیر انتقال نیرو می باشد. شکل (۲۳-۶) این مطلب را نشان می دهد.



شکل (۶-۲۳) - توپولوژی بهینه برای شبکه 5×5 خرپای مستوی متناسب با مسیر انتقال نیرو

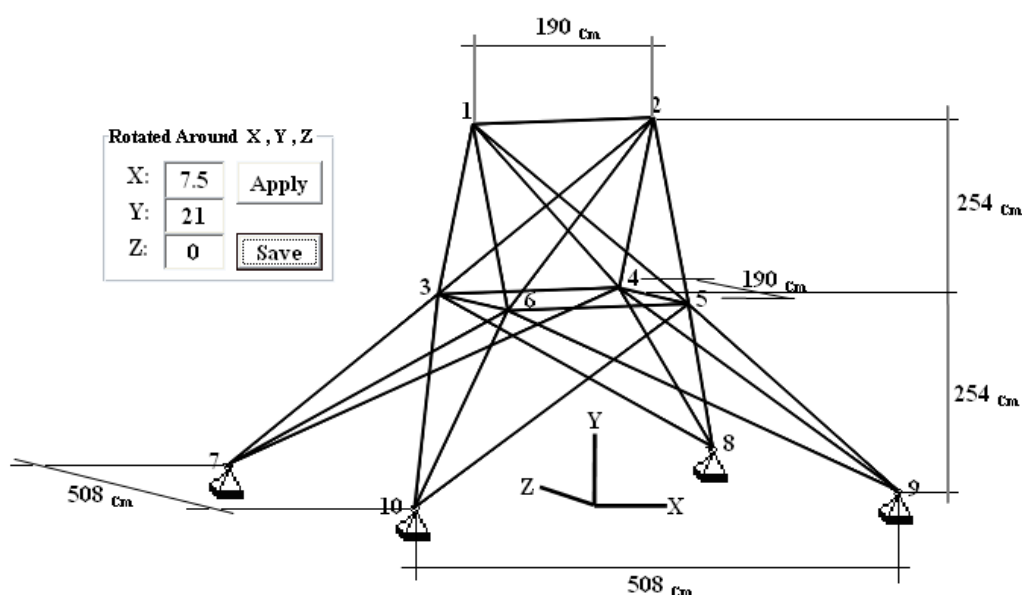
در این مثال نیز آزایی اعضای با سطح مقطع 0.01_{cm^2} را حذف شده فرض می نماید و قید تنش را برای آن ها اعمال نمی کند. در صورتی که را اعضای با سطح مقطع کوچک 0.01_{cm^2} در توپولوژی بهینه حاصل حذف و مفصل های بین اعضای باقیمانده برای حفظ پایداری سازه نیز حذف شوند ؛ شکل (۶-۲۴) حاصل می شود که دقیقاً مشابه نتیجه مرجع [29] است.



شکل (۶-۲۴) - توپولوژی بهینه اصلاح شده برای شبکه 5×5 خرپای مستوی

۶-۷ مثال (۶) خرپای فضایی ۲۵ میله ایی

در این مثال به بررسی خرپای فضایی ۲۵ میله ای با ۱۰ گره پرداخته می شود. خرپای مذکور در شکل (۲۵-۶) نشان داده شده است. لازم به ذکر است در این مثال جهت مقایسه نتایج با منابع ، سازه مبنا با ساختاری دقیقاً مشابه خرپای مفروض در نظر گرفته شده است. به عبارت دیگر در این مثال از گراف پایه ستاره ای برای توپولوژی پایه استفاده نشده است و به جای آن از همبندی خرپای مفروض ، به عنوان توپولوژی پایه استفاده می شود.



شکل (۶-۲۵) - خرپای فضایی ۲۵ میله ای

تمامی اعضای این خرپا دارای $E = 68.97 \text{ GN/m}^2$ و $\rho = 27126.4 \text{ N/m}^3$ می باشند. اعضای خرپای مذکور در هشت گروه به شرح جدول (۶-۱۱) دسته بندی شده اند. تنش های مجاز کششی و فشاری هر گروه در جدول (۶-۱۱) درج شده است. تغییرمکان مجاز گره های ۱ و ۲ در جهات X و Z برابر $\pm 0.889 \text{ cm}$ فرض شده است.

جدول (۱۱-۶) - گروه بندی اعضا و تنش های مجاز کششی و فشاری اعضای هر گروه

تنش مجاز کششی $\sigma_{Ten} \text{ N/Cm}^2$	تنش مجاز فشاری $ \sigma_{Com} \text{ N/Cm}^2$	شماره گره دو انتهای اعضای هر گروه	شماره گروه
27590	24204	1-2	1
27590	7994	1-4 , 2-3 , 1-5 , 2-6	2
27590	11936	2-5 , 2-4 , 1-3 , 1-6	3
27590	24204	3-6 , 4-5	4
27590	24204	3-4 , 5-6	5
27590	4662	3-10 , 6-7 , 4-9 , 5-8	6
27590	4662	3-8 , 4-7 , 6-9 , 5-10	7
27590	7664	3-7 , 4-8 , 5-9 , 6-10	8

بارهای مؤثر بر سازه در جدول (۱۲-۶) نمایش داده شده است.

جدول (۱۲-۶) - بارگذاری مؤثر بر خربای فضایی ۲۵ میله ای

نیرو در جهت Z $P_Z \text{ (KN)}$	نیرو در جهت Y $P_Y \text{ (KN)}$	نیرو در جهت X $P_X \text{ (KN)}$	شماره گره	وضعیت بارگذاری
44.5	-22.25	4.45	1	1
44.5	-22.25	0	2	
0	0	2.225	3	
0	0	2.225	6	
89	-22.25	0	1	2
-89	-22.25	0	2	

مقاطع از لیست پروفیل های موجود S بشرح زیر انتخاب می شوند:

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

در این مثال به هر گروه ، یک متغیر طراحی سطح مقطع و یک متغیر طراحی توپولوژیکی بولی اختصاص یافته است. بنابراین طول هر کروموزوم متناسب با مقدار Nos و تعداد گروه های اعضای خرپا برابر 48 است. لازم به ذکر است که قابلیت استفاده از متغیر توپولوژیکی برای هر عضو و نیز استفاده از گراف پایه

ستاره ای در برنامه وجود دارد. اما به دلیل مقایسه نتایج حاصله با نتایج دیگر مراجع برای هر گروه یک متغیر طراحی در نظر گرفته و از همبندی خریای مفروض جهت توپولوژی پایه استفاده شده است.

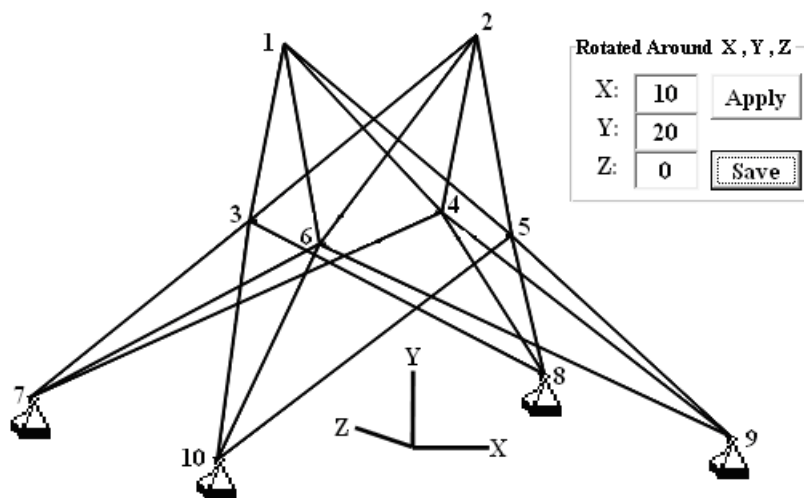
در ادامه جهت کسب توپولوژی بهینه پارامترهای الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) بشرح جدول (۶-۱۳) در نظر گرفته می شود.

