

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



دانشگاه صنعتی شاهرود
دانشکده مهندسی عمران و معماری
گروه عمران

بهینه یابی قابهای مستوی با استفاده از الگوریتم ژنتیک و روشهای ترکیباتی نیروها

پایان نامه برای دریافت درجه کارشناسی ارشد
رشته مهندسی عمران - گرایش سازه

استاد راهنما: دکتر وحیدرضا کلات جاری

دانشجو: کیوان واحدی

بهار ۸۴

تقديم به

غيرت الله، عباس ابن حيدر (ع)

تقديم به

پدر و مادر فداکار و مهربانم

با تشکر از

استاد اخلاق و معرفت، جناب آقای دکتر وحید رضا کلات جاری

و با تشکر از سرورانی که در به انجام رسانیدن این پایان نامه مرا یاری نمودند:

- جناب آقای مهندس بهمن خسروانی
- جناب آقای مهندس آرمان واحدی
- جناب آقای مهندس مهدی جوهرزاده
- جناب آقای مهندس علی هوشیار
- جناب آقای پروفسور علی کاوه
- جناب آقای دکتر سیادت نژاد

چکیده

بهینه یابی سطح مقطع اعضا، توپولوژی و هندسه سازه ها همواره مورد توجه مهندسان ساختمان بوده است. لزوم حصول نتایج مناسب و کاهش حجم و زمان عملیات بهینه یابی باعث گردیده است محققان روشها و الگوریتمهای متنوعی در این راستا ارائه دهند. الگوریتم ژنتیک یکی از مطرح ترین روشهای بهینه یابی است. در این پایان نامه سعی شده است با استفاده از مدل سازی قابهای دوبعدی بصورت مدل گراف و بهره گیری از روشهای ترکیباتی نیروها برای تحلیل سازه، حجم عملیات عددی و فضای ذخیره سازی کاهش یابد. به این ترتیب تلفیق روشهای ترکیباتی نیروها با الگوریتم ژنتیک (GA) سبب شده است تا عملیات بهینه یابی با سرعت بیشتری صورت پذیرد. همچنین با ارائه روشهای پیشنهادی در GA کیفیت نتایج طرح بهینه بهبود یافته است.

کلمات کلیدی

تئوری گراف - روشهای ترکیباتی نیروها - بهینه یابی - الگوریتم ژنتیک

فهرست مطالب

تقديم	يك
تشكر و قدردانى	سه
چكیده فارسی	چهار
فهرست مطالب	پنج

فصل ۱- مقدمه

۱-۱ مقدمه	۱۲
۲-۱ تئوری ها و روشهای مورد استفاده	۱۳
۱-۲-۱ تئوری گراف	۱۴
۲-۲-۱ روشهای ترکیبی نیروها	۱۵
۳-۲-۱ الگوریتم ژنتیک	۱۹
۳-۱ تنظیم فصول	۲۱

فصل ۲- تئوری گراف

۱-۲ مقدمه	۲۲
۲-۲ تعریف گراف	۲۲
۳-۲ مفاهیم همسایگی و تلاقى	۲۴
۴-۲ گرافهای ایزومورفیک	۲۴

۲۵	۵-۲ عملگرهای گراف
۲۶	۶-۲ مفاهیم پیمایش، گذار و مسیر
۲۸	۷-۲ مفهوم اتصال
۲۹	۸-۲ مفاهیم سیکل و برش
۳۰	۹-۲ مفاهیم درخت، درخت گسترده و درخت با کوتاهترین مسیر
۳۲	۱۰-۲ انواع مختلف گرافها

فصل ۳- تحلیل سازه ها با استفاده از روش ترکیباتی نیروها

۳۴	۱-۳ مقدمه
۳۴	۲-۳ فرمول بندی ماتریسی روش نیروها
۳۵	۳-۳ روابط اساسی
۴۳	۴-۳ مدل ریاضی سازه
۴۳	۵-۳ پایه سیکل تعمیم یافته یک گراف
۴۸	۶-۳ پایه سیکلهای تعمیم یافته کمینه و بهینه
۵۰	۷-۳ هم ارزی الگوی ماتریس نرمی و ماتریس همسایگی سیکل
۵۱	۸-۳ GCB کمینه یک گراف
۵۲	۹-۳ روشهایی تجربی برای بدست آوردن GCB نزدیک کمینه
۵۶	۱۰-۳ ترتیب سیکلها
۵۸	۱۱-۳ فرمول بندی ماتریسی روش ترکیباتی نیروها
۶۰	۱۲-۳ تشکیل ماتریسهای ضرایب تعادل B0 و B1

۱-۱۲-۳	تشکیل ماتریس B0	۶۱
۱-۱-۱۲-۳	شماره گذاری گره های درخت	۶۱
۲-۱-۱۲-۳	جهت گذاری شاخه های یک درخت	۶۲
۲-۱۲-۳	تشکیل ماتریس B1	۶۵
۱-۲-۱۲-۳	جهت گذاری اعضای یک سیکل	۶۵
۱۳-۳	فلوچارت عملیاتی آنالیز سازه با روش ترکیباتی نیروها	۶۷

فصل ۴- الگوریتم ژنتیک

۱-۴	مقدمه	۶۹
۲-۴	تکامل تدریجی ، بهینه یابی ، الگوریتم ژنتیک	۶۹
۱-۲-۴	تکامل تدریجی و بهینه یابی	۷۰
۲-۲-۴	تکامل و الگوریتمهای ژنتیک	۷۲
۳-۴	مبانی الگوریتم ژنتیک	۷۳
۱-۳-۴	مراحل کلی الگوریتم ژنتیک	۷۳
۴-۴	عملکرد الگوریتم ژنتیک	۷۵
۵-۴	عملگرهای GA	۷۸
۱-۵-۴	رمز بندی یک کروموزوم	۷۹
۱-۱-۵-۴	رمزبندی دودویی (باینری)	۷۹
۲-۱-۵-۴	رمز بندی تبدیل	۸۰
۳-۱-۵-۴	رمزبندی مقداری	۸۰
۴-۱-۵-۴	رمز بندی درختی	۸۱

۸۲	 پیوند ۲-۵-۴
۸۳	 پیوند در رمز بندی دودویی ۱-۲-۵-۴
۸۴	 پیوند در رمز بندی تبدیل ۲-۲-۵-۴
۸۴	 پیوند در رمز بندی مقداری ۳-۲-۵-۴
۸۴	 پیوند در رمز بندی درختی ۴-۲-۵-۴
۸۵	 جهش ۳-۵-۴
۸۶	 جهش در رمز بندی دودویی ۱-۳-۵-۴
۸۶	 جهش در رمز بندی تبدیل ۲-۳-۵-۴
۸۶	 جهش در رمز بندی مقداری ۳-۳-۵-۴
۸۶	 جهش در رمز بندی درختی ۴-۳-۵-۴
۸۷	 پارامترهای GA ۶-۴
۸۷	 احتمال (نرخ) پیوند ۱-۶-۴
۸۷	 احتمال (نرخ) جهش ۲-۶-۴
۸۸	 اندازه جمعیت ۳-۶-۴
۸۸	 شایستگی ۷-۴
۸۸	 تابع شایستگی ۱-۷-۴
۹۰	 تابع پناستی ۲-۷-۴
۹۱	 تعریف پیشنهادی تابع پناستی ۳-۷-۴
۹۲	 تعریف پیشنهادی تابع هدف اصلاح شده ۴-۷-۴
۹۳	 انتخاب ۸-۴
۹۳	 روش انتخاب چرخ گردان ۱-۸-۴
۹۴	 روش انتخاب رتبه ای ۲-۸-۴

۳-۸-۴	روش انتخاب حالت پایدار	۹۵
۴-۸-۴	روش نخبه گرایی	۹۶
۹-۴	شایستگی و انتخاب : مساله مقیاس سازی	۹۶

فصل ۵- بهینه یابی قابهای مستوی با استفاده از الگوریتم ژنتیک و روشهای ترکیباتی نیروها

۱-۵	مقدمه	۱۰۰
۲-۵	الگوریتم ژنتیک	۱۰۰
۱-۲-۵	رمزبندی و رمزگشایی	۱۰۱
۱-۱-۲-۵	بیت (ژن)	۱۰۱
۲-۱-۲-۵	رشته (کروموزوم)	۱۰۱
۳-۱-۲-۵	اپراتور رمز بندی و رمزگشایی	۱۰۳
۲-۲-۵	تیپ بندی اعضای سازه	۱۰۴
۳-۲-۵	تعیین طول کروموزوم	۱۰۴
۴-۲-۵	جمعیت	۱۰۶
۵-۲-۵	روش انتخاب	۱۰۶
۶-۲-۵	اپراتور پیوند	۱۰۷
۷-۲-۵	اپراتور جهش	۱۰۸
۸-۲-۵	تابع هدف	۱۰۸
۹-۲-۵	تابع پناستی	۱۰۸
۱-۹-۲-۵	قیود مقاومتی	۱۱۰
۲-۹-۲-۵	قیود بهره برداری	۱۱۴
۱۰-۲-۵	تابع هدف اصلاح شده	۱۱۴

۱۱۵	۱۱-۲-۵ تابع شایستگی
۱۱۵	۱۲-۲-۵ فلوچارت الگوریتم ژنتیک
۱۱۷	۳-۵ انتخاب روش نیروها برای استفاده در GA
۱۱۸	۴-۵ مراحل عملیاتی الگوریتم ژنتیک
۱۲۱	۵-۵ چند مثال و کالیبره نمودن برنامه

فصل ۶ - جمع بندی نتایج و پیشنهاداتی برای ادامه تحقیقات

۱۴۵	۱-۶ جمع بندی نتایج
۱۴۸	۲-۶ پیشنهاداتی برای ادامه تحقیقات
۱۴۹	فهرست مراجع
۱۵۲	چکیده انگلیسی

فصل اول

مقدمه

۱-۱ مقدمه

این پایان نامه در ارتباط با «بهینه یابی قابهای مستوی با استفاده از الگوریتم ژنتیک و روشهای ترکیباتی نیروها»^۱ می باشد. بدین منظور بطور بنیادی از تئوری گراف^۲، روشهای ترکیباتی نیروها (FM)^۳ برای تحلیل سازه و الگوریتم ژنتیک (GA)^۴ برای بهینه یابی استفاده شده است. اهدافی که در این پایان نامه مدنظر بوده و مورد مطالعه قرار گرفته است در زیر به اختصار اشاره می شود:

- استفاده از تلفیق تئوری گراف، روشهای ترکیباتی نیروها و الگوریتم ژنتیک برای تحلیل و بهینه یابی قابهای مستوی.
- طرح و ارائه نرم افزاری کاربردی-تجاری با انعطاف پذیری بالا و کاربری آسان برای تحلیل و بهینه یابی قابهای مستوی.
- بهبود برخی خصوصیات و شرایط بهینه یابی سازه ها که توسط محققان پیشین ارائه گردیده است.
- کاهش زمان اجرای عملیات الگوریتم ژنتیک برای بهینه یابی سازه ها از طریق بکارگیری روشهای ترکیباتی نیروها جهت تحلیل سازه ها که در خلال عملیات GA به دفعات مورد نیاز است.

1- Optimization of planar frames with genetic algorithm and combinatorial force methods

2- Graph theory

3- Combinatorial force methods

4- Genetic algorithm

۱-۲ تئوری ها و روشهای مورد استفاده

با عنایت به عنوان پایان نامه و اهداف مورد نظر، مطالعه و بسط علوم زیر ضرورت می یابد:

۱- تئوری گراف.

۲- روشهای ترکیباتی نیروها برای تحلیل سازه ها.

۳- الگوریتم ژنتیک.

علوم فوق الذکر و در مواردی بهبود روشها سبب ساز کسب نتایج بهتر و افزایش سرعت عملیات بهینه یابی می شود.