جدول (۶-۱۳) - پارامترهای M.S.A برای خریای ۲۵ میله ای

پارامترهای جزایر روش جستجوی چند منظوره				
جزیره (۱)				
روش انتخاب: روش تورنومنت با مرتبه (3)	پیوند دو نقطه ایی	نرخ ادغام: 0.85	نرخ جهش: 0.06	
جزیره (۲)				
روش انتخاب: روش تورنومنت با مرتبه (2)	پیوند یکنواخت	نرخ ادغام: 0.85	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.05	کمترین میزان نرخ جهش: 0.001
جزیره (۳)				
روش انتخاب: چرخ گردان	پیوند تک نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.85	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.05	کمترین میزان نرخ جهش: 0.005
جزیره (۴)				
روش انتخاب: روش رتبه بندی	پیوند دو نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.8	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.04	کمترین میزان نرخ جهش: 0.002
جزیره (۵)				
روش انتخاب: روش پیشنهادی کلات جاری	پیوند دو نقطه ایی و عمل حذف و تولید مجدد	نرخ ادغام-حذف و تولید مجدد: 0.8	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.04	کمترین میزان نرخ جهش: 0.002
پارامترهای عمومی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
تعداد اعضای جمعیت: 80	ثابت K: 10	تعداد مراحل نسل سازی: 2000		
پارامترهای اختصاصی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
نرخ مهاجرت: 30		وقفه مهاجرت: 50		

در صورتی که پارامترهای جزایر بشرح جدول (۶-۱۳) تنظیم شوند ، شکل (۶-۲۶) به عنوان توپولوژی

بهینه معرفی می شود.



شکل (۶-۲۶) - توپولوژی بهینه برای خرپای فضایی ۲۵ میله ای

جدول (۶-۱۴) نتایج طرح را به همراه مقایسه نتایج با مراجع [32]، [34]، [35] و ... نشان می دهد.

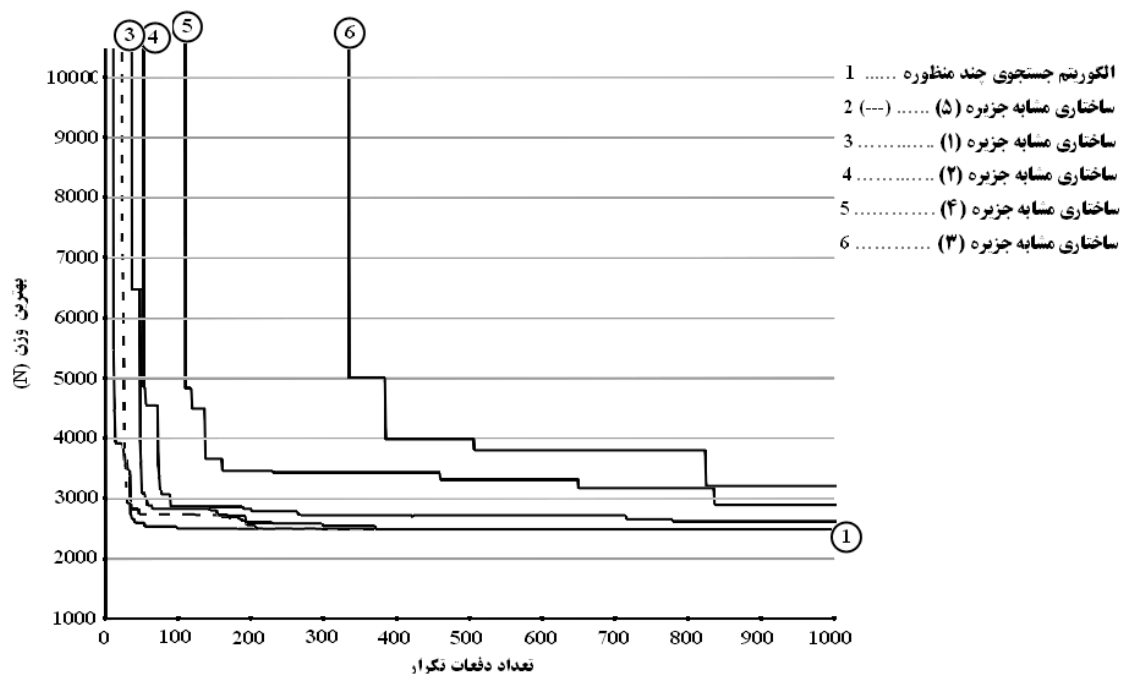
جدول (۶-۱۴) - نتایج مقاطع توپولوژی بهینه خرپای فضایی ۲۵ میله ای

سطح مقطع گروه های اعضا، Cm^2								وزن N	نتایج طرح بهینه
a_8	a_7	a_6	a_5	a_4	a_3	a_2	a_1		
21.483	12.671	3.348	0	0	21.483	12.671	0	2733.5	مرجع [32]
14.581	12.671	6.542	--	--	21.483	10.839	--	2517.24	مرجع [34]
14.581	12.671	6.542	--	--	21.483	10.839	--	2517.24	مرجع [35]
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	--	2517.237	M.S.A

مرجع [32]، [34]، [35] و سان و همکاران (1997) نیز شکل (۶-۲۶) را به عنوان توپولوژی بهینه

معرفی می نمایند.

همان طور که در جدول (۶-۱۴) ملاحظه می شود؛ الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) وزن کمتری را نسبت به برخی دیگر از مراجع یافته است. این مثال توسط اپراتورهای هر جزیره بطور مجزا مدل سازی شده است. در این شرایط، روند بهینه یابی هر یک، نیز قابل قبول و شایان توجه است. اما الگوریتم جستجوی چند منظوره که در واقع ترکیبی از تمامی جزایر است؛ به نحو معجزه آسایی به سمت نقطه کمینه حرکت می نماید. شکل (۶-۲۷) روند بهینه یابی را توسط جزایر یک تا پنج به همراه الگوریتم جستجوی چند منظوره نشان می دهد.



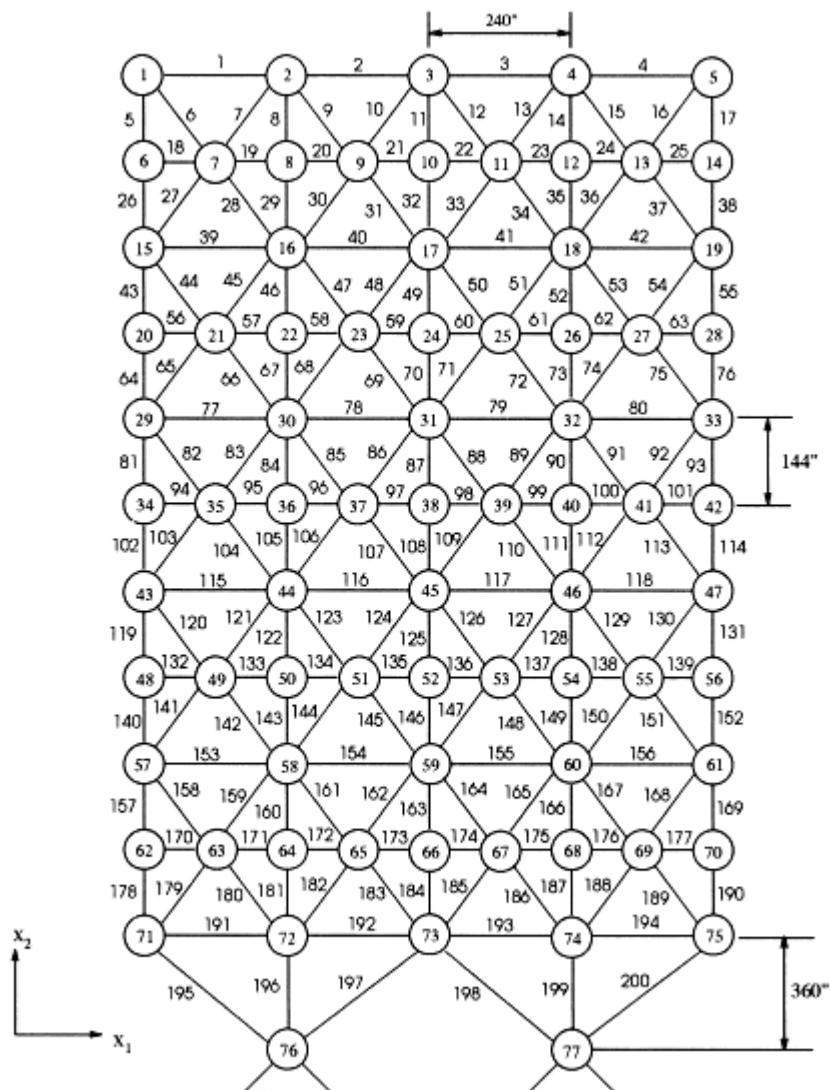
شکل (۶-۲۷) - روند بهینه یابی توسط الگوریتم جستجوی چند منظوره و هر یک از جزایر بطور مجزا

همان طور که مشاهده می شود؛ تمامی جزایر بطور نسبی وظیفه محوله را به خوبی انجام می دهند، لذا در ترکیب آن ها روند بهینه یابی بسیار مناسبی نتیجه می شود؛ که همان الگوریتم جستجوی چند منظوره است و در شکل (۶-۲۷) با شماره یک نشان داده شده است. از میان جزایر، جزیره پنج با روند بهینه

یابی مطابق شکل ، پس از یافتن توپولوژی بهینه در مسیر کمینه سازی وزن گام بر می دارد. جزیره یک و دو نیز تقریباً بطور مماس بر روند بهینه یابی جزیره پنج حرکت می نماید. جزیره چهار با روش انتخاب رتبه بندی ، همانند مثال های پیشین ، روند بهینه یابی آهسته و پیوسته ای را دارا می باشد. جزیره سه که روند بهینه یابی ضعیفی نسبت به دیگر جزایر دارا می باشد ، با کمترین پرش در روند بهینه یابی به سمت نقطه کمینه حرکت می نماید.

۶-۸ مثال (۷) خرپای ۲۰۰ میله ایی

جهت بررسی کارایی الگوریتم پیشنهادی (M.S.A) در مثال های بزرگ به بهینه یابی وزن خرپای ۲۰۰ میله ای پرداخته می شود. این مثال از مرجع [48] انتخاب شده است و مثالی مطرح جهت اثبات کارایی الگوریتم های مختلف می باشد. در این مثال هدف بهینه یابی وزن خرپای مذکور با فرض ثابت بودن توپولوژی و هندسه خرپا مورد نظر است.



شکل (۶-۲۸) - خرپای ۲۰۰ میله ای

پارامترهای طراحی برای مثال مطروحه بشرح زیر تعریف می شود.

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

در این مثال تنها قید تنش برای کلیه اعضای خرپا اعمال شده و بر اساس مرجع [48] بشرح زیر در

نظر گرفته می شود:

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

بارهای مؤثر بر سازه در سه حالت مبتنی بر مرجع [48] بشرح جداول (۶-۱۵) و (۶-۱۶) و (۶-۱۷) به

سازه وارد می شوند.

جدول (۶-۱۵) - بارگذاری مؤثر بر خرابای ۲۰۰ میله ای (حالت ۱)

نیرو در جهت Y P_Y (kip)	نیرو در جهت X P_X (kip)	شماره گره
0	1	1
0	1	6
0	1	15
0	1	20
0	1	29
0	1	34
0	1	43
0	1	48
0	1	57
0	1	62
0	1	71

جدول (۶-۱۶) - بارگذاری مؤثر بر خرابای ۲۰۰ میله ای (حالت ۲)

نیرو در جهت Y P_Y (kip)	نیرو در جهت X P_X (kip)	شماره گره	نیرو در جهت Y P_Y (kip)	نیرو در جهت X P_X (kip)	شماره گره
-10	0	40	-10	0	1
-10	0	42	-10	0	2
-10	0	43	-10	0	3
-10	0	44	-10	0	4
-10	0	45	-10	0	5
-10	0	46	-10	0	6
-10	0	47	-10	0	8
-10	0	48	-10	0	10
-10	0	50	-10	0	12
-10	0	52	-10	0	14
-10	0	54	-10	0	15
-10	0	56	-10	0	16
-10	0	57	-10	0	17
-10	0	58	-10	0	18
-10	0	59	-10	0	19
-10	0	60	-10	0	20
-10	0	61	-10	0	22
-10	0	62	-10	0	24
-10	0	64	-10	0	26
-10	0	66	-10	0	28
-10	0	68	-10	0	29
-10	0	70	-10	0	30
-10	0	71	-10	0	31
-10	0	72	-10	0	32

-10	0	73	-10	0	33
-10	0	74	-10	0	34
-10	0	75	-10	0	36
			-10	0	38

جدول (۶-۱۷) - بارگذاری مؤثر بر خرپای ۲۰۰ میله ای (حالت ۳)

نیرو در جهت Y P_Y (kip)	نیرو در جهت X P_X (kip)	شماره گره	نیرو در جهت Y P_Y (kip)	نیرو در جهت X P_X (kip)	شماره گره
0	0	39	-10	1	1
-10	0	40	-10	0	2
0	0	41	-10	0	3
-10	0	42	-10	0	4
-10	1	43	-10	0	5
-10	0	44	-10	1	6
-10	0	45	0	0	7
-10	0	46	-10	0	8
-10	0	47	0	0	9
-10	1	48	-10	0	10
0	0	49	0	0	11
-10	0	50	-10	0	12
0	0	51	0	0	13
-10	0	52	-10	0	14
0	0	53	-10	1	15
-10	0	54	-10	0	16
0	0	55	-10	0	17
-10	0	56	-10	0	18
-10	1	57	-10	0	19
-10	0	58	-10	1	20
-10	0	59	0	0	21
-10	0	60	-10	0	22
-10	0	61	0	0	23
-10	1	62	-10	0	24
0	0	63	0	0	25
-10	0	64	-10	0	26
0	0	65	0	0	27
-10	0	66	-10	0	28
0	0	67	-10	1	29
-10	0	68	-10	0	30
0	0	69	-10	0	31
-10	0	70	-10	0	32
-10	0	71	-10	0	33
-10	0	72	-10	1	34
-10	0	73	0	0	35
-10	0	74	-10	0	36
-10	0	75	0	0	37
			-10	0	38

همان طور که مشاهده می شود حالت (۳) ترکیب حالت (۱) و حالت (۲) است.

اعضای خریای مذکور در بیست و نه گروه براساس مرجع [48] مطابق جدول (۶-۱۸) دسته بندی

شده اند.

جدول (۶-۱۸) - گروه بندی اعضا خریای ۲۰۰ میله ای

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

مقاطع موجود در مرجع [48] جهت بهینه یابی خریای مذکور از مرجع [49] انتخاب می شود. لیست

پروفیل های موجود ک براساس مرجع [49] بشرح زیر است:

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

در این مثال ، برای یافتن طرح بهینه وزن خرپا با فرض ثابت بودن توپولوژی سازه ، پارامترهای جزایر الگوریتم پیشنهادی (M.S.A) به شرح زیر در نظر گرفته می شود:

جدول (۶-۱۹) - پارامترهای M.S.A برای خرپای ۲۰۰ میله ای

پارامترهای جزایر روش جستجوی چند منظوره				
جزیره (۱)				
روش انتخاب: روش تورنومنت با مرتبه (3)	پیوند دو نقطه ایی	نرخ ادغام: 0.85	نرخ جهش: 0.045	
جزیره (۲)				
روش انتخاب: روش تورنومنت با مرتبه (2)	پیوند یکنواخت	نرخ ادغام: 0.75	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.009	کمترین میزان نرخ جهش: 0.001
جزیره (۳)				
روش انتخاب: چرخ گردان	پیوند تک نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.9	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.05	کمترین میزان نرخ جهش: 0.01
جزیره (۴)				
روش انتخاب: روش رتبه بندی	پیوند دو نقطه ایی و عمل معکوس سازی	نرخ ادغام-معکوس سازی: 0.8	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.04	کمترین میزان نرخ جهش: 0.02
جزیره (۵)				
روش انتخاب: روش پیشنهادی کلات جاری	پیوند دو نقطه ایی و عمل حذف و تولید مجدد	نرخ ادغام-حذف و تولید مجدد: 0.95	بیشترین میزان نرخ جهش: 0.03	کمترین میزان نرخ جهش: 0.003
پارامترهای عمومی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
تعداد اعضای جمعیت: 290	ثابت K: 15	تعداد مراحل نسل سازی: 10000		
پارامترهای اختصاصی الگوریتم جستجوی چند منظوره				
نرخ مهاجرت: 50		وقفه مهاجرت: 100		

در این صورت نتایج طرح بهینه ، در قیاس با نتایج مرجع [48] بشرح جدول (۶-۲۰) می باشد.

جدول (۶-۲۰) - نتایج طرح بهینه خریای ۲۰۰ میله ای

شماره گروه	نتایج طرح بهینه براساس مراجع نامبرده			
	Toğan and Daloğlu	Thierauf and Cai	Coello and Christiansen	الگوریتم پیشنهادی (M.S.A)
1	0.347	-	-	0.347
2	1.081	-	-	0.954
3	0.1	-	-	0.1
4	0.1	-	-	0.1
5	2.142	-	-	2.142
6	0.347	-	-	0.347
7	0.1	-	-	0.1
8	3.565	-	-	3.131
9	0.347	-	-	0.1
10	4.805	-	-	4.805
11	0.44	-	-	0.44
12	0.44	-	-	0.347
13	5.952	-	-	5.952
14	0.347	-	-	0.1
15	6.572	-	-	6.572
16	0.954	-	-	0.954
17	0.347	-	-	0.347
18	8.525	-	-	8.525
19	0.1	-	-	0.1
20	9.3	-	-	9.3
21	0.954	-	-	0.954
22	1.764	-	-	1.488
23	13.3	-	-	13.3
24	0.347	-	-	0.347
25	13.3	-	-	13.3
26	2.142	-	-	2.697
27	4.805	-	-	3.813
28	9.3	-	-	8.525
29	17.17	-	-	17.17
وزن (lb)	28544.014	29737	36167.73	28038.56

همان طور که مشاهده می شود ، الگوریتم پیشنهادی (M.S.A) طرح بهینه سبک تری نسبت به دیگر مراجع نامبرده نتیجه داده است. لازم به ذکر است که طرح بهینه مرجع [48] در عضو ۱۸۸ دارای نقض قید تنش می باشد ؛ در صورتی که طرح بهینه حاضر ، هیچ گونه نقض قیدی ندارد.