علیرغم مدت زمان نسبتاً کوتاهی که از پیدایش علوم فوق می گذرد، با توجه به عواملی چون گستردگی پیشرفتهای در علوم ریاضی در قرن اخیر بویژه در دهه های پایانی آن، تطابق این روشها با اکثر سیستمهای پویای طبیعی، انعطاف پذیری بالا، کاربرد نسبتاً گسترده آنها در بخشهای متنوع علوم و سازگاری با علومى مانند دانش کامپیوتر، پیشرفتهای چشمگیری در آنها صورت گرفته است. در ادامه بطور اختصار تاریخچه پیدایش و پیشرفتهای انجام شده در هر یک از این حوزه های علوم ارائه می گردد:

۱-۲-۱ تئوری گراف [۱]

تئوری گراف شاخه ای از ریاضیات است که به وسیله اویلر^۱ در سال ۱۷۳۶ مطرح گردید. اولین کار جدی و مهم در این رابطه توسط کیرشهف^۲ و تقریباً یکصد سال قبل برای آنالیز شبکه های الکتریکی^۳ انجام گرفت. پس از آن کایلی^۴ و سیلوستر^۵ پاره ای خصوصیات انواع خاصی از گرافها را که امروزه به عنوان درخت^۶ مشهورند کشف کردند. پوینکر^۷، اصلی را تدوین کرد که امروزه به عنوان ماتریس تلاقی گراف^۸ می شناسیم. به نظر می رسد اولین کتاب در رابطه با گرافها یکصد سال پیش، توسط کونیگ^۹ منتشر شد. پس از جنگ جهانی دوم محققان متعددی در این زمینه فعالیت نموده و کتابهایی را در این زمینه تالیف کردند، که از میان این افراد می توان آور^{۱۰}، بهزاد و کارترند^{۱۱}، تات^{۱۲}، برگ^{۱۳} و حراری^{۱۴} را نام برد.

با پیشرفت علوم تئوری گراف کاربردهای فراوانی در زمینه های مختلف فنی و مهندسی و علوم مانند شیمی، مهندسی عمران، مهندسی الکترونیک، مهندسی مکانیک، معماری، مدیریت و کنترل، ارتباطات، تحقیقات عملیاتی، تکنولوژی ماتریس اسپارس، بهینه سازی ترکیبی و کامپیوتر پیدا کرده است؛ از اینرو کتابهای زیادی در زمینه تئوری کاربردی گراف منتشر شده است، که از میان می توان به مقالات تالیف شده توسط افرادی چون بوندی و مورتی^{۱۵}، چن^{۱۶}، سوامی و تولاسیرا من^{۱۷}، ویلسون و بینکه^{۱۸}، مایدا^{۱۹}، کریستوفیدز^{۲۰}، گوندران و مینوکس^{۲۱} و دیگران نام برد.

- 1- Euler
- 3- Electrical Networks
- 5- Sylvester
- 7- Poincare
- 9- Konig
- 11- Behzad and Chartrand
- 13- Berge
- 15- Bondy and Murty
- 17- Swamy and Thulasiraman
- 19- Mayeda
- 21- Gondran and Minoux

- 2- Kirchhoff
- 4- Cayley
- 6- Tree
- 8- Incidence matrix of a graph
- 10- Ore
- 12- Tutte
- 14- Harary
- 16- Chen
- 18- Wilson and Beineke
- 20- Christofides

در سالهای اخیر با توجه به بسط مفاهیم و کاربردهای تئوری گراف نشریات متعددی مانند ژورنال تئوری گراف^۱، ژورنال تئوری ترکیب A و B^۲، ریاضیات گسسته و کاربردی^۳، ژورنال ریاضیات گسسته SIAM^۴، ژورنال اروپایی ترکیبات^۵ و ژورنال گرافها و ترکیبات^۶ برای پوشش دادن پیشرفت های انجام گرفته در این زمینه منتشر شده اند.

۱-۲-۲ روشهای ترکیبی نیروها [۳و۲]

روش نیرو^۷ در تحلیل سازه بر پایه معادلات تعادل نیروهای خارجی موثر بر یک دستگاه سازه استوار می باشد. برای برخی از انواع سازه ها، این معادلات برای تعیین نیروهای داخلی، تنش ها و جابجایی کافی می باشد که تحت عنوان سازه های معین استاتیکی^۸ موسوم هستند. برای انواع سازه های کلی و پیچیده تعداد نیروهای داخلی از تعداد معادلات تعادل، موجود بیشتر بوده که آنها تحت عنوان سازه های نامعین استاتیکی^۹ شناخته می شوند. برای تحلیل اینگونه سازه ها، باید علاوه بر معادلات تعادل، معادلات دیگری به منظور محاسبه نیروهای داخلی، تنش ها و تغییر مکان ها در نظر گرفته شوند. این معادلات اضافی را می توان از شرایط سازگاری مابین جابجایی ها نتیجه گرفت. در این فصل مراحل مختلفی که در فرمول بندی تحلیل ماتریسی سازه ها به روش نیرو دنبال می شود به همراه برخی معیارها و شرایط بهینگی معادلات ماتریسی پایه به منظور محاسبات خودکار در برنامه های کامپیوتری بررسی می شوند.

اساس تئوری تحلیل سازه های ارتجاعی به کارهای ماکسول^{۱۰}، ناویه^{۱۱} و مولر برسلاو^{۱۲} باز میگردد. روش های کلاسیک ارائه شده توسط آنان برپایه نیروهای مجهول اضافی^{۱۳} در سازه استوار میباشد. این روشها عموماً به نام روش نیروها معروفند که به همراه روش دیگری یعنی روش تغییر مکان^{۱۴}

1- Journal of Graph Theory
3- Discrete and Applied Mathematics
5- European Journal of Combinatorics
7- Force method
9- Statically indeterminate structures
11- Navier
13- Redundant Forces

2- Journal of Combinatorial Theory A&B
4- SIAM Journal of Discrete Mathematics
6- Graph and Combinatorics
8- Statically determinate structures
10- Maxwell
12- Muller Breslau
14- Displacement method

بصورت دو روش همزاد و همراه در تحلیل مسائل سازه ای بکار می رفته اند. روش تحلیل جابجایی ها در شبکه های ارتجاعی نیز به کارهای کلبش^۱، بندیکسن^۲ و اوستنفلد^۳ باز می گردد. در تحلیل استاتیکی انواع سازه ها در زمینه های گوناگون، توجه به هر دو روش همزاد حائز اهمیت است. انتخاب هر یک از این دو روش برای مسائل مورد نیاز با ملاحظه مقدار فعالیت و کیفیت اجرای مراحل مختلف محاسباتی تعیین می گردد. بنابراین در این صورت نه تنها تعداد مجهولات و در نتیجه تعداد معادلات، بلکه ساختار دستگاه معادلات حاصل اهمیت پیدا خواهد نمود. در حقیقت کار اساسی، بر پایه معادلات یک مساله به انجام می رسد. ولی از طرفی وضعیت معادلات نیز در مرحله حل محاسباتی آنها نقش مهم و گاه اساسی در کیفیت پاسخهای نهایی خواهد داشت. در مجموعه ای از معادلات بد وضع حصول به پاسخ ممکن نبوده و بدین خاطر گزینش روش تحلیلی حائز اهمیت می گردد. از طرفی پارامتر زمان نیز در مسائل ویژه ای که سرعت در استخراج پاسخها در دامنه زمانی بسیار کوچکی از کسر ثانیه و مسائلی که مراحل تکراری را در طول روند محاسبات به تعداد زیادی به انجام می رسانند، اهمیت ویژه ای خواهد یافت.

در روش کلاسیک تحلیل سازه ها، تشکیل دستگاه مجهولات توسط کاربرد روش پیرزحمتی چون روش حداقل انرژی پتانسیل و یا کار مجازی بدست می آید. برای مسائل مربوط به شبکه های الکتریکی، کرون^۴ یک روش برای ساخت چنین دستگاهی از معادلات توسعه داد که در آن از مفهوم تانسور بهره برداری شده بود. مساله های الکتریکی اساساً بعلا آنکه عموماً از پارامترهای اسکالر استفاده بعمل می آورده، ساده بوده، ولی مسائل ارتجاعی سازه ها به یک میدان برداری ارتباط پیدا می کنند. در نتیجه هیچ تشابه مستقیمی بین دستگاه معادلات الکتریکی و ارتجاعی موجود نیست. بدین خاطر کرون یک روش تانسوری برای تحلیل سازه های خربایی بروش جابجایی ها ارائه داده و خاطر نشان نمود که هیچ تحلیلی به طرق مشابه برای روش نیروها نمی توان فرمول بندی نمود. بعد از گذشت مدتی، لانگه فورس^۵ نمونه ای از روش تانسور کرون را برای تحلیل روش نیروها ارائه نموده

1- Clebsch
3-Ostenfeld
5-Langefors

2- Bendixen
4- Kron

و فالکن هاینر^۱، لانگ^۲ و بیش پلینگهوف^۳ بطور همزمان نشان دادند که روش های طاقت فرسای کلاسیک را می توان در زبان ماتریسی فرمول بندی نمود. در اواخر دهه ۱۹۵۰ مهمترین و اساسی ترین اصلاح از روش های ماتریسی در تحلیل سازه ها توسط آرجایرس^۴ عنوان گردید. در این هنگام او هر دو روش همزاد در تحلیل سازه ها را اصلاح نمود. با این حال، هنوز روش تانسوری بر پایه مفاهیم پرزحمتی چون استفاده از قانون بقای کار و طی مراحل تبدیلاتی متفاوت استوار بود. برای غلبه بر دشواری مساله لانگه فورس کاربرد مفاهیم توپولوژیکی و جبری را توصیه نمود. این روند بعدها توسط فنوس^۵ و همکارانش دنبال شد. ولی هنوز تبدیلات هندسی لازم برای جمع کمیات برداری یک مساله سازه در چهارچوب های متفاوتی عنوان می گردیدند. آشکار است که تبدیلات هندسی برداری از مختصات سراسری گرهی به مختصات محلی عضوی و برعکس نسبت به تبدیلات جبری مطرح گردیده توسط ساختار توپولوژیکی مدل ریاضی سازه بصورتی جداگانه عمل می کنند. بدین خاطر اندیشه اتحاد این دو ویژگی مساله سازه ای به میان آمد. این مفهوم اساس تمامی فرمول بندی های ماتریسی تحلیل بشمار آمده که در اوایل دهه ۱۹۶۰ با پیشرفت کاربرد دستگاههای محاسباتی بسرعت رواج پیدا کرد.

روشهای نیرو در تحلیل سازه ها که در آنها نیروهای عضوی به عنوان مجهولات برگزیده شده، برای مهندسان طراح بسیار جالب و قابل توجه است. زیرا ویژگی های عضوی یک سازه اغلب به نیروهای عضوی مرتبط بوده و به جابجایی های گرهی ارتباط مستقیم ندارد. از طرفی درک رفتار فیزیکی و مکانیکی انواع سازه ها با روش های فرمول بندی نیروها بطور مستقیم و سرعت قابل حصول می باشد. این روش در اوایل دهه ۱۹۶۰ در تحلیل سازه ها توسط آرجایرس، وبوکه^۶ و دنکه^۷ و بسیاری دیگر بکار گرفته شد. گرچه پیشرفت در روش نیروها آهسته صورت می گرفت، کارهای بسیاری در راستای گسترش فرمول بندی خودکار آن صورت پذیرفت.

1- Falkenheiner
3- Bisplinghoff
5- Fenves
7- Denke

2- Lang
4- Argyris
6- Veubeke

پنج روش در تحلیل سازه ها با این فرمول بندی مطرح شده که می توان آنها را بصورت زیر دسته بندی نمود.

۱- روشهای توپولوژیکی نیروها^۱

۲- روشهای ترکیباتی نیروها^۲

۳- روشهای جبری نیروها^۳

۴- روشهای مختلط جبری-ترکیباتی نیروها^۴

۵- روش جامع نیروها^۵

روشهای توپولوژیکی توسط هندرسون^۶، هندرسون و مائوندر^۷، مائوندر و کاوه برای سازه های اسکلتی و با استفاده از روشهای مختلف خوابانیدن^۸ به منظور گزینش دستگاههای مختلف خود متعادل یا سیکل ها در مدل ریاضی سازه توسعه یافت. روشهای ترکیباتی که به منظور برنامه نویسی رایانه ای و تهیه مدول های محاسباتی مناسب بوده به کارهای کاسل^۹ و همکاران و کاوه^{۱۰} باز می گردد.

نخستین روش جبری برای تحلیل سازه ها توسط دنکه در سال ۱۹۶۲ مطرح گردید که در آن از روش حذفی گاوس-جردن برای بدست آوردن پایه استاتیکی از معادلات تعادل سازه استفاده شده بود. پیشرفت های بعدی در این زمینه توسط رابینسون^{۱۱}، رابینسون و هاگن ماکر^{۱۲}، تاپکول^{۱۳}، کانکو^{۱۴} و همکاران، بری^{۱۵} و همکاران به انجام رسید. روشهای جبری ساده و عمومی بوده ولی حافظه و تعداد عملیات محاسباتی لازم در آنها بزرگتر از روشهای ترکیباتی می باشد.