۱-۷ مقدمه

در این فصل به بیان خلاصه ای از نتایج و دستاوردهای حاصل از این پایان نامه پرداخته می شود. همچنین با ارائه پیشنهاداتی ، راه های آتی جهت ادامه پژوهش در این زمینه مطرح می گردد. هدف از این پایان نامه ارائه الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) جهت بهینه یابی سازه های خرپایی با استعانت از روش های نوین الگوریتم ژنتیک است. در این راستا نتایجی بشرح زیر حاصل شده است.

۲-۷ نتایج

نتایج بدست آمده به شرح زیر می باشد:

۱. الگوریتم مطروحه با استعانت از شیوه پیشنهادی روش جستجوی چند منظوره (M.S.M) ، در نیل به نقطه کمینه داری سرعت همگرایی چشمگیری می باشد. بدین سان مسئله سرعت فرآیند بهینه یابی از طریق الگوریتم های ژنتیک تا حدودی حل شده است. در واقع به دلیل

آن که جمعیت اصلی به زیرجمعیت های کوچکتری تقسیم می شوند و هر جزیره مسئول پرورش زیرجمعیت مربوط به خود می باشد؛ لذا سرعت همگرایی در هر یک از جزایر به سبب کوچکی جمعیت محوله، بطور فزاینده ای رشد می نماید.

۲. با استعانت از شیوه توزیع جزیره ای در الگوریتم پیشنهادی (M.S.A)، جواب های الگوریتم مطروحه، از تنوع خاص برخوردارند. لذا فضای طراحی با طیف بیشتری مورد کاوش قرار می گیرد. به عبارت دیگر به دلیل تفاوتی که در ساختار هر یک از جزایر وجود دارد، فضای طراحی با شیوه های مختلف، بطور هوشمندی جستجو می شود. این مسئله سبب می شود تا حتی الامکان الگوریتم در بهینه محلی به دام نیفتد و با آهنگی ثابت و پایدار به سمت بهینه سراسری حرکت نماید.

۳. در الگوریتم های متداول GA به دلیل تأثیر پارامترها و روابط حاکم بر الگوریتم، در برخی مواقع بهینه نسبی حاصل می شود که این موضوع سبب می شود؛ در برخی اذهان الگوریتم ژنتیک روشی تصادفی تلقی شود. اما الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) به سبب بی نیازی نسبی که نسبت به پارامترهای و روابط حاکم بر GA دارد، از اجراهای متوالی برنامه جهت نیل به نقطه کمینه سراسری مبری بوده و با آهنگی ثابت و مطمئن به سمت نقطه کمینه سراسری حرکت می نماید.

۴. از آن جاکه بهترین کروموزوم های هر جزیره در مرحله مهاجرت به جزایر دیگر فرستاده شده و جایگزین کروموزوم های نا لایق و نا بارور در جزیره مقصد می شوند؛ مفهوم نخبه گرایی بطور غیرمستقیم بر فضای الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) سایه افکنده است. به عبارت دیگر بدین سان بهترین های جزایر در روند بهینه یابی حفظ می شوند، تا میزان شایستگی رشدی صعودی داشته باشد.

۵. استفاده از شیوه ذخیره سازی نواری و حل دستگاه معادلات به روش چولسکی سبب افزایش سرعت عملیات تحلیل و بالطبع افزایش سرعت عملیات بهینه یابی از طریق GA، می شود.

۶. نتایج توپولوژی بهینه به سازه مبنا با تعداد گره های مفروض بستگی دارد. در این پایان نامه استفاده از گراف پایه ستاره ای به عنوان سازه مبنای مناسب پیشنهاد شده است. تمهیدات فوق و دستورالعمل های جنبی دیگر که در پایان نامه حاضر ، با جزئیات بیشتر تشریح شده است، سبب می شود که عملیات بهینه یابی توسط GA با سرعت بیشتر و حجم عملیات عددی کمتر دنبال شود و احتمال حصول بهینه عمومی افزایش یابد.

۳-۷ پیشنهادات

۱. استفاده از الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) در بهینه یابی دیگر سازه های همچون تیوروق ها ، سازه های فضاکار ، سازه های اسکلتی و
۲. بهینه یابی پیکربندی سازه های خرپایی متشکل از سطح مقطع ، توپولوژی و هندسه خرپا براساس الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A).
۳. استفاده از استراتژی جمعیت اولیه مناسب در شروع عملیات بهینه یابی با استفاده از الگوریتم پیشنهادی (M.S.A).
۴. استفاده از دیگر روش های بهینه سازی ، همچون هارمونی سرچ ، آنت کلونی و ... در هر یک از جزایر.
۵. استفاده از تفکر جدید نانو ژنتیک^{۲۳۴} برای الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A).
۶. اختصاص روش های پیشنهاد شده توسط سایر محققین به هر جزیره و کنترل نحوه انجام مناسب هر یک در طول نسل سازی معین و ادغام نتایج مناسب جزایر و ادامه نسل سازی براساس روش برتر.

²³⁴ . Nano Genetic Algorithm (NGA)

پیوست-۱ تشکیل و ذخیره سازی ماتریس سختی

در ذخیره سازی و تشکیل ماتریس سختی سازه ها روش های گوناگون و متنوعی وجود دارد. در این پایان نامه به بررسی دو روش ذخیره سازی نواری^{۲۳۵} و ذخیره سازی اسکایلاین^{۲۳۶} پرداخته شده است. سرعت عمل و کارایی هر یک از روش های فوق به کمک نرم افزار ویژوال بیسک تست و بررسی شده است و سریعترین و بهینه ترین آن ها برای الگوریتم جستجوی چند منظوره به کار گرفته شده است. لازم به ذکر است که سرعت عمل و کارایی دو روش فوق به هنگام حل معادله مشخص می شود.

پیوست-۱-۱ ذخیره سازی نواری

یکی از شیوه های مرسوم جهت ذخیره سازی ماتریس سختی سازه ها ، ذخیره سازی نواری است. در قدم نخست ، جهت افزایش سرعت عملیات بهینه یابی ، می توان برای تشکیل ماتریس سختی و ذخیره

²³⁵ . Banded Storage Method

²³⁶ . Skyline Storage Method

سازی بهینه آن ، با استعانت از خاصیت تقارن ماتریس سختی سازه ها ، بر اساس رابطه (پ-۱) ، به ذخیره سازی تنها نیمی از ماتریس سختی بسنده نمود.

$$k_{ij} = k_{ji} \quad (\text{پ-۱})$$

در رابطه (پ-۱) k_{ij} درایه سطر i ام از ستون j است. بر اساس این رابطه درایه سطر i ام از ستون j با درایه سطر j ام از ستون i ام ماتریس سختی یک خرپا برابر است.

بنابراین بر اساس رابطه (پ-۱) تنها محاسبه نیمی از درایه های ماتریس سختی کل سازه در فرآیند بر هم نهی^{۲۳۷} ماتریس های سختی هر یک از اعضای سازه ، لازم می باشد. شکل (پ-۱) این مطلب را نشان می دهد.

$$[K] = \begin{bmatrix} k_{11} & k_{12} & k_{13} & k_{14} \\ k_{21} & k_{22} & k_{23} & k_{24} \\ k_{31} & k_{32} & k_{33} & k_{34} \\ k_{41} & k_{42} & k_{43} & k_{44} \end{bmatrix} \Rightarrow [K] = \begin{bmatrix} k_{11} & k_{12} & k_{13} & k_{14} \\ & k_{22} & k_{23} & k_{24} \\ & & k_{33} & k_{34} \\ & & & k_{44} \end{bmatrix}$$

شکل (پ-۱) - خاصیت تقارن در ماتریس سختی سازه ها

از سوی دیگر ماتریس سختی سازه ، یک ماتریس نواری است. در یک ماتریس نواری^{۲۳۸} ، تمامی عناصر غیر صفر در درون یک نوار قرار گرفته و همه عناصر خارج از نوار صفر می باشند. بنابراین می توان در ذخیره سازی ماتریس سختی از این خاصیت بهره جست. از آن جایی که فقط به ذخیره سازی عناصر غیر صفر نیاز می باشد ، لذا تنها به ذخیره سازی نوار مورد نظر اکتفا می شود. از طرفی دیگر با توجه به خاصیت تقارن در ماتریس سختی ، می توان تنها نیمی از نوار مورد نظر را ذخیره نمود. که به نصف پهنای نوار (نصف

²³⁷ . Assemble

²³⁸ . Banded Matrix

پهنای باند)^{۲۳۹} شهرت دارد و با nbw نمایش داده می شود. نحوه ذخیره سازی یک ماتریس سختی متقارن و نواری در شکل (پ-۲) نشان داده شده است.

$$\begin{array}{c}
 \xleftrightarrow{nbw = 3} \\
 [K] = \begin{bmatrix}
 k_{11} & k_{12} & k_{13} & 0 & 0 & 0 \\
 & k_{22} & k_{23} & k_{24} & 0 & 0 \\
 & & k_{33} & 0 & k_{35} & 0 \\
 & & & k_{44} & 0 & k_{46} \\
 & & & & k_{55} & k_{56} \\
 & & & & & k_{66}
 \end{bmatrix} \Rightarrow [K'] = \begin{bmatrix}
 k'_{11} = k_{11} & k'_{12} = k_{12} & k'_{13} = k_{13} \\
 k'_{21} = k_{22} & k'_{22} = k_{23} & k'_{23} = k_{24} \\
 k'_{31} = k_{33} & k'_{32} = 0 & k'_{33} = k_{35} \\
 k'_{41} = k_{44} & k'_{42} = 0 & k'_{43} = k_{46} \\
 k'_{51} = k_{55} & k'_{52} = k_{56} & k'_{53} = 0 \\
 k'_{61} = k_{66} & k'_{62} = 0 & k'_{63} = 0
 \end{bmatrix}
 \end{array}$$

شکل (پ-۲) - نحوه ذخیره سازی ماتریس متقارن در یک ماتریس نواری

همان طور که در شکل (پ-۲) مشاهده می شود؛ مقدار $nbw = 3$ است. لذا می توان، عناصر ماتریس متقارن نواری $[K]$ با ابعاد $(۶*۶)$ را در ماتریس $[K']$ با ابعاد $(۳*۳)$ ذخیره نمود. این عمل تا حد زیادی سرعت فرآیند بهینه یابی را افزایش می دهد.

باید توجه داشت که nbw برای ماتریس سختی یک خرپا، در دستگاه مختصات سراسری^{۲۴۰} بر اساس روابط (پ-۲) و (پ-۳) بشرح زیر محاسبه می شود [52]:

$$nbw = \max[m_e] \quad ; \quad 1 \leq e \leq ne \quad (\text{پ-۲})$$

که

²³⁹ . Half-bandedwidth
²⁴⁰ . Global Coordinates

$$m_e = N_{dof} [(i - j) + 1] \quad (\text{پ-۳})$$

می باشد. به عبارت دیگر حداکثر مقدار محدوده ی وابسته به المان e در ماتریس سختی سراسری بر اساس رابطه (پ-۳) محاسبه می شود. در رابطه (پ-۳) i شماره گره ابتدایی و j شماره گره انتهایی عضو m_e در دستگاه مختصات سراسری است. N_{dof} برابر تعداد درجات آزادی فعال هر گره است که در یک خرپا مستوی برابر دو و برای خرپای فضایی برابر سه است.

اما مسئله اساسی در ذخیره سازی نوار ، نحوه آدرس دهی درایه های ماتریس سختی $[K']$ جهت حل دستگاه معادلات و یا بررسی پایداری داخلی ، بر اساس ماتریس سختی $[K]$ است.

همان طور که در شکل (پ-۲) بارز است ؛ قطر اصلی ماتریس سختی $[K]$ یا اولین قطر ماتریس سختی $[K]$ در شکل (پ-۲) معادل اولین ستون در ماتریس $[K']$ در شکل (پ-۲) است. در حالت کلی می توان گفت ، که p امین قطر ماتریس $[K]$ در p امین ستون ماتریس $[K']$ ذخیره می شود. بطور کلی تناظر بین عناصر ماتریس های $[K]$ و $[K']$ توسط رابطه زیر ارائه می شود [52]:

$$k_{ij} = k'_{i(j-i+1)} \quad ; \quad j > i \quad (\text{پ-۴})$$

در رابطه فوق به دلیل آن که ماتریس سختی $[K]$ یک ماتریس بالا مثلثی است ، همواره $j > i$ است.

پیوست ۱-۲ ذخیره سازی اسکایلاین

از دیگر شیوه های مرسوم جهت ذخیره سازی ماتریس سختی سازه ها ، ذخیره سازی اسکایلاین است. این روش نیز همچون ذخیره سازی نواری ، نیازمند تقارن ماتریس مورد نظر می باشد. اساس کار بدین ترتیب است که در قدم نخست برای تشکیل ماتریس سختی و ذخیره سازی بهینه آن ، با استعانت از

خاصیت تقارن ماتریس سختی سازه ها ، بر اساس رابطه (پ-۱) ، به ذخیره سازی تنها نیمی از ماتریس سختی اکتفا می شود. بنابراین ماتریس $[K]$ به شکل زیر تعریف می شود:

$$[k] = \begin{bmatrix} k_{11} & k_{12} & k_{13} & k_{14} & k_{15} & k_{16} \\ k_{21} & k_{22} & k_{23} & k_{24} & k_{25} & k_{26} \\ k_{31} & k_{32} & k_{33} & k_{34} & k_{35} & k_{36} \\ k_{41} & k_{42} & k_{43} & k_{44} & k_{45} & k_{46} \\ k_{51} & k_{52} & k_{53} & k_{54} & k_{55} & k_{56} \\ k_{61} & k_{62} & k_{63} & k_{64} & k_{65} & k_{66} \end{bmatrix} \Rightarrow [k] = \begin{bmatrix} k_{11} & k_{12} & k_{13} & k_{14} & k_{15} & k_{16} \\ & k_{22} & k_{23} & k_{24} & k_{25} & k_{26} \\ & & k_{33} & k_{34} & k_{35} & k_{36} \\ & & & k_{44} & k_{45} & k_{46} \\ & & & & k_{55} & k_{56} \\ & & & & & k_{66} \end{bmatrix}$$

شکل (پ-۳) - خاصیت تقارن در ماتریس سختی سازه ها

سپس در ادامه به ذخیره سازی درایه های ماتریس بالا مثلثی بر اساس شیوه ذخیره سازی اسکایلاین ، بشرح زیر پرداخته می شود:

در صورت وجود اعداد صفر در بالای یک ستون در ماتریس بالا مثلثی ، تنها عناصر شروع شونده از اولین مقدار غیر صفر نیازمند ذخیره سازی می باشند. خط جداکننده ی صفرهای بالای اولین عنصر غیر صفر ، خط افق یا اسکایلاین نامیده می شود [52]. این مطلب در شکل (پ-۴) نشان داده شده است.

$$[K] = \begin{bmatrix} k_{11} & k_{12} & k_{13} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ & k_{22} & k_{23} & 0 & 0 & k_{26} & 0 \\ & & k_{33} & k_{34} & 0 & k_{36} & 0 \\ & & & k_{44} & k_{45} & 0 & 0 \\ & & & & k_{55} & k_{56} & k_{57} \\ & & & & & k_{66} & k_{67} \\ & & & & & & k_{77} \end{bmatrix}$$

شکل (پ-۴) - خط افق در شیوه ذخیره سازی اسکایلاین

سپس در ادامه به ذخیره سازی ستون های فعال ماتریس فوق پرداخته شده است. اعضای ستون های فعال ماتریس سختی در یک بردار ستونی با عنوان A و یک بردار نشانگر به نام ID ذخیره می شود [52]. این دو بردار در شکل (پ-۵) نشان داده شده است [39].

$$\begin{array}{c}
 \left[\begin{array}{c} k_{11} \\ k_{12} \\ k_{22} \\ k_{13} \\ k_{23} \\ k_{33} \\ k_{34} \\ k_{44} \\ \vdots \\ k_{57} \\ k_{67} \\ k_{77} \end{array} \right] \begin{array}{c} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \\ 6 \\ 7 \\ 8 \\ \vdots \\ 16 \\ 17 \\ 18 \end{array} \\
 A =
 \end{array}
 \quad \& \quad
 \begin{array}{c}
 ID = \left[\begin{array}{c} 1 \\ 3 \\ 6 \\ 8 \\ 10 \\ 15 \\ 18 \end{array} \right] \begin{array}{c} 1 \\ 2 \\ 3 \\ 4 \\ 5 \\ 6 \\ 7 \end{array}
 \end{array}$$

شکل (پ-۵) - بردارهای A و ID در روش ذخیره سازی اسکایلاین

موقعیت درایه k_{mn} از ماتریس سختی $[K]$ در بردار A ، براساس بردار نشانگر ID بشرح رابطه (پ-۵) بررسی می شود [39]:

$$i = ID(n) - |(n - m)| \quad (\text{پ-۵})$$

در رابطه فوق i موقعیت درایه k_{mn} در بردار A است. به عنوان مثال موقعیت درایه k_{57} در بردار A بشرح زیر محاسبه می شود:

$$i = ID(7) - |(7 - 5)| \Rightarrow i = 18 - 2 \Rightarrow i = 16 \quad (\text{پ-۶})$$

همان طور که در شکل (پ-۵) مشاهده می شود؛ 16 امین عضو بردار A درایه k_{57} است. رابطه (پ-۵) در برنامه نویسی برای آدرس دهی جهت حل دستگاه معادلات بسیار مفید و سودمند می باشد.