1- Topological Force Methods
3- Algebraic Force Methods
5- Integrated Force Method
7- Maunder
9- Cassell
11- Robinson
13- topcul
15- Berry

2- Combinatorial Force Methods
4- Mixed Algebraic-Topological Force Methods
6- Henderson
8- Embedding
10- Kaveh
12- Haggemacher
14- kaneko

به منظور گسترش قابلیت های روش های جبری، روشهای ترکیباتی و توپولوژیکی در مراحل گوناگون وارد عملیات جبری گردیدند. این ادغام را می توان در کارهای گیلبرت^۱، کولمن^۲ و پوتن^۳، پلمونس^۴ و وایت^۵ مشاهده نمود.

روش جامع نیروها توسط پاتنیک^۶ توسعه یافت. در این روش معادلات تعادل و سازگاری مجتمع شده و بطور همزمان با استفاده از متغیرهای نیرویی ارضا می گردند. بعدها این روش به منظور افزایش بهره وری آن در تحلیل مسائل دینامیکی توسط پاتنیک و پاتنیک و یاداگیری^۷ بهبود یافت.

۱-۲-۳ الگوریتم ژنتیک [۴]

پیشرفت علم ژنتیک^۸ در قرن بیستم از نظر سرعت و قدرت عمل تنها با تکامل علمی مانند الکترونیک و کامپیوتر قابل رقابت بود. می توان اذعان داشت یکی از زمینه سازترین الگوریتم های بوجود آمده در قرن بیستم الگوریتم ژنتیک می باشد.

در سالهای ابتدایی دهه ۱۹۶۰ الگوریتم ژنتیک (و بطور کلی الگوریتم های مبتنی بر نظریه تکامل تدریجی^۹) جایگاه ویژه ای در علوم کامپیوتر بین الگوریتم های جبری و غیر جبری پیدا کرد. در اصل الگوریتم ژنتیک به اندازه ای یک روش جبری خواهد بود که شما بخواهید، بدین معنی که کاربر می تواند تعداد تکرارها و نقض قیود را خود تعیین نماید. این امر در اصل تقلیدی است از نظریه انتخاب طبیعی داروین^{۱۰} که «شایستگی»^{۱۱} را به عنوان عامل انتخاب اصلی موجودات برای بقا و تولید نسل به همراه عاملی به نام جهش در نظر می گیرد.

1- Gilbert
3- Pothen
5- White
7- Yadagiri
9- Evolution Theory
11- Fitness

2- Coleman
4- Plemmon
6- Patnik
8- Genetic
10- Darwin

سایر الگوریتم های تکامل تدریجی تلاش می کنند که از تئوری تکامل لامارکین^۱ تقلید نمایند، که در آن رفتار به عنوان یک مکانیسم بقا می تواند بین نسل ها انتقال یابد. محاسبات مبتنی بر تکامل تدریجی در سالهای ۱۹۶۰ توسط رشنبرگ^۲ و در کتابش نام «راه حل تکامل تدریجی»^۳ آغاز گردید و سپس ایده وی بوسیله محققان دیگر بسط داده شد.

الگوریتم ژنتیک توسط جان هالند^۴ در دانشگاه میشیگان^۵ ابداع گردید و توسط دانشجویان و همکارانش بسط داده شد، که این امر منجر به نوشتن کتاب معروف «سازگاری در سیستمهای طبیعی و مصنوعی»^۶ گردید که در سال ۱۹۷۵ منتشر شد.

سپس گلدبرگ^۷ در سال ۱۹۸۹ کتاب معروف خود را به نام «الگوریتمهای ژنتیک در جستجو، بهینه یابی و یادگیری ماشینی»^۸ به رشته تحریر درآورد.

در سال ۱۹۹۲ جان کوزا^۹ الگوریتم ژنتیک را برای تولید برنامه هایی برای انجام دادن کارهایی خاص بکار برد. وی روش خود را «برنامه نویسی ژنتیک»^{۱۰} نامید. برنامه نویسی ها توسط نرم افزار LISP انجام می شد زیرا برنامه ها را در این زبان برنامه نویسی می شد بصورت «درخت مبسوط»^{۱۱} نوشت که اساس عملکرد الگوریتم ژنتیک می باشد.

در سالهای بعد کتب و مقالات متنوعی در این زمینه توسط محققان ارائه گردید که از این میان میتوان کارهای گلدبرگ و سمتانی^{۱۲}، جنکینز^{۱۳}، راجیو و کریشنا مورتی^{۱۴}، هاجلا و لین^{۱۵} و گریسون و پک^{۱۶} را نام برد.

1- Lamarckian Evolution Theory
3- Evolution strategies
5- Michigan State University
7- D.E. Goldberg
9- John Koza
11- Parse tree
13- W.M. Jenkins
15- C.Y. Lin and P. Hajela

2- I. Rechenberg
4- John Holland
6- Adaption in Natural and Artificial Systems
8- Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning
10- Genetic programming
12- D.E. Goldberg and M.P. Samtani
14- S. Rajeev and C.S. Krishnamoorthy
16- D.E. Grierson and W.H. Pak

که بکارگیری روش نیروها کاهش قابل ملاحظه ای در حجم عملیات و مدت زمان اجرای GA و بکارگیری روابط پیشنهادی، طرح بهینه مناسب تر را نتیجه داده است. صحت این ادعا توسط چندین مثال بررسی شده است.

در فصل ششم، پس از بیان نتایج حاصل، پیشنهاداتی جهت ادامه تحقیقات توسط اساتید، دانشجویان و محققان محترم ارائه گردیده است.

فصل دوم

آشنایی با تئوری گراف

۲-۱ مقدمه [۱]

سیستم‌های فیزیکی زیادی وجود دارد که رفتار آنها علاوه بر خصوصیات اجزای آنها به موقعیت نسبی آنها بستگی دارد. به عنوان مثال در یک سازه اگر خصوصیات یک عضو تغییر کند رفتار کلی سازه تغییر خواهد کرد. این امر نشان می‌دهد که رفتار یک سازه بستگی دارد به خصوصیات اعضای آن؛ به عبارت دیگر اگر موقعیت یک عضو تغییر کند خصوصیات سازه تغییر خواهد کرد، از اینرو ارتباط (توپولوژی^۱) سازه بر رفتار کل سازه تاثیر دارد. بنا بر این ارائه یک سیستم برای اینکه تاثیر توپولوژی سازه را به روشنی درک کنیم مهم است. مدل گراف از یک سیستم سازه ای وسیله ای قوی برای این منظور را فراهم می‌کند.

۲-۲ تعریف گراف^۲

هر گراف شامل یکسری نقاط به نام گره^۳ و یکسری المانها به نام عضو^۴ می‌باشد که یک ارتباط میدانی برای هر عضو توسط گره های دو انتهای آن پدید می‌آورد. دو یا چند عضو که به گره های یکسان متصل می‌شوند به عنوان «اعضای چندگانه»^۵ شناخته می‌شوند و یک عضو که یک گره را به خودش اتصال می‌دهد به عنوان «حلقه»^۶ نامیده

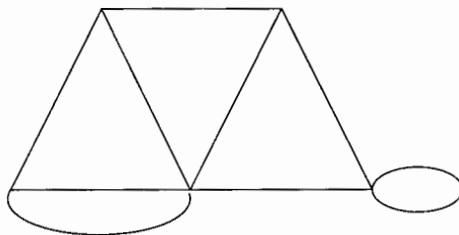
1- Topology
3- Node
5- Multiple Members

2- Graph
4- Member
6- Loop

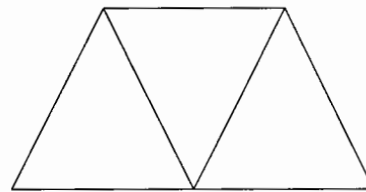
میشود. گرافی را که فاقد اعضای ضربدی و لوپ باشد به نام «گراف ساده»^۱ می نامیم. اگر تعداد اعضا (M) و تعداد گره ها (N) محدود باشند گراف حاصل یک «گراف محدود»^۲ نامیده می شود. در زمینه سیستمهای سازه ای تنها گرافهای محدود ساده مورد نیاز می باشد که از این پس ما آنها را به عنوان گراف می شناسیم.

تعاریفات فوق به خلاصه کردن گرافها منجر می گردد. به هر حال یک گراف را می توان در فضای اقلیدسی بصورت یکسری از نقاط که بوسیله پاره خطهایی بهم متصل شده اند نشان داد که نقاط به عنوان گره ها و پاره خطها به عنوان اعضا می باشند. چنین ترسیمه ای به عنوان گراف توپولوژیکی^۳ شناخته می شود.

تعاریف فوق به روشنی در شکل ۱-۲ نشان داده شده است.



یک گراف غیر ساده



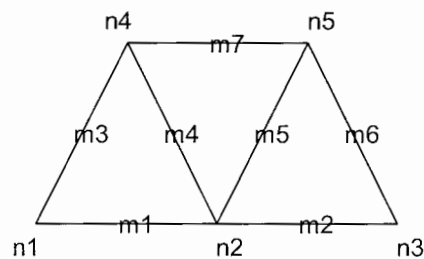
یک گراف ساده

شکل ۱-۲ گرافهای ساده و غیر ساده

۳-۲ مفاهیم همسایگی^۱ و تلاقی^۲

دو نقطه از گراف همسایه نامیده می شوند هر گاه این نقاط ، نقاط انتهایی یک عضو باشند .
 یک عضو با یک گره متلاقی نامیده می شود هرگاه آن نقطه یک نقطه از انتهای عضو باشد . دو عضو متلاقی هستند هرگاه یک نقطه انتهایی مشترک داشته باشند . درجه یک گره n_i از یک گراف که به صورت $\deg(n_i)$ نشان داده می شود عبارتست از تعداد اعضای متلاقی با این گره . از آنجا که هر عضو دو گره انتهایی دارد بنا بر این مجموع درجات یک گراف بر اساس «لم دست دادن»^۳ برابرست با دو برابر تعداد اعضای آن گراف .

به عنوان مثال در شکل ۲ دو گره n_4 و n_5 همسایه هستند و گره n_3 متلاقی است با اعضای m_2 و m_6 و داریم : $\deg(n_2) = 4$.



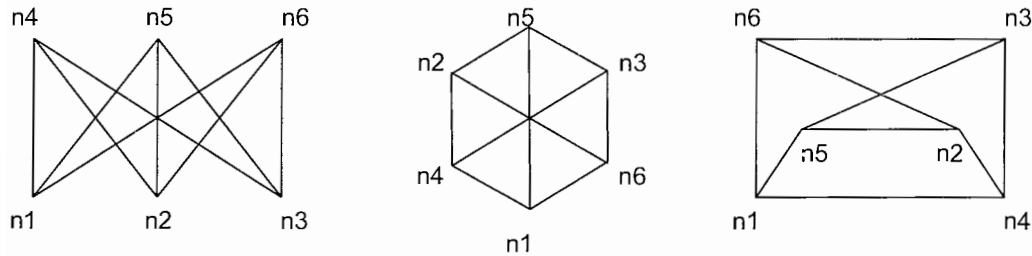
شکل ۲-۲ یک گراف ساده

۴-۲ گرافهای ایزومورفیک^۴

دو گراف S_1 و S_2 ایزومورفیک نامیده می شوند هرگاه یک تناظر یک به یک بین مجموعه گره ها و همسایگی آنها وجود داشته باشد . به عنوان مثال سه گراف نشان داده شده در شکل ۳-۲ ایزومورفیک هستند . کلمه ایزومورفیک از کلمات یونانی مشابه و شکل اقتباس شده است.