کارآیی هر یک از دو روش ذخیره سازی فوق به هنگام حل دستگاه معادلات آزموده می شوند. برای نیل به این هدف کلیه شیوه های حل دستگاه معادلات که در این پایان نامه بررسی شده ، به شرح زیر مورد بحث قرار می گیرد.

پیوست ۲- حل دستگاه معادلات در الگوریتم جستجوی چند منظوره

در برنامه های متداول تحلیل سازه ها ، حل دستگاه معادله $KX = F$ ، توسط روش حذفی گوس^{۲۴۱} انجام می گیرد. در این پایان نامه ، ابتدا روش حذفی گوس برطبق دو شیوه ذخیره سازی نواری و اسکایلاین مورد بررسی قرار گرفت. نکات حائز اهمیت در این بررسی ، سرعت عملیات تحلیل سازه ها و فضای مورد نیاز جهت ذخیره سازی ماتریس سختی است. بر این اساس ، روش ذخیره سازی نواری با آن که حافظه بیشتری نسبت به ذخیره سازی اسکایلاین برای ذخیره سازی ماتریس سختی اشغال می نماید ؛ اما از سرعت عمل بیشتری در فرآیند تحلیل برخوردار است. علت این امر به شیوه آدرس دهی و محاسبات لازم جهت معرفی موقعیت درایه های ماتریس مادر ، در دو شیوه ذخیره سازی مطرحه برمی گردد. در ذخیره سازی اسکایلاین تشکیل بردارهای A و ID و محاسبات لازم جهت ارتباط مابین آن دو و ارتباط با ماتریس $[K]$ ، عموماً وقت گیر است. اما در ذخیره سازی نواری ارتباط فی مابین ماتریس $[K]$ و $[K']$ به راحتی بر طبق رابطه (پ-۴) صورت می گیرد.

در هر صورت ممکن است عوامل دیگری نیز در این اختلاف نقش داشته باشند که از نظر ما پنهان مانده باشد. اما هدف در این پایان نامه بررسی شیوه های ذخیره سازی نیست. بنابراین به همین اندازه اکتفا نموده و شیوه ذخیره سازی نواری به عنوان روش برتر انتخاب می شود. در ادامه به بررسی مختصر روش حذفی گوس جهت حل دستگاه معادلات پرداخته شده است.

²⁴¹ . Gauss Elimination Method

پیوست ۱-۲ روش حذفی گوس

روش حذفی گوس نامی است که به روشی خوش فهم جهت حل دستگاه معادلات، با حذف متوالی مجهولات به کار می رود [52]. اساس این روش بشرح زیر می باشد:

دستگاه معادلات خطی به شکل ماتریس زیر را موجود می باشد.

$$AX = B \quad (\text{پ-۷})$$

اگر K یک ماتریس $(n \times n)$ و B و A بردارهایی به ابعاد $(n \times 1)$ باشند و نیز $\det A \neq 0$ باشد؛ آن گاه جواب منحصر بفردی برای A به صورت زیر بدست می آید:

$$X = A^{-1}B \quad (\text{پ-۸})$$

برای بررسی این روش در قالب یک فرمولبندی کلی، جهت برنامه نویسی و اجرای کامپیوتری، دستگاه معادله زیر در نظر گرفته می شود:

$$\begin{bmatrix} k_{11} & k_{12} & \dots & k_{1j} & \dots & k_{1n} \\ k_{21} & k_{22} & \dots & k_{2j} & \dots & k_{2n} \\ \vdots & \vdots & & \vdots & & \vdots \\ k_{i1} & k_{i2} & \dots & k_{ij} & \dots & k_{in} \\ \vdots & \vdots & & \vdots & & \vdots \\ k_{n1} & k_{n2} & \dots & k_{nj} & \dots & k_{nn} \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_i \\ \vdots \\ x_n \end{Bmatrix} = \begin{Bmatrix} f_1 \\ f_2 \\ \vdots \\ f_i \\ \vdots \\ f_n \end{Bmatrix} \quad (\text{پ-۹})$$

عملیات حذفی گوس با حذف متوالی ضریب متغیرهای x_1, x_2, \dots, x_{n-1} آغاز می شود؛ به طوریکه در انتهای فرآیند، فقط یک متغیر x_n در سمت چپ معادله n ام باقی می ماند. که به راحتی قابل محاسبه است.

از آن جایکه در نهایت امر ، یک ماتریس بالا مثلثی با ضرایب تحویل یافته در سمت چپ معادله و یک بردار تحویل یافته در سمت راست معادله حاصل می گردد، این روند را حذف پیشرو می نامند. طرح کلی تحویل ماتریس $[K]$ و بردار $\{F\}$ با در نظر گرفتن حدود اندیس ها به صورت زیر ارائه می شود [52]:

$$k_{ij}^{(p)} = k_{ij}^{(p-1)} - \frac{k_{ip}^{(p-1)}}{k_{pp}^{(p-1)}} k_{pj}^{(p-1)} \quad i, j = p+1, \dots, n \quad (پ-۱۰)$$

$$f_i^{(p)} = f_i^{(p-1)} - \frac{k_{ip}^{(p-1)}}{k_{pp}^{(p-1)}} f_p^{(p-1)} \quad i = k+1, \dots, n \quad (پ-۱۱)$$

روابط فوق مربوط به p امین مرحله تحویل است. بعد از $(n-1)$ مرحله تحویل بر اساس روابط فوق ، رابطه (پ-۹) به صورت زیر در می آید [52]:

$$\begin{bmatrix} k_{11} & k_{12} & \dots & k_{1j} & \dots & k_{1n} \\ & k_{22}^{(1)} & \dots & k_{2j}^{(1)} & \dots & k_{2n}^{(1)} \\ & & \ddots & \vdots & & \vdots \\ & & & k_{ij}^{(i-1)} & \dots & k_{in}^{(i-1)} \\ \text{متقا} & & & & \ddots & \vdots \\ & & & & & k_{nn}^{(n-1)} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_i \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2^{(1)} \\ \vdots \\ f_i^{(i-1)} \\ \vdots \\ f_n^{(n-1)} \end{bmatrix} \quad (پ-۱۲)$$

پس از فرآیند تحویل ، با استعانت از روند جایگذاری از پایین ، تعیین متوالی متغیرهای $x_1, x_2, \dots, x_{n-1}, x_n$ به آسانی بر طبق روابط زیر صورت می پذیرد [52]:

$$x_n = \frac{f_n}{k_{nn}} \quad (پ-۱۳)$$

$$x_i = \frac{f_i - \sum_{j=i+1}^n k_{ij} x_j}{k_{ii}} \quad i = n-1, n-2, \dots, 1 \quad (پ-۱۴)$$

در نهایت عملیات حذفی گوس تکمیل می شود. لازم به ذکر است که فرمولبندی فوق در شرایطی که از ذخیره سازی نواری استفاده شود ، با توجه به رابطه (پ-۴) تغییر می نماید.

روش حذفی گوس از نقطه نظر محاسباتی گران بوده و مستعد خطاهای ناشی از گرد کردن و ... می باشد. از سوی دیگر روش حذفی گوس یک روش کلی برای حل دستگا های معادلات می باشد و از خواص ماتریس سختی بهره نمی جوید. روش LU که در زیر بشرح آن پرداخته شده است ؛ برای حل دستگاه معادله $[K]\{X\} = \{F\}$ براساس معین مثبت بودن ، ماتریس $[K]$ پی ریزی شده است.

پیوست ۲-۲ روش LU

روش LU ، حالت تعمیم یافته روش حذفی گوس می باشد که براساس خاصیت معین مثبت بودن ماتریس $[K]$ در معادله $[K]\{X\} = \{F\}$ عمل می نماید. در روش LU ، ابتدا ماتریس $[K]$ به دو ماتریس $[L]$ و $[U]$ تجزیه می شود. ماتریس $[U]$ یک ماتریس بالا مثلثی و ماتریس $[L]$ یک ماتریس پایین مثلثی می باشد. بنابراین معادله $[K]\{X\} = \{F\}$ به شکل زیر در می آید:

$$[L][U]\{X\} = \{F\} \quad (\text{پ-۱۵})$$

اعضای ماتریس های $[U]$ و $[L]$ بشرح روابط زیر محاسبه می شود [39]:

$$l_{j1} = \frac{k_{j1}}{u_{11}} \quad (\text{پ-۱۶})$$

$$l_{ji} = \frac{k_{ji} - \sum_{m=1}^{i-1} l_{jm} u_{mi}}{u_{ii}} \quad \text{for} \quad i = 2, 3, \dots, j-1 \quad (\text{پ-۱۷})$$

$$u_{1j} = k_{1j} \quad (\text{پ-۱۸})$$

$$u_{ij} = k_{ij} - \sum_{m=1}^{i-1} l_{im} u_{mj} \quad \text{for} \quad i = 2, 3, \dots, j-1 \quad (\text{پ-۱۹})$$

حال اگر حاصل عبارت $[U]\{X\}$ در قالب بردار $\{Z\}$ تعریف شود؛ معادله (پ-۱۵) به صورت زیر در می آید [52]:

$$[L]\{Z\} = \{F\} \quad (\text{پ-۲۰})$$

که مقادیر بردار $\{Z\}$ در معادله (پ-۲۰) به راحتی براساس روابط زیر حاصل می شود:

$$z_1 = f_1 \quad (\text{پ-۲۱})$$

$$z_i = f_i - \sum_{j=1}^{i-1} L_{ij} z_j \quad i = 2, 3, \dots, n \quad (\text{پ-۲۲})$$

در نهایت با توجه به معادله $[U]\{X\} = \{Z\}$ ، به راحتی می توان مقادیر بردار $\{X\}$ را براساس روابط زیر بدست آورد [39]:

$$x_n = \frac{z_n}{u_{nn}} \quad (\text{پ-۲۳})$$

$$x_i = \frac{\left(z_i - \sum_{j=i+1}^n u_{ij} x_j \right)}{u_{ii}} \quad i = n-1, n-2, \dots, 1 \quad (\text{پ-۲۴})$$

لازم به ذکر است که تمامی روابط فوق جهت حل دستگاه معادله رابطه (پ-۱۲) می باشد و در صورتی که از ذخیره سازی نواری استفاده شود؛ روابط مطرحه با توجه به رابطه (پ-۴) اصلاح می گردد.

اما روش LU نیز از تمامی خواص ماتریس سختی K در حل دستگاه معادلات $KX = F$ استفاده نمی نماید. در واقع خاصیت تقارن ماتریس K نقشی در حل دستگاه معادلات به کمک روش LU ندارد. بنابراین در این پایان نامه از روشی تحت عنوان چولسکی^{۲۴۲} جهت حل دستگاه معادلات بهره می شود؛ که

²⁴². Cholesky

سرعت عملی منحصر بفردی در حل دستگاه معادلات داشته و از تمامی خواص ماتریس سختی سازه بهره می جوید.

پیوست ۲-۳ روش چولسکی

روش چولسکی مشابه روش LU در حل دستگاه معادلات می باشد، با این تفاوت که ماتریس $[K]$ در روش LU به دو ماتریس $[L]$ و $[U]$ تجزیه می شود؛ اما در روش چولسکی با استفاده از خاصیت تقارن در ماتریس $[K]$ رابطه زیر برقرار است [53]:

$$[K] = [L][L]^T \quad (\text{پ-۲۵})$$

براین اساس تنها ذخیره سازی نصف ماتریس $[K]$ (ذخیره سازی نواری) و $[L]$ نیاز است و بالطبع در بیشتر حالات زمان لازم جهت محاسبات نیز نصف می شود.

اعضای ماتریس $[L]$ در روش چولسکی برای i امین ردیف براساس روابط زیر بدست می آید [53]:

$$l_{ij} = \frac{k_{ij} - \sum_{k=1}^{j-1} l_{jk} l_{ik}}{l_{ji}} \quad \text{for } j=1, 2, \dots, k-1 \quad k > i \quad (\text{پ-۲۶})$$

$$l_{ii} = \sqrt{\left(k_{ii} - \sum_{k=1}^{i-1} l_{ik}^2 \right)} \quad (\text{پ-۲۷})$$

ادامه عملیات جهت حل دستگاه معادلات $[K]\{X\} = \{F\}$ مشابه روش LU می باشد. در صورت ذخیره سازی نواری در روش چولسکی نیز، می بایست روابط براساس رابطه (پ-۴) اصلاح شود. در الگوریتم مطرحه روابط (پ-۲۶) و (پ-۲۷) براساس رابطه (پ-۴) اصلاح شده است.

در پایان نامه حاضر برای حل دستگاه معادله در بخش تحلیل سازه از روش چولسکی استفاده شده است. همان طور که بیان شد؛ برای ذخیره سازی ماتریس سختی نیز از روش ذخیره سازی نواری استفاده شده است. ترکیب این دو در بخش تحلیل، نیازمند آدرس دهی صحیح می باشد که براساس رابطه (پ-۴) شکل می گیرد.

پیوست-۳

CD حاوی برنامه الگوریتم جستجوی چند منظوره (M.S.A) در پشت جلد پایان نامه موجود می باشد.

فهرست مراجع



[1] هفته آ. تی و گوردال زد. (۱۳۸۲). " مبانی بهینه سازی سازه ها ". ابوالبشری م. ح. چاپ اول ، دانشگاه فردوسی مشهد ، مشهد.

[2] Hassani B. and Hinton E. (1999). "Homogenization and Structural Topology Optimization". Springer.

[3] علیرضا م. (۱۳۸۶). " مقدمه ای بر الگوریتم های ژنتیک و کاربردهای آن ". چاپ دوم ، شرکت ناقوس اندیشه ، تهران.

[4] رضایی ع. و رنجبران س. (۱۳۸۶). " آموزش کاربردی الگوریتم ژنتیک در نرم افزار Matlab ". چاپ اول ، کتاب پدیده ، تهران.

[5] <http://cs.felk.cvut.cz/~xobitko/ga.html>

[6] کلات جاری و. ر. (۱۳۸۰) ، رساله دکتری . " بهینه یابی خرپاها با استفاده از الگوریتم ژنتیک و روش جبری نیروها ". دانشکده عمران ، دانشگاه علم و صنعت ایران.

[7] Haupt R. L. and Haupt E. (2004). "Practical Genetic Algorithms". Second Edition, John Wiley and Sons, New York.

[8] Kaveh A. and Kalatjari V. (2002). "Genetic Algorithm for Discrete-Sizing Optimal Design of Trusses Using the Force Method", **International Journal of Numerical Methods in Engineering**. 55, pp 55-72.

[9] Rajeev S. and Krishnamoorthy C. S. (1992). "Discrete Optimization Of Structures Using Genetic Algorithms", **ASCE, Journal of Structural Engineering**. 118, 5, pp. 1233-1250.

[10] Rajan S. D. (1995). "Sizing, Shape, and Topology Optimization of Trusses Genetic Algorithms", **ASCE, Journal of Structural Engineering**, 121, 10, pp, 1480-1487.

[11] Erbatur F., Hasançebi O. Tütüncü I. and Kiliç, H. (2000). "Optimal Design of Planar and Space Structures with Genetic Algorithms", **Computers and Structures**, 75, pp, 209-224.