1- Adjacency
 3- Handshaking Lemma

2- Incidence
 4- Isomorphic



شکل ۲-۳ سه گراف ایزومورفیک

۵-۲ عملگرهای گراف^۱

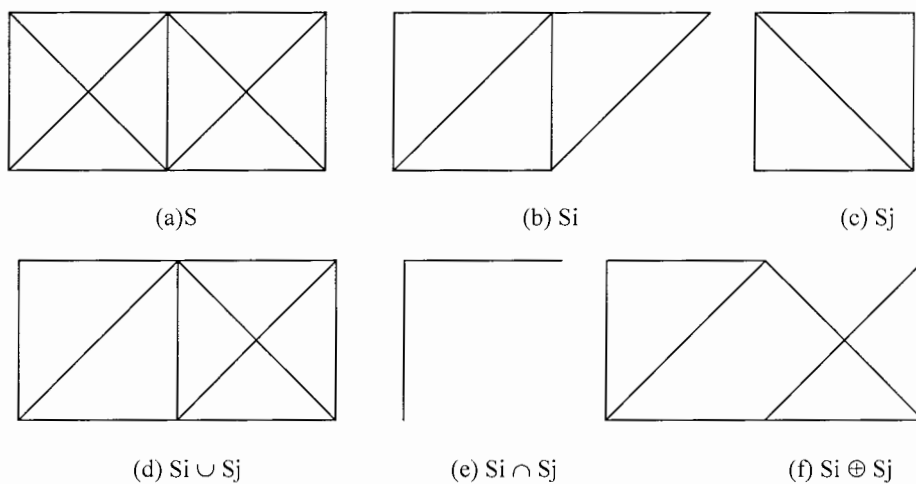
یک زیرگراف^۲ S_i از گراف S گرافی است که $M(S_i) \subseteq M(S)$ و $N(S_i) \subseteq N(S)$ و هر عضو از S_i دارای انتهای مشابه آنچه در گراف S است باشد. جمع زیرگرافهای $S_1, S_2, \dots, S_k$ و S که بصورت زیر نشان داده می شود:

$$S^K = \bigcup_{i=1}^K S_i = S_1 \cup S_2 \cup \dots \cup S_k$$

یک زیرگراف از S است که :

$$M(S^K) = \bigcup_{i=1}^K M(S_i), N(S^K) = \bigcup_{i=1}^K N(S_i)$$

اشتراک دو گراف S_i و S_j بطور مشابه با بکار بردن اشتراک گروه نقاط و گروه اعضای دو گراف تعریف می شود. جمع حلقه ای دو گراف $(S_i \oplus S_j)$ یک گراف است که گره ها و اعضای S_i و S_j را بدون اعضای مشترک بین S_i و S_j در برمی گیرد. این تعاریف در شکل ۴-۲ نشان داده شده است.



شکل ۴-۲ گراف، دو زیر گراف آن، اجتماع، اشتراک و جمع حلقه ای آنها

۶-۲ مفاهیم پیمایش^۱، گذار^۲ و مسیر^۳

یک پیمایش از گراف S عبارتست از یک توالی محدود $P_k = \{n_0, m_1, n_1, m_2, \dots, m_p, n_p\}$ که اجزای آن گره های مختلف n_i و اعضای m_i از گراف S هستند که $1 \leq i \leq P$ و n_i و n_{i-1} دو انتهای عضو m_i هستند. یک گذار در S عبارتست از یک پیمایش که در آن هیچ عضو S دوبار مشاهده نشود. یک مسیر یک گذار می باشد که هیچ گره ای دوبار مشاهده نشود. طول^۴ یک مسیر مانند P_i بصورت $L(P_i)$ نشان داده می شود و

1- Walk
3- Path

2- Trial
4- Length

عبارتست از تعداد اعضای آن. P_i کوتاهترین مسیر^۱ بین دو گره n_i و n_j نامیده می شود هرگاه برای هر مسیر P_j بین این دو نقطه $L(P_i) \leq L(P_j)$. فاصله بین دو گره از گراف بصورت تعداد اعضای کوتاهترین مسیر بین این نقاط تعریف می شود. به عنوان مثال در شکل ۵ داریم:

یک $W = \{ n_1, m_5, n_5, m_6, n_2, m_7, n_6, m_{11}, n_5, m_6, n_2, m_2, n_3 \}$

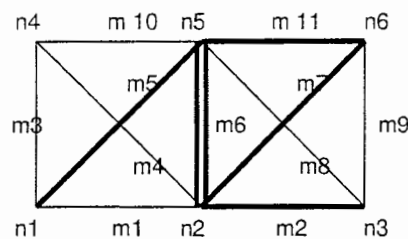
پیمایش بین نقاط n_1 و n_3 می باشد که در آن عضو m_6 و گره n_2 و n_5 دوبار تکرار شده است.

یک گذار بین نقاط $T = \{ n_1, m_5, n_5, m_6, n_2, m_7, n_6, m_{11}, n_5, m_{10}, n_4 \}$

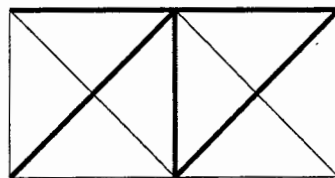
n_1 و n_4 می باشد که در آن گره n_5 دوبار تکرار شده است.

$P = \{ n_1, m_5, n_5, m_6, n_2, m_7, n_6 \}$ یک مسیر بین نقاط n_1 و n_6 می باشد که در

آن هیچ عضو یا گره ای تکرار نشده است.



یک پیمایش در گراف S

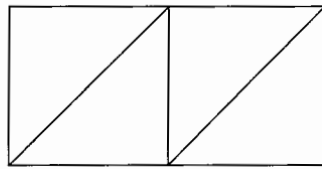


یک گذار در گراف S

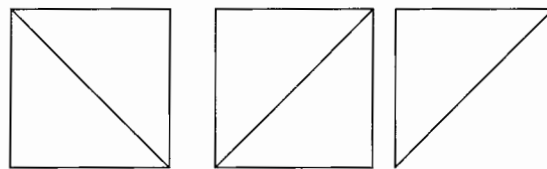
شکل ۵-۲ یک پیمایش، یک گذار و یک مسیر در گراف S

۷-۲ مفهوم اتصال^۱

دو گره n_i و n_j در گراف S متصل خوانده می شوند هرگاه یک مسیر بین این گره ها وجود داشته باشد. یک گراف S متصل (پیوسته)^۲ خوانده می شود هرگاه تمام زوج نقاط آن متصل باشند. این تعاریف در شکل ۶ نشان داده شده است .



(a) یک گراف متصل

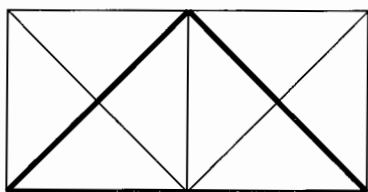


(b) یک گراف غیرمتصل

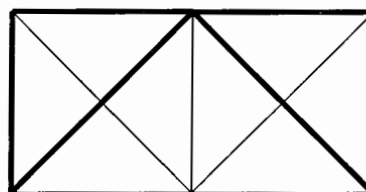
شکل ۶-۲ یک گراف متصل و یک گراف غیرمتصل با ۳ جزء

۸-۲ مفاهیم سیکل^۳ و برش^۴

یک سیکل مسیری است مانند $(n_0, m_1, n_1, \dots, m_p, n_p)$ که $n_0 = n_p$ و $P \geq 1$ باشد . به عبارتی یک سیکل یک مسیر بسته است . بطور مشابه یک گذاربسته (سیکل مداری) و یک پیمایش بسته را می توان تعریف کرد .



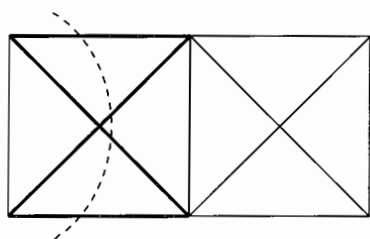
یک سیکل از گراف S



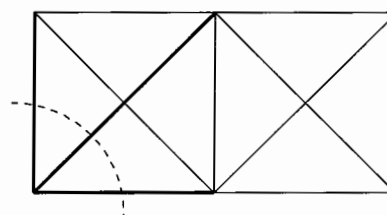
یک سیکل مداری از گراف S

شکل ۲-۷ سیکل هایی از گراف S

یک برش مجموعه ای از اعضاست که خروج آنها از گراف باعث تبدیل شدن گراف باقیمانده به دو زیر گراف S_1 و S_2 که بوسیله اعضای مجموعه برش متصل شده اند می شود. یک عضو رابط^۱ یک عضو است که دو انتهای آن در S_1 و S_2 قرار دارد. هر یک از گرافهای S_1 و S_2 ممکن است متصل یا غیر متصل باشند. هرگاه هر دوی آنها متصل باشند مجموعه برش اول^۲ خوانده می شود. اگر یکی از گرافهای S_1 و S_2 تنها شامل یک گره باشد مجموعه برش به نام مکمل سیکل^۳ نامیده می شود. این تعاریف در شکل ۸ نشان داده شده است.



یک مجموعه برش از گراف S



یک Cocycle از گراف S

شکل ۲-۸ مجموعه برشهایی از گراف S

۹-۲ مفاهیم درخت^۱، درخت گسترده^۲ و درخت با کوتاهترین مسیر^۳

یک درخت T از گراف S یک زیرگراف مرتبط از گراف S است که هیچ سیکلی ندارد. یک مجموعه از درختهای گراف S یک جنگل^۴ را تشکیل می دهد. اگر یک درخت تمامی گره های S را شامل باشد به عنوان یک درخت گسترده از گراف S نامیده می شود که برای ساده سازی از آن از این پس به عنوان درخت یاد می کنیم.

یک درخت با کوتاهترین مسیر (SRT)، که آغاز می شود از یک گره مشخص n_0 از گراف S یک درخت است که برای آن فاصله بین تمام گره های n_j از T و n_0 حداقل باشد.

یک SRT از یک گراف را می توان بوسیله الگوریتم ساده زیر ایجاد کرد :

- گره پایه انتخاب شده را «۰» بنامید و گره های مجاور آن را «۱».
- اعضای مجاور به «۰» را به عنوان اعضای درخت نشانه گذاری کنید.
- عملیات شماره گذاری را تکرار کنید با «۲» برای انتهای غیر شماره گذاری شده تمامی اعضای مجاور با گره های برچسب زده شده با شماره «۱».
- مجدداً نشانه گذاری کنید اعضای درخت را.
- این عملیات هنگامی پایان می پذیرد که تمامی گره های گراف S شماره گذاری شده باشد و تمام اعضای درخت نشانه گذاری شده باشد.

(تعاریف فوق در شکل ۹ نشان داده شده است .)

به سادگی می توان اثبات کرد که برای یک درخت T داریم :

$$M(T) = N(T) - 1$$

که در آن $M(T)$ و $N(T)$ به ترتیب تعداد اعضا و گره های درخت T می باشند .

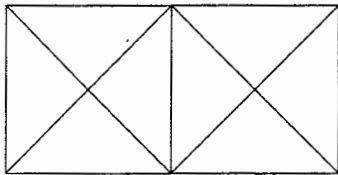
تکمیل کننده درخت T از گراف S به نام درخت مکمل^۱ نامیده می شود و بصورت T^* نشان داده می شود. اعضای درخت T به عنوان شاخه^۲ و اعضای T^* به عنوان یال^۳ شناخته می شوند. برای یک گراف پیوسته S تعداد یال ها به وسیله رابطه زیر داده می شود :

$$M(T^*) = M(S) - M(T)$$

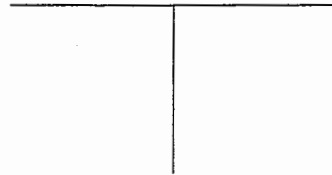
از آنجاییکه $N(T) = N(S)$ بنا براین

$$M(T^*) = M(S) - N(S) + 1$$

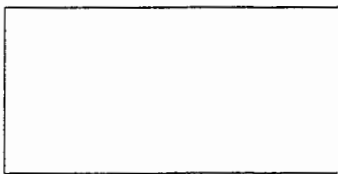
که در آن $M(S)$ و $N(S)$ به ترتیب تعداد اعضا و گره های گراف S هستند.



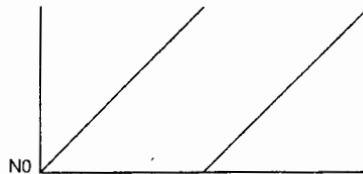
یک گراف S



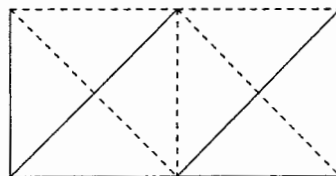
یک درخت از گراف S



یک درخت گسترده از گراف S



یک درخت با کوتاهترین مسیر (SRT) آغاز شده از n_0



یک درخت مکمل (نشان داده شده با خط چین)

شکل ۲-۹ درخت ، درخت گسترده و درخت با کوتاهترین مسیر و درخت مکمل

1- Cotree
3- Chord

2-Branch

۲-۱۰ انواع مختلف گرافها

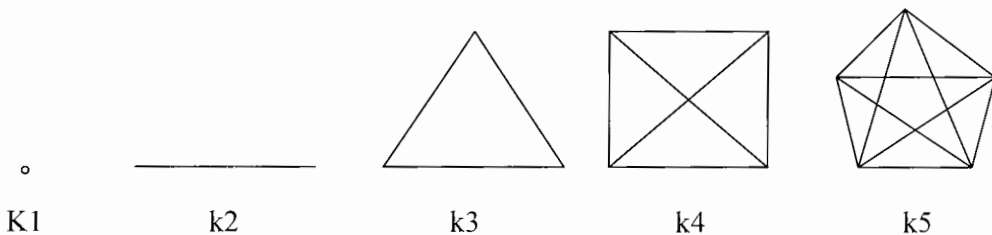
برای ساده سازی مطالعه ویژگی گرافها ، انواع مختلفی از گرافها تعریف شده اند که در زیر به تعدادی از مهمترین آنها اشاره می گردد :

- گراف خنثی^۱ : گرافی است که هیچ عضوی ندارد . از اینرو N_k گرافی است که تعداد K عدد گره مجزا دارد .

- گراف حلقه^۲ : گرافی است که شامل تنها یک سیکل باشد . از اینرو C_k یک چند ضلعی است با K عضو .

- گراف مسیر^۳ : گرافی است که شامل تنها یک مسیر باشد . از اینرو P_k یک مسیر با K گره و $(K - 1)$ عضو است .

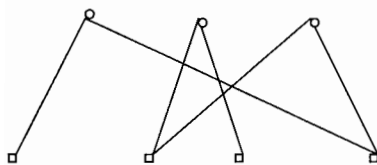
- گراف کامل^۴ : گرافی است که در آن هر دو گره مجزا بوسیله دقیقاً یک عضو به هم متصل شده اند . یک گراف کامل با N گره بوسیله K_n نشان داده می شود . به راحتی می توان ثابت نمود که یک گراف کامل با N گره تعداد $N(N-1)/2$ عضو دارد .



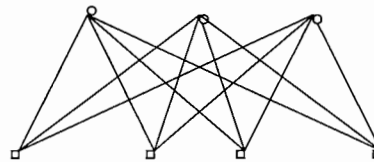
شکل ۲-۱۰ چند گراف کامل

- گراف دو قسمتی^۱: یک گراف دو قسمتی خوانده می شود هرگاه مجموعه گره های حاصل بتوانند جدا شوند به دو مجموعه N_1 و N_2 به طریقی که هر عضو از S یک گره از N_1 را به یک گره N_2 متصل کند .

- گراف کامل دو قسمتی^۲: گرافی است دو قسمتی که در آن هر گره از N_1 به تمامی گره های N_2 متصل شده باشد. اگر تعداد گره های N_1 و N_2 به ترتیب با s و r نشان داده شوند در اینصورت یک گراف کامل دو قسمتی به شکل $K_{r,s}$ نشان داده می شود .
مثالهایی از گرافهای دو قسمتی و دو قسمتی کامل در شکل ۱۱ نشان داده شده است .



یک گراف دو قسمتی

یک گراف دو قسمتی کامل $K_{3,4}$

شکل ۱۱-۲ چند گراف دو قسمتی

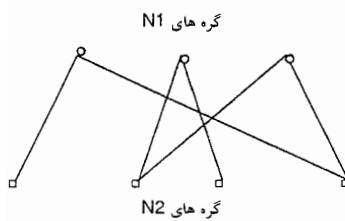
فصل سوم

تحلیل سازه ها با استفاده از
روشهای ترکیباتی نیروها

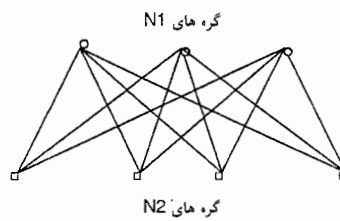
- گراف دو قسمتی^۱: یک گراف دو قسمتی خوانده می شود هرگاه مجموعه گره های حاصل بتوانند جدا شوند به دو مجموعه N_1 و N_2 به طریقی که هر عضو از S یک گره از N_1 را به یک گره N_2 متصل کند.

- گراف کامل دو قسمتی^۲: گرافی است دو قسمتی که در آن هر گره از N_1 به تمامی گره های N_2 متصل شده باشد. اگر تعداد گره های N_1 و N_2 به ترتیب با s و r نشان داده شوند در اینصورت یک گراف کامل دو قسمتی به شکل $K_{r,s}$ نشان داده می شود.

مثالهایی از گرافهای دو قسمتی و دو قسمتی کامل در شکل ۱۱ نشان داده شده است.



یک گراف دو قسمتی



یک گراف دو قسمتی کامل $K_{3,4}$

شکل ۱۱-۲ چند گراف دو قسمتی

۳-۱ مقدمه

همانگونه که در فصل اول، بخش ۱-۳-۲ عنوان گردید روش نیرو در تحلیل سازه بر پایه معادلات تعادل نیروهای خارجی موثر بر یک دستگاه سازه استوار می باشد. در این فصل ضمن مدل سازی سازه ها بصورت گراف، روشی ترکیباتی نیروها برای آنالیز قابهای مستوی ارائه می گردد.

۳-۲ فرمول بندی ماتریسی روش نیروها

مهمترین گام در تحلیل ماتریسی سازه ها، ساخت فرمول بندی یک مدل گسسته از اجزا یا اعضا بوده که معادل سازه پیوسته واقعی باشد. این مدل ریاضی به منظور گردآوری مجموعه ای از معادلات با رتبه محدود که عملیات ماتریسی بر روی آنها مقدور باشد، ضروری خواهد بود. اساس مدل ریاضی را مجموعه ای از دو دسته عناصر و یک خاصیت پیوستگی تشکیل می دهد. در واقع، مدل ریاضی یک سازه مجموعه ای متناهی از گره ها و اعضا بوده که گره های مشخصی را توسط یک خاصیت پیوستگی معین به هم ارتباط می دهد. معمولاً مشاهده وضعیت هندسی مدل ریاضی با اختصاص یک سری کمیات هندسی به گره ها و اعضا در میدان مختصاتی مورد نظر به انجام می رسد. گره ها توسط نقاط هندسی در یک دستگاه مختصات معلوم و اعضا توسط منحنی ها، سطوح و احجامی که در آن دستگاه مختصات، گره های خاصی را بهم متصل ساخته، مجسم می گردند. اختصاص مجموعه ای از کمیات جبری، هندسی و فیزیکی چون شماره گذاری، نیروهای

خارجی و جابجایی اولیه و نیز مشخصات منحنی نیرو-تغییر مکان، در تکمیل مدل ریاضی کمک می کنند. مجموعه دستگاه معادلات همزمان حاصل در یک مساله تحلیل، اساساً متکی بر نحوه ترتیب و شماره گذاری کمیات و عناصر پایه بوده که در روش تحلیلی مورد نظر مورد استفاده قرار می گیرند. بنابراین با استفاده از یک مدل ریاضی مرتب و منظم می توان مراحل محاسباتی را در زمان معقول و از آن مهمتر با کمک حافظه محاسباتی ارزان قیمت و مناسب به انجام رسانید. [۲ و ۳]

۳-۳ روابط اساسی

در این بخش فرمول بندی ماتریسی ترکیباتی تحلیل سازه ها با استفاده از ابزار اساسی تحلیل یعنی معادلات تعادل^۱، سازگاری^۲ و رابطه بارگذاری-تغییر مکان^۳ ارائه می گردد.

سازه S را با M عضو و N گره، که دارای $\gamma(S)$ درجه نامعین استاتیکی است، در نظر می گیریم. مجموعه نیروهای داخلی سازه بصورت زیر نشان داده می شود:

$$r = \{r_1, r_2, r_3, \dots, r_{am}\} \quad (۱-۳)$$

که در آن r_{am} تعداد نیروهای مجهول داخلی است. a یک ضریب ثابت برای نوع سازه و m تعداد اعضای مدل ریاضی سازه است.

نیروهای داخلی فوق را می توان حاصل دو دسته پاسخ نیرویی مجزا دانست:

- نیروهای درختی ویژه که عبارتند از مجموعه نیروهای داخلی حاصل از تاثیر نیروهای خارجی بر روی گره ها و اعضای سازه. این مجموعه نیروها با ملاحظه روابط تعادل به راحتی در اعضای مدل ریاضی سازه (سازه ای معین و پایدار که از حذف مجهولات اضافی در سازه حاصل می شود). محاسبه می گردند.

1- Equilibrium

2- Compatibility

3- Load-displacement relationship

- نیروهای سیکلی مکمل که عبارتند از مجموعه نیروهای داخلی حاصل از تاثیر کنش های دوتایی داخلی در محل حذف مولفه های نیرویی اضافی. این مجموعه نیروها نیز با ملاحظه روابط تعادل به راحتی در اعضای مدل ریاضی سازه محاسبه می گردند.

$\gamma(S)$ مبین تعداد نیروهای مجهول اضافی^۱ مستقل انتخاب می باشد. این نیروهای مجهول می تواند از بین عکس العمل های خارجی و یا نیروهای داخلی سازه انتخاب شود. این نیروهای اضافی بصورت زیر نمایش داده می شوند:

$$q = \{q_1, q_2, q_3, \dots, q_{\gamma(S)}\} \quad (2-3)$$

قیدهای متناظر با نیروهای مجهول اضافی برای بدست آوردن یک سازه معین استاتیکی، که تحت عنوان سازه مبنا^۲، سازه آزاد^۳ و یا سازه اولیه^۴ شناخته می شود، از سازه حذف می گردد. وضوحا یک سازه مبنا بایستی صلب^۵ باشد.

نیروهای خارجی گرهی موثر بر مدل ریاضی سازه در طول درجات آزادی فعال بصورت زیر نشان داده می شوند:

$$P = \{p_1, p_2, p_3, \dots, p_n\} \quad (3-3)$$

که در آن n تعداد نیروهای گرهی موجود می باشد.

توزیع نیروهای داخلی سازه بر اساس رابطه اساسی و بنیادین نیروها در یک آنالیز خطی بصورت زیر خواهد بود:

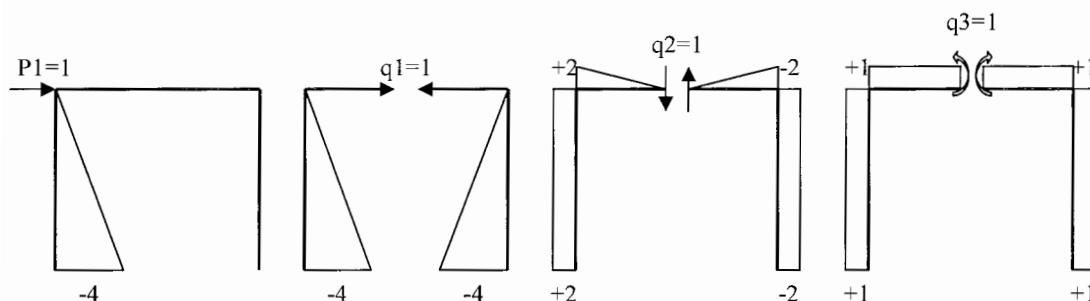
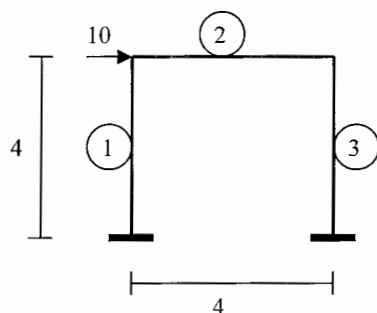
$$r = B0 \times P + B1 \times q \quad (4-3)$$

که در آن $B0$ و $B1$ ماتریسهای مستطیلی هستند که به ترتیب دارای ابعاد $m \times n$ و $m \times \gamma(S)$ می باشند. $B0 \times P$ به عنوان حل ویژه^۶ شناخته می شود که معادلات حاصل بارهای وارده را در بر دارد.

1- Redunants
3- Released structure
5- Rigid

2- Basic structure
4- Primary structure
6- Particular solution

$B1 \times q$ یک حل مکمل^۱ است که از مجموعه ای از سیستمهای تنش خود متعادل مستقل (S.E.Ss)^۲، که به عنوان پایه استاتیکی شناخته می شوند، تشکیل یافته است. به عنوان مثال قاب پرتال شکل ۱-۳ را در نظر بگیرید:



شکل ۱-۳ یک قاب مستوی با ۳ درجه نامعینی استاتیکی

قاب فوق ۳ درجه نامعین استاتیکی است. این سازه بوسیله یک برش فرضی در وسط دهانه تیر بصورت معین درمی آید. مقدار واحد بار خارجی و هریک از زوج نیروهای q_i ($i=1,2,3$) منجر به تشکیل ماتریس های B_0 و B_1 می شود که در آنها ممانهای خمشی انتهایی هر عضو (M_j و M_i) به عنوان نیروی عضو در نظر گرفته می شود.

$$B_0^T = [-4 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0 \ 0]$$

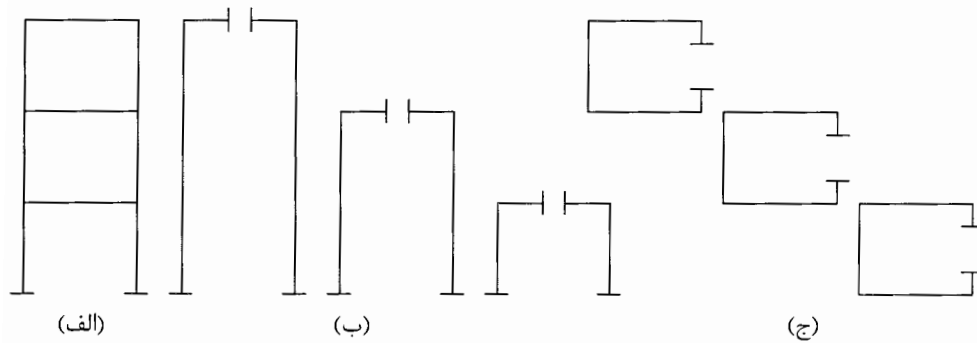
$$B_1^T = \begin{bmatrix} -4 & 0 & 0 & 0 & 0 & -4 \\ 2 & 2 & 2 & -2 & -2 & -2 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

ستونهای ماتریس B_1 یک پایه استاتیکی از S را شکل می دهد و زیرگراف مربوط به هر S.E.S یک سیکل می باشد. به شکل ۳-۱ مراجعه کرده و توجه کنید که هر سه S.E.S بر روی یک سیکل واحد از یک قاب دوبعدی تشکیل یافته اند.

در مثال بالا، حل های ویژه و مکمل، از یک سازه مبنای واحد بدست آمده اند؛ هرچند برخلاف آنچه برخی محققان گفته اند این امر یک ضرورت نیست. در واقع حل ویژه می تواند هر حلی باشد که حاوی معادلات نیروهای وارده باشد و یک حل مکمل می تواند حاوی هر مجموعه کامل از سیستمهای خودمتعادل مستقل باشد. مورد اخیر یک پایه از فضای برداری بر روی زمینه اعداد حقیقی است که به عنوان فضای حل مکمل^۱ شناخته می شود.

بکار بردن سازه مبنای مشابه معادل با این است که به دنبال یک سیکل پایه^۲ مشابه گراف بگردیم؛ این کار باعث محدود شدن جستجو به سیکلهای بنیادی می گردد، که هرچند سودمند است اما هنگامی که پایه سیکلی با مشخصات خاص مورد نیاز باشد کافی نیست.

به عنوان مثال قاب سه طبقه نشان داده شده در شکل ۳-۲-الف را در نظر بگیرید. یک مجموعه برش که در شکل ۳-۲-ب نشان داده شده است منجر به تشکیل یک پایه استاتیکی در برگرنده سه S.E.S بر روی هر المان از پایه سیکل نشان داده شده در شکل ۳-۲-ب می شود. حال آنکه یک حل ویژه می تواند در تناسب با سیکلهای پایه نشان داده شده در شکل ۳-۲-ج نیز بکار گرفته شود.



شکل ۳-۲ یک قاب مستوی سه طبقه با مجموعه برشهای متفاوت

الزامی نیست که یک سازه مبنا بصورت معین استاتیکی در نظر گرفته شود. برای یک سازه با مجهولات اضافی می توان اطلاعات مورد نیاز را بوسیله آنالیز سازه برای بارهای P و زوج نیروهای $q_i = 1 \quad (i = 1, 2, 3, \dots, \gamma(S))$ بوسیله اطلاعات موجود بدست آورد.

حال نوبت به بکارگیری معادلات سازگاری می رسد. با بکار بردن رابطه بار-تغییر مکان برای هر عضو و جمع آوری آنها در ماتریس نرمی سوار نشده F_m می توان تغییر مکان اعضا را مطابق زیر بدست آورد:

$$U = F_m \times r = F_m \times B_0 \times P + F_m \times B_1 \times q \quad (۵-۳)$$

که در آن

$$U = \{ u_1, u_2, u_3, \dots, u_{am} \} \quad (۶-۳)$$

تغییر شکلهای نسبی اعضای سازه در طول مولفه های نیروهای داخلی خود هستند.

فرم ماتریسی رابطه فوق به شکل زیر خواهد بود:

$$[u] = [Fm] \begin{bmatrix} B_0 & B_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} P \\ q \end{bmatrix} \quad (۷-۳)$$

با استفاده از قضیه کار مجازی می توان نشان داد که میزان جابجایی های گرهی با رابطه زیر به

تغییر شکل های نسبی عضو مرتبط است:

$$V = B_0' U_p + B_1' U_q \quad (۸-۳)$$

که ماتریسهای U_p و U_q به ترتیب نماینده زیرمجموعه ای از تغییر شکلهای نسبی عضوی

مربوط به نیروهای خارجی و نیروهای مجهول اضافی بوده و V بردار جابجایی در طول درجات آزادی

و محل حذف مجهولات اضافی می باشد. فرم ماتریسی رابطه فوق مطابق زیر خواهد بود:

$$[v] = \begin{bmatrix} B_0' \\ B_1' \end{bmatrix} [u] \quad (۹-۳)$$

با تلفیق دو رابطه (۸-۳) و (۹-۳) و تفکیک مولفه ها در بردار V داریم:

$$\begin{bmatrix} V_0 \\ V_c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} B_0' \\ B_1' \end{bmatrix} [Fm] \begin{bmatrix} B_0 & B_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} P \\ q \end{bmatrix} \quad (۱۰-۳)$$

که در آن V_0 در برگیرنده تغییر مکانهای مرتبط با اجزای نیروی P و V_c نشانگر تغییر مکانهای

نسبی برشها برای سازه میناست.

با انجام عملیات ضرب ماتریسی خواهیم داشت:

$$\begin{bmatrix} V_0 \\ V_c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} B_0' Fm B_0 & B_0' Fm B_1 \\ B_1' Fm B_0 & B_1' Fm B_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} P \\ q \end{bmatrix} \quad (۱۱-۳)$$

یا

$$V_0 = (B_0^t F m B_0) p + (B_0^t F m B_1) q \quad (۱۲-۳)$$

و

$$V_C = (B_1^t F m B_0) p + (B_1^t F m B_1) q \quad (۱۳-۳)$$

حال شرایط سازگاری بصورت زیر اعمال می شود:

$$(۱۴-۳)$$

$$V_C = 0$$

معادله بالا به همراه معادله (۱۳-۳) منتج می گردد به:

$$q = -(B_1^t F m B_1)^{-1} (B_1^t F m B_0) p \quad (۱۵-۳)$$

که با جایگذاری در معادله (۱۲-۳) خواهیم داشت:

$$V_0 = [B_0^t F m B_0 - (B_0^t F m B_1) (B_1^t F m B_1)^{-1} (B_1^t F m B_0)] p \quad (۱۶-۳)$$

تنشهای داخلی اعضای سازه را می توان بصورت زیر بدست آورد:

$$r = [B_0 - B_1 (B_1^t F m B_1)^{-1} (B_1^t F m B_0)] p \quad (۱۷-۳)$$

ماتریس $G = B_1^t F m B_1$ که در روابط فوق معکوس گردیده است، ضریب دستگاه معادلات سازگاری می باشد. این ماتریس مربعی دارای بعدی برابر با پایه استاتیکی سازه است و ماتریس نرمی سوار شده سازه^۱ یا بطور خلاصه ماتریس نرمی سازه^۲ نامیده می شود. ساختار^۳ این ماتریس رابطه بسیار نزدیکی با ساختار عناصر غیر صفر ماتریس Fm و $B1$ خواهد داشت. انتخاب مناسب دستگاه نیروهای داخلی مستقل در هر عضو و گزینش مناسب دستگاه سیستمهای خودمتعالی مستقل در کل سازه بر ساختار ماتریس G و نحوه پراکندگی عناصر غیر صفر و صفر در آن تاثیر بسزایی دارد.

1- assembled flexibility matrix
3- pattern

2- flexibility matrix

برای حصول یک روش نیروی سودمند ماتریس G بایستی:

- ۱- پرفر^۱ باشد.
- ۲- دارای ساختار و الگوی مناسب باشد، یعنی دارای عرض نوار کم باشد.
- ۳- موزون (خوش وضع) باشد.

برای رسیدن به این شرایط در روش نیروها می توان از مدل ریاضی سازه که تحت عنوان گراف شناخته شده، استفاده نمود. با کمک این مدل و مفاهیم نظیر در نظریه گرافها بطور خودکار پایه استاتیکی و نیروهای مجهول اضافی حاصل می شوند. با تشکیل بهینه این ساختارها در مدل سازه و ترتیب شماره گذاری عناصر موجود در آن می توان آرایش^۲ مناسبی از اعداد صفر و غیر صفر در ضرایب معادلات و ماتریس نرمی نتیجه گرفت.

در رابطه ماتریسی $(3-4)$ ، $B0 \times P$ نماینده نیروهای درختی ویژه و $B1 \times q$ نماینده نیروهای سیکلی مکمل بوده که از مجموعه بیشینه ای از دستگاههای خودمتعادل نیرو که تحت عنوان پایه استاتیکی^۳ معروف بوده، بوجود می آید. تشکیل و تعیین دستگاههای خودمتعادل یکی از اساسی ترین مفاهیم در روشهای تحلیل سازه به روش نیروها بشمار می آید. یک دستگاه خود متعادل زیرمجموعه ای از مدل ریاضی سازه بوده که با کمیات نیرویی متناسب به خود بدون تاثیر نیروهای خارجی، در وضعیت تعادل کامل قرار می گیرد. در یک مدل سازه تعداد زیادی دستگاه خود متعادل با ویژگی های هندسی و توپولوژیکی متفاوت می توان بدست آورد. ولی تنها آنهایی که مستقل بوده و تعدادشان برابر درجه نامعینی استاتیکی سازه باشند برای تحلیل سازه کفایت می کنند. این دستگاه که پایه استاتیکی نامیده می شود به چندین طریق قابل تشخیص و تعیین خواهد بود. ولی ساختار ماتریس های ضرایب رابطه $(3-4)$ که به ترتیب ماتریس تعادل درختی $B0$ و ماتریس تعادل $B1$ خوانده می شوند، ارتباط نزدیکی با این پایه استاتیکی دارند. بنابراین انتخاب اعضای پایه

استاتیکی مناسب از داخل مجموعه کلیه دستگاههای خودمتعادل سازه، که تعداد آنها $2^{\gamma(G)} - 1$ می باشد، ضروری است. [۳ و ۲]

۳-۴ مدل ریاضی سازه

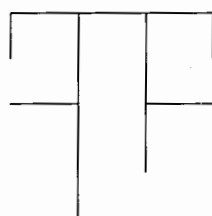
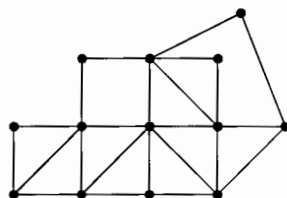
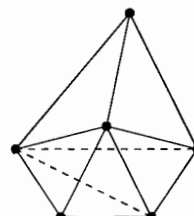
مدل ریاضی سازه اسکلتی یک گراف ساده^۱ است. گراف ساده S شامل مجموعه ای از N عنصر $N(S)$ به عنوان رئوس (گره ها)^۲ و مجموعه ای از M عنصر $M(S)$ به عنوان شاخه ها (اعضا)^۳ به انضمام رابطه تلاقی آنها بوده که برای هر شاخه (عضو) دو راس (گره) مجزا را که دو انتهای هر عنصر نامیده شده، اختصاص می دهد. تناظر یک به یک مابین اتصالات و اعضای یک سازه و رئوس و شاخه های مدل ریاضی آن وجود دارد. اطلاعات اضافی بر روی مدل ریاضی (گراف) سازه با معرفی یک مسیر کوتاه حاوی شاخه های مصنوعی که اتصالات تکیه گاهی سازه را به هم وصل می کند، فراهم می آیند. [۵ و ۲]

۳-۵ پایه سیکل تعمیم یافته یک گراف

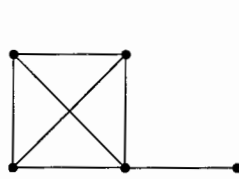
در این بخش، فرض می شود S یک گراف متصل^۴ باشد. برای $\gamma(S) = aM(S) + bN(S) + c\gamma_0(S)$ فرض می شود که ضرایب b و c ضرایب صحیحی از $a > 0$ باشند.

تعریف ۱- یک زیرگراف Si از گراف S به نام زیرگراف اولیه^۱ خوانده می شود هرگاه هیچ زیرگراف $Si \subseteq Si'$ که $\gamma(Si') > 0$ باشد را شامل نباشد. یک زیرگراف صلب پیوسته T از S که شامل تمامی گره های S باشد به نام درخت γ ^۲ نامیده می شود اگر $\gamma(T) = 0$. برای $\gamma(Si) = bl(Si)$ ، درخت γ تبدیل به درخت (مطابق آنچه که در بخش نظریه گرافها تعریف گردید) می شود.

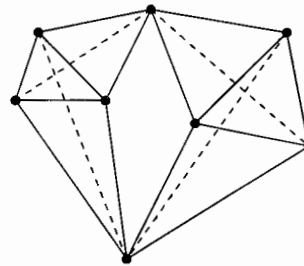
وضوحاً سازه ای که مدل گراف آن بصورت درخت γ باشد، با توجه به اینکه $\gamma(S)$ درجه نامعینی استاتیکی را توصیف میکند، از نظر استاتیکی معین خواهد بود؛ و نیروهای ایجاد شده در تمام نقاط سازه تنها بوسیله روابط تعادل قابل تعیین خواهد بود. مثالهایی از درخت γ در شکل ۳-۳ نشان داده شده است.

(a) $\gamma(S) = 3M - 3N + 3$ (b) $\gamma(S) = M - 2N + 3$ (c) $\gamma(S) = M - 3N + 6$ شکل ۳-۳ چند نمونه درخت γ

توجه کنید که $\gamma(T) = 0$ صلب بودن درخت γ را تضمین نمی کند، به عنوان مثال گرافهای ترسیم شده در شکل زیر هم دارای $\gamma(T) = 0$ بوده و هم صلب نیستند.



$$(a) \gamma(S) = M - 2N + 3$$



$$(b) \gamma(S) = M - 3N + 6$$

شکل ۲-۴ چند نمونه سازه که دارای $\gamma(T)=0$ بوده ولی صلب نیستند

تعریف ۲- هر عضو از (S-T) را یک یال γ^1 می نامیم.

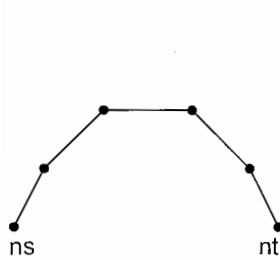
تعریف ۳- یک زیرگراف قابل حذف γ^2 از یک گراف Si یک زیرگراف پایه است که برای آن

$\gamma(S_i - S_j) = \gamma(S_i)$ باشد؛ یعنی خارج کردن S_j از S_i مقدار DSI آن را تغییر نمی دهد.

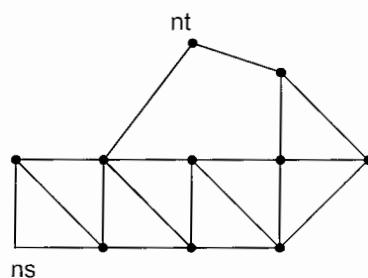
یک درخت γ از S شامل دو گره انتخابی که هیچ زیرگراف قابل حذفی نداشته باشد، به نام

مسیر γ^4 بین این دو گره نامیده می شود. به عنوان مثال گرافهای نشان داده شده در شکل زیر،

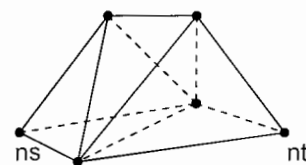
مسیرهای γ بین گره های ns و nt هستند.



$$(a) \gamma(S) = \alpha(M - N + 1)$$



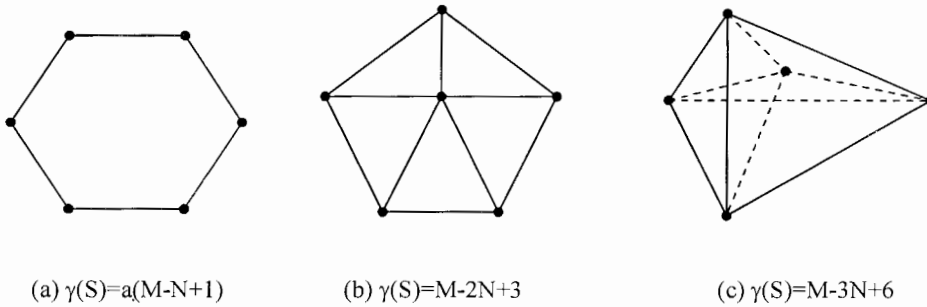
$$(b) \gamma(S) = M - 2N + 3$$



$$(c) \gamma(S) = M - 3N + 6$$

شکل ۲-۵ مثالهایی از مسیر γ

تعریف ۴- زیرگراف پیوسته و صلب S با $\gamma(Ck)=a$ که هیچ زیرگراف قابل حذف ندارد، یک سیکل γ از S می باشد. تعداد کل اعضای Ck که بصورت $L(Ck)$ نشان داده می شود، طول Ck نامیده می شود. مثالهایی از سیکل γ در شکل ۳-۶ نشان داده شده است.



شکل ۳-۶ مثالهایی از سیکل γ

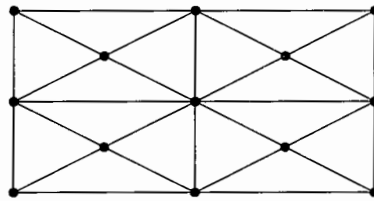
تعریف ۵- فرض کنید mi یک یال γ از T باشد، در اینصورت $T \cup mi$ شامل یک سیکل γ مانند Ci است که به عنوان سیکل γ مبنای S در ارتباط با T تعریف می شود. براحتی می توان نشان داد :

$$\gamma(T \cup mi) = 0 + (a+2b+c) - (2b+c) = a$$

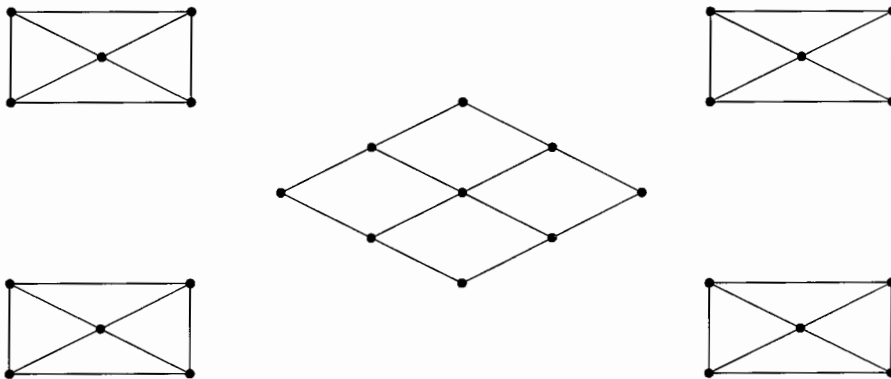
که وجود یک سیکل γ را نشان میدهد. از آنجا که اضافه کردن یک عضو اضافی بین گره های موجود در یک گراف خدشه ای به صلبیت آن وارد نمی کند، برای یک T صلب، سیکل γ مربوطه نیز صلب خواهد بود. یک سیکل γ مبنای S را می توان با حذف تمامی زیرگرافهای قابل حذف در $T \cup mi$ بدست آورد.

تعریف ۶- یک مجموعه بیشینه از سیکل‌های γ مستقل در گراف S ، پایه سیکل تعمیم یافته $(GCB)^1$ را تعریف می‌کند.

یک مجموعه بیشینه از سیکل‌های γ مبنای مستقل از گراف S به نام پایه سیکل تعمیم یافته مبنای S^2 تعریف می‌شود. دیمانسیون چنین پایه‌ای عبارتست از $\eta(S) = \gamma(S)/a$.
به عنوان مثال یک پایه سیکل تعمیم یافته از یک خرابای دوبعدی در شکل ۳-۷ نشان داده شده است.



(الف) یک خرابای دوبعدی S



(ب) یک پایه سیکل تعمیم یافته از S

شکل ۳-۷ یک خرابای مسطح S و اجزای یک GCB از S

تعریف ۷- ماتریس تلاقی سیکل پایه تعمیم یافته - عضو ^۱، یک ماتریس $\eta(S) \times M$ است با درایه های -1 ، 0 و $+1$ ؛ اگر یک سیکل γ مانند C_i شامل عضو m_j باشد $C_{ij}=1$ (or -1) و در غیراینصورت $C_{ij}=0$ خواهد بود.

ماتریس همسایگی سیکل تعمیم یافته ^۲ بصورت $D = C \cdot C'$ تعریف می شود که یک ماتریس $\eta(S) \times \eta(S)$ است. [۳]

۳-۶ پایه سیکلهای تعمیم یافته کمینه ^۲ و بهینه ^۴

یک ماتریس پرفر حاوی درایه های صفر زیاد و غیر صفر کم است. اهمیت پرفر بودن یک ماتریس از آنجا ناشی می شود که بهره برداری از آن منجر به کاهش قابل ملاحظه حجم محاسبات می گردد. از آنجا که ماتریس های بزرگ زیادی در آنالیز سازه های واقعی ایجاد می گردد بسیار سودمند خواهد بود که این ماتریس ها بصورت ماتریس پرفر ساخته شوند.

تعداد درایه های غیر صفر یک ماتریس، به عنوان ضریب پرفری ^۵ آن تعریف شده و با علامت χ نشان داده می شود.

یک پایه سیکل تعمیم یافته $C = \{C_1, C_2, C_3, \dots, C_{\eta(S)}\}$ کمینه خوانده می شود هرگاه منجر شود به یک مقدار حداقل $L(C)$ طبق رابطه زیر :

$$L(C) = \sum_{i=1}^{\eta(S)} L(C_i) \quad (۱۸-۳)$$

1- Generalized cycle basis-member incidence matrix
3- Minimal generalized cycle basis
5- Sparsity coefficient

2- Generalized cycle adjacency matrix
4- Optimal generalized cycle basis

وضوحاً $\chi(C)=L(C)$ بوده و یک GCB کمینه می تواند به صورت پایه ای که کوچکترین $\chi(C)$ را داشته باشد تعریف گردد.

یک GCB که برای آن $L(C)$ نزدیک به حداقل باشد GCB نزدیک کمینه^۱ S نامیده می شود. GCB مربوط به حداکثر پرفری ماتریس همسایگی GCB، به نام پایه سیکل تعمیم یافته بهینه^۲ S نامیده می شود.

اگر $\chi(C)$ بصورت قابل توجهی با مقدار حداقل آن تفاوت نداشته باشد، آنگاه پایه متناظر با آن نزدیک بهینه^۲ خواهد بود.

ضریب قطع ماتریس^۴ $\sigma_i(C)$ برای سطر i ام از ماتریس تلاقی GCB عبارتست از تعداد سطرهای j بنحوی که:

$$(a) \quad j \in \{i+1, i+2, \dots, \eta(S)\}$$

$$(b) \quad C_i \cap C_j \neq 0$$

(شرط (b) بدان معنی است یک k وجود داشته باشد که ستون k از سیکلهای γ ، C_i و C_j

(سطرهای i و j) شامل درایه های غیرصفر باشد).

حال می توان نشان داد:

$$\chi(D) = \eta(S) + 2 \sum_{i=1}^{\eta(S)-1} \sigma_i(C) \quad (3-18)$$

رابطه فوق تناظر بین ماتریس تلاقی GCB (C) و ماتریس همسایگی GCB (D) را نشان

می دهد. از آنجا که $\eta(S)$ برای یک سازه داده شده S مقدار ثابتی است، در راستای حداقل سازی

$\chi(D)$ ، مقدار عبارت $\sum_{i=1}^{\eta(S)-1} \sigma_i(C)$ بایستی حداقل گردد؛ یعنی سیکلهایی با حداقل تعداد همپوشانی

بایستی انتخاب گردد. [۳]

۳-۷ هم ارزی الگوی ماتریس نرمی و ماتریس همسایگی سیکل

ماتریس B_1 ، دربرگیرنده یک پایه استاتیکی (در فرم مجزا)، از نظر الگویی معادل C' می باشد. به طریق مشابهی $B_1' Fm B_1$ از نظر الگویی معادل است با CIC' یا CC' . این تناظر برخی مسائل سازه ای مربوط به توصیف $G = B_1' Fm B_1$ را به مسئله ترکیبی مرتبط با $D = CC'$ تغییر شکل می دهد.

به عنوان مثال اگر یک ماتریس پرفر G مورد نیاز باشد، می توان آن را با افزایش پرفری ماتریس D بدست آورد. بطور مشابهی برای یک G نواری بجای تشکیل دادن اجزای یک پایه استاتیکی (S.E.Ss)، می توان سیکلهای γ متناظر را تشکیل داد. این انتقال سودمندیهایی دارد از جمله اینکه:

- ۱- دیمانسیون D اغلب کوچکتر از دیمانسیون G است. به عنوان مثال برای یک قاب فضایی دیمانسیون D شش برابر و برای یک قاب مسطح سه برابر کوچکتر از دیمانسیون G می باشد.
- ۲- درایه های C و D اعضای Z_2 هستند، از اینرو برای کارکردن در مقایسه با B_1 و G ، که درایه هایشان اعداد حقیقی هستند، ساده تر هستند.
- ۳- پیشرفتهای صورت گرفته در ریاضیات ترکیباتی و تئوری گراف بطور مستقیم برای مسائل سازه ای قابل استفاده می باشد.

- ۴- تناظر بین روشهای جبری و تئوری گراف برقرار می گردد. [۳]

۳-۸ GCB کمینه یک گراف

GCB حداقل یک گراف را می توان بصورت تئوریک با بکار بردن الگوریتم گریدی^۱، که برای ماترویدها^۲ ساخته شده است، پیدا نمود. در اینجا تنها خود الگوریتم بصورت خلاصه ارائه می گردد:

مدل گراف یک سازه را در نظر بگیرید و تمامی سیکلهای γ آن را انتخاب کنید. سیکلهای γ انتخابی را به ترتیب افزایش طول مرتب کنید. این سیکلهای γ را با مجموعه ζ نشان داده و مراحل زیر را دنبال کنید:

مرحله ۱- یک سیکل γ مانند $C1$ را که کوتاهترین طول را دارد، انتخاب کنید. یعنی

$$L(C1) \leq L(Ci) \quad \forall Ci \in \zeta$$

مرحله ۲- دومین سیکل γ مانند $C2$ را از مجموعه $\zeta - \{C1\}$ ، ζ طوری انتخاب کنید که اولاً مستقل از $C1$ باشد و ثانياً

$$L(C2) \leq L(Ci) \quad \forall Ci \in \zeta - \{C1\}$$

مرحله k - متناوباً یک سیکل γ از مجموعه $\zeta - \{C1, C2, \dots, Ck-1\}$ ، ζ طوری انتخاب کنید که اولاً مستقل از $C1$ و $C2$ و ... و $Ck-1$ بوده و ثانياً

$$L(Ck) \leq L(Ci) \quad \forall Ci \in \zeta - \{C1, C2, \dots, Ck-1\}$$

پس از $\eta(S)$ مرحله یک GCB حداقل بدست خواهد آمد. [۳]

۳-۹ روشهایی تجربی برای بدست آوردن GCB نزدیک کمینه

از نظر تئوری، کاربرد مستقیم الگوریتم گریدی منجر به ایجاد یک پایه سیکل کمینه برای یک گراف می شود. این روش قبلاً توسط کاوه و بعدها توسط مولفین دیگر پیشنهاد گردیده است. با این حال اگرچه این الگوریتم نتایج دقیقی را ارائه می دهد، لیکن کاربرد آن در مسائلی که در عمل مطرح می گردد غیراقتصادی و غیرعملی است زیرا

۱- ملزم به تشکیل $2^{h(S)}$ سیکل می باشیم.

۲- ملزم به کنترل استقلال تمامی سیکلها هستیم.

۳- بدست آوردن سیکلهای γ برای برخی توابع $\gamma(S)$ چندان ساده نمی باشد.

در جهت رفع معضلات فوق چندین الگوریتم موثر ارائه شده است که منجر به تشکیل پایه سیکلهای نزدیک به کمینه می گردند. برای تحلیل سازه ها به روش نیرو، بایستی پایه سیکلی حاوی سیکلهایی با حداقل همپوشانی را برگزید. تجربه نشان می دهد که در اکثر مدلهای عملی چنین پایه سیکلی در زمره پایه سیکلهای نزدیک به کمینه یافت می شود. این مساله برنامه هایی را که پایه سیکلهای نزدیک به کمینه را انتخاب می کنند، توجیه می نماید.

در زیر بطور اختصار به چند روش تجربی برای بدست آوردن پایه سیکل نزدیک به کمینه یک گراف اشاره می شود:

روش ۱

این روش یک تعمیم طبیعی از روش بدست آوردن پایه سیکل مبنای یک گراف بوده و شامل مراحل زیر می باشد:

مرحله ۱- یک درخت γ دلخواه از گراف S را انتخاب کرده و یال γ آن را پیدا کنید.

مرحله ۲- برای ایجاد سیکلهای γ مبنای گراف S با توجه به درخت γ انتخابی یک یال γ به درخت γ انتخابی اضافه کنید.

سودمندی این روش در این است که استقلال سیکل‌های γ بوسیله انتخاب یک درخت γ تضمین شده است. بهر حال در این روش سیکل‌های γ انتخابی اغلب نسبتاً طولانی هستند که این امر منجر به تشکیل ماتریسهای همسایگی GCB با حجم بالا می‌گردد. [۳]

روش ۲

این روش در اصل یک نسخه پیشرفته از روش قبلی است که در آن یک درخت γ ویژه بکارگرفته می‌شود و هر یال γ به اعضای درخت γ اضافه می‌گردد پس از اینکه برای تشکیل یک سیکل γ مبنا بکار گرفته شد.

مرحله ۱- مرکز O گراف را انتخاب کنید.

مرحله ۲- یک درخت γ با کوتاهترین شاخه که از گره انتخابی O سرچشمه می‌گیرد، بسازید و یالهای γ آن را با توجه به فاصله شان از گره O مرتب کنید. فاصله یک عضو بصورت جمع کوتاهترین مسیرها^۱ بین گره انتهایی آن و گره O در نظر گرفته می‌شود.

مرحله ۳- یک سیکل γ بر روی یال γ با کوچکترین عدد فاصله ممکن تشکیل داده و یال γ را به اعضای درخت اضافه کنید؛ یعنی $T \cup m1$ را تشکیل دهید.

مرحله ۴- دومین سیکل γ را روی نزدیکترین یال γ به گره O بوسیله پیدا کردن یک مسیر γ در $T \cup m1$. سپس دومین یال γ بکار رفته $m2$ را به $T \cup m1$ اضافه کنید تا $T \cup m1 \cup m2$ بدست آید.

مرحله ۵- متناوباً k امین سیکل γ را روی نزدیکترین یال γ به گره O (که بکار نرفته باشد) بوسیله پیدا کردن یک مسیر γ در $T \cup m1 \cup m2 \cup \dots \cup m_{k-1}$ تشکیل دهید. این مسیر γ به همراه m_k یک سیکل γ را تشکیل می‌دهد.

مرحله ۶- مرحله ۵ را تا زمانی که $\eta(S)$ عدد سیکل γ تشکیل شود، تکرار کنید.

اضافه کردن یالهای γ به اعضای درختهای γ منجر به کاهش قابل توجهی در طول سیکلهای γ می شود و این درحالی است که سادگی کنترل استقلال سیکلها را نیز داریم. [۳]

روش ۳

این روش یک فرآیند ترکیبی را بکار می برد که در هر مرحله از آن یک سیکل γ مستقل انتخاب می گردد و به موارد انتخاب شده قبلی اضافه می گردد. استقلال سیکلها با یک فرآیند کنترلی پذیرش تضمین می گردد:

یک سیکل γ مانند C_{K+1} اضافه شده به سیکلهای γ قبلی $(C^K = C_1 \cup C_2 \cup \dots \cup C_K)$ در صورتی قابل قبول خوانده می شود که:

$$\gamma(C^K \cup C^{K+1}) = \gamma(C^K) + a \quad (19-3)$$

که a ضریبی است که در جدول --- در پیوست ۱ آمده است.

با تعریف الگوی پذیرش مطابق فوق حال می توان الگوریتم را مطابق زیر ارائه نمود:

مرحله ۱- اولین سیکل γ (C_1) را با حداقل طول انتخاب کنید.

مرحله ۲- دومین سیکل γ (C_2) را با حداقل طول بطوری که مستقل از C_1 باشد انتخاب کنید؛

یعنی دومین سیکل γ قابل قبول را با طول حداقل انتخاب نمایید.

مرحله k - متناوباً k امین سیکل γ قابل قبول را با طول حداقل پیدا کنید. این عملیات را تا زمانی

که تعداد $\eta(S)$ سیکل γ مستقل تشکیل دهنده یک GCB نزدیک به کمینه بدست آید ادامه دهید.

یک سیکل γ با طول حداقل بر روی یک عضو دلخواه را می توان با اضافه کردن یک مسیر γ با

طول حداقل بین دو گره انتهایی عضو (که شامل خود عضو نباشد) تشکیل داد. سودمندی اصلی این

الگوریتم احتراز از تشکیل تمام سیکلهای γ و همچنین کنترل استقلال است که بوسیله روشهای

تئوریک گراف عملی است. [۳]

روش ۴ (روش کاوه)

یک برنامه کامپیوتری عمومی برای تشکیل پایه سیکلهای نزدیک به کمینه توسط کاوه ارائه شده است که غالبا پایه سیکلهای کمینه را نتیجه می دهد. زمان اجرای کامپیوتری این برنامه توسط اعمال دو اصلاح بطور قابل توجهی کاهش یافته است. علاوه بر آن ، این عمل سبب ایجاد پایه سیکلهایی با طول بیشتر گردیده است. تصحیحات بعدی که برای غلبه با این مشکل به عمل آمد، سبب ارائه الگوریتم جدیدی گردید که مشکل ایجاد سیکلهایی با طول بیشتر را رفع نمود. این الگوریتم ذیلا ارائه می گردد:

فرض کنید C_i کوچکترین سیکل موجود در گراف S باشد که طول α دارد. زمانی که مقدار α مشخص نگردد مقدار آن برابر ۳ در نظر گرفته می شود.

مرحله ۱- تا آنجایی که مقدور است، سیکلهایی مجاز با طول α ایجاد می گردد. اجتماع این سیکلها با C^m نشان داده می شود.

مرحله ۲- یک سیکل مجاز به طول $\alpha+1$ بر روی یک شاخه غیرمستعمل انتخاب می شود (C_{m+1}). دیگر شاخه های غیر مستعمل برای کنترل سیکلهای مجاز احتمالی به طول α آزمایش می گردند. دوباره یک سیل مجاز به طول $\alpha+1$ پس از تشکیل سیکلهای احتمالی با طول α انتخاب می شود. این روند تا جایی باید ادامه یابد که هیچ سیکل مجاز با طولهای α و $\alpha+1$ یافت نشوند. سیکلهای ایجاد شده با C'' نمایش داده می شوند.

مرحله ۳- یک سیکل مجاز C_{n+1} به طول $\alpha+2$ بر روی یک شاخه غیرمستعمل انتخاب می گردد. سپس شاخه های غیرمستعمل برای ایجاد سیکلهایی با طول α امتحان می شوند. مرحله ۲ را تا هنگامی باید ادامه داد که هیچ سیکل با طولهای α و $\alpha+1$ یافت نشوند. مرحله ۳ را تا هنگامی که هیچ سیکلی با طول α و $\alpha+1$ و $\alpha+2$ یافت نشوند، تکرار می گردد. سیکلهای ایجاد شده با C^p نمایش داده می شوند.

مرحله ۴- یک شاخه بکار گرفته نشده e_{p+1}^g را باید انتخاب نمود و یک سیکل مجاز C_{p+1} به طول کمینه بر روی آن ایجاد کرد. گره های C_{p+1} را مورد آزمایش قرار داده و در صورت عدم وجود

دو گره انتهایی یک شاخه غیرمستعمل در داخل این سیکل باید به مرحله ۵ رفت، و گرنه روند تبادل زیر به کار بسته می شود:

شاخه e_{p+1}^g را که دو گره انتهایی آن در C_{p+1} موجود است، در نظر بگیرید و یک سیکل مجاز با طول کمینه بر روی آن ایجاد نمایید (C_{p+1}^1). سپس جای C_{p+1}^1 و C_{p+1} را تعویض کنید. واضح است که $L(C_{p+1}^1) < L(C_{p+1})$. روند تبادل را در صورتی که شاخه e_{p+1}^{g2} که دو گره انتهایی آن در C_{p+1}^2 موجود باشد، با ایجاد سیکل مجاز C_{p+1}^2 تکرار نمایید. در غیر اینصورت به مرحله ۵ بروید. روند تبادل را تا زمانی که یک شاخه غیرمستعمل یافت شود، که هر دو گره انتهایی آن در سیکل برگزیده قبلی موجود باشد، دنبال کنید.

مرحله ۵- همه شاخه های غیر مستعمل را که با آخرین سیکل انتخاب شده یک گره مشترک دارند، باید واریسی نمود و کوتاهترین سیکل