- [12] Goldberg D. E. (1989). **“Genetic Algorithm in Search, Optimization and Machine Learning”**. Addison-Wesley Publishing Co.
- [13] Mitchell M. (1999). **“An Introduction to Genetic Algorithms”**. MIT Press, ISBN 0-262-13316-4.
- [14] Haupt R. L. and Werner D. H. (2007). **“Genetic Algorithms in Electromagnetics”**. IEEE PRESS, ISBN 978-0-471-48889-7.
- [15] O'Reilly U. M., Yu T., Riolo R. and Worzel B. (2005). **“Genetic Programming Theory and Practice II”**. Springer Science + Business Media, Inc. Print ISBN 0-387-23253-2, e-Book ISBN 0-387-232534-0
- [16] Yang J. and Soh C. K. (1997). “Structural Optimization by Genetic Algorithms with Tournament Selection”. **ASCE, Journal of Computing In Civil Engineering**, 11, 3, pp. 195-200.
- [17] Sahab M. G., Toropov V. V. and Ashour A. F. (2004). “A Hybrid Genetic Algorithm for Structural Optimization Problems”. **Asian Journal of Civil Engineering (Building and Housing)**, 5, pp. 121-143.
- [18] Sivanandam S. N. and Deepa S. N. (2008). **“Introduction to Genetic Algorithms”**, Springer-Berlin Heidelberg New York, ISBN 978-3-540-73189-4.
- [19] Chipperfield A., Fleming P., Pohlheim H. and Fonseca C. (2008). **“Genetic Algorithm TOOLBOX for Use with MATLAB”**. Department of Automatic Control and Systems Engineering University of Sheffield.
- [20] Natick M. (2004). **“Genetic Algorithm and Direct Search Toolbox for Use with MATLAB”**. Math Work, Inc.
- [21] Michalewicz Z. (1996). **“Genetic Algorithm + Data Structures = Evolution Programs”**. Third Edition, Springer. New York. ISBN 3-540-60676-9.
- [22] Goldberg D. E. and Samtani M. P. (1986). “Engineering Optimization via Genetic Algorithm”. **ASCE, Proceedings of the Ninth Conference on Electronic Computations**, pp. 471-482.
- [23] Imai K. and Schmith L. A. (1981). “Configuration Optimization Of trusses”. **ASCE, Journal of Structural Division**, 107, pp. 745-756.
- [24] Ringertz U. T. (1985). “On topology optimization of trusses”. **Engineering Optimization**, 9, pp. 209-218.

- [25] Krish U. (1989). "Optimal topologies of truss structures". **Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering**, 72, pp. 15-28.
- [26] Grierson D. E. and Pak W. H. (1993). "Optimal sizing, geometrical and topological design using a genetic algorithm". **Structural Optimization**, 6, pp. 151-159.
- [27] Hajela P. and Lee E. (1995). "Genetic Algorithms in Truss Topological Optimization". **International Journal of Solids Structures**, 32, 22, pp. 3341-3357.
- [28] Ohsaki M. (1995). "Genetic Algorithms for topology optimization of trusses", **Computers and Structures**, 57, pp. 219-225.
- [29] Ohsaki M. (2001). "Random search method based on exact reanalysis for topology optimization of trusses with discrete cross-sectional areas", **Computers and Structures**, 79, pp. 673-679.
- [30] Rajeev S. and Krishnamoorthy C. S. (1997). "Genetic Algorithms-based methodology for design optimization of trusses". **ASCE, Journal of Structural Engineering**, 123, pp. 250-358.
- [31] Vázquez-Espí M. (1998). "Discussion on reference (30)". **ASCE, Journal of Structural Engineering**, pp. 979-981.
- [32] Chai S., Shi L. S. and Sun H. C. (1999). "An application of relative difference quotient algorithm to topology optimization of truss structures with discrete variables". **Structural Optimization**, 18, pp. 48-55.
- [33] Kaveh A., Sabaghian M. and Kalatjari V. (1999). "Optimal topology of trusses using the graph theory", **The First Conference of Iranian Society of Civil Engineers**, pp. 185-192.
- [34] Kaveh A. and Kalatjari V. (2003). "Topology Optimization of trusses using genetic algorithm force method and graph theory", **International Journal for Numerical Methods in Engineering**, 58 pp. 771-791.
- [35] Kaveh A. and Shahrouzi M. (2006). "Simultaneous topology and size optimization of structures by genetic algorithm using minimal length chromosome". **Engineering Computations International Journal for Computer-Aided Engineering and Software**, 23, 6, pp. 644-674.
- [36] Tang W., Tong L. and GU Y. (2005). "Improved genetic algorithm for design optimization of truss structures with sizing, shape and topology variables", **International Journal for Numerical Methods in Engineering**, 62 pp. 1737-1762.

[37] Šešok, D. and Belevičius, R. (2007). "Use of Genetic Algorithms in topology optimization of truss structures". ISSN 1392-1207. **MECHANIKA**. 2, 64.

[38] Rahami H., Kaveh A. and Gholipour Y. (2008). "Sizing, geometry and topology optimization of trusses via force method and genetic algorithm". **Engineering Structures**.

[39] Stasa F. L. (1985). "**Applied Finite Element Analysis for Engineers**". CBS, New York.

[40] Shrestha S. M. and Ghaboussi J. (1998). "Evolution of optimum structural shapes using genetic algorithm". **ASCE, Journal of Structural Engineering**, 124, 11.

[41] Tanimura Y., Hiroyasu T. and Miki M. (2001). "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.

[42] پری گ. و هتیوا س. (۱۳۸۰). "آموزش ویژوال بیسیک ۶ در ۲۴ ساعت". احترامی ب. چاپ اول، دانش نگار، تهران.

[43] خلیق غ. ر. (۱۳۸۵). "رایانه کار برنامه نویس زبان ویژوال بیسیک (Visual Basic 6.0)". چاپ دهم، انتشارات راهی - اشراقی، تهران.

[44] جعفرنژاد ق. و عباس نژاد ر. (۱۳۸۴). "آموزش گام به گام ویژوال بیسیک". چاپ هشتم، انتشارات علوم رایانه، تهران.

[45] Imam M. H. and Al-Shihri M. A. (2000). "A Primitive Crossover for Improving the Reliability of Genetic Algorithms for Structural Optimization". In **Computational Engineering Using Metaphors from Nature**, Civil-Comp Press, pp. 91-97.

[46] شاهین فر پ. (۱۳۸۵). "برنامه نویسی OpenGL در ویژوال بیسیک ۶". انتشارات مجازی PS-Ware (PS-Press).

[47] Nanakorn P. and Meesomklin K. (2001). "An adaptive Penalty function in genetic algorithms for structural design optimization". **Computers & Structures**, 79, pp. 2527-2539.

[48] Toğan V. and Daloğlu T. A. (2008). "An improved genetic algorithm with initial population strategy and self-adaptive member grouping". **Computers and Structures**, 86, pp. 1204-1218.

[49] Jenkins W.M. (2002). "A decimal-coded evolutionary algorithm for constrained optimization". **Computers and Structures**, 80, pp. 471-480.

[50] Thierauf G. and Cai J. (1998). "Parallelization of the Evolution Strategy for Discrete Structural Optimization Problems". **Computer-Aided Civil and Infrastructure Engineering**, 13, pp. 23-30.

[51] Coello C.A. and Christiansen A.D. (2000). "Multiobjective optimization of trusses using genetic algorithms". **Computers and Structures**, 75, pp. 647-660.

[52] چاندروپاتلا تی. آر. و بلگوندو ای. دی. (۱۳۸۰). "مقدمه ای بر المانهای محدود در مهندسی". زگوی ج. چاپ اول، ناشر دانشگاه محقق اردبیلی با همکاری نشر شیخ صفی اردبیلی. اردبیل.

[53] Chapra S. C. and Raymond P. C. (2002). "**Numerical Methods in Engineering with Software and Programming Applications**". Fourth Edition, Tata McGraw-Hill, ISBN 0-07-047437-0

[54] Deb K. and Gulati S. (2001). "Design of truss-structures for minimum weight using genetic algorithms". **FINITE ELEMENTS IN ANALYSIS AND DESIGN**, 37, pp. 447-465.

[55] Zalzala A. M. S. and Fleming P. J. (1997). "**Genetic algorithm in engineering System**". The Institution of Electrical Engineers, London, ISBN 0 85296 902 3.

[56] Bazaraa M. S. Sherali H. D. and Shetty C. M. (2006). "**Nonlinear Programming Theory and Algorithms**". 3rd Edition, John Wiley and Sons, New Jersey.

[57] آذر ج. ج. (۱۳۶۶). "تئوری ماتریسی سازه ها". کاوه ع. چاپ دوم، چاپ نیما،

[58] Lee K. S. and Geem Z. W. (2004). "A New Structural Optimization Method Based On the Harmony Search". **Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering**, 82, pp. 781-798.

[59] Lee K. S. and Geem Z. W. (2005). "A New Meta-Heuristic Algorithm for Continuous Engineering Optimization: Harmony Search Theory and Practice". **Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering**, 194, pp. 3902-3933.

[60] Chambers L. D. (2001). **“The Practical Handbook of GENETIC ALGORITHMS Applications”**,
Second Edition, CHAPMAN & HALL/CRC, Washington, D.C. ISBN 1-58488-2409-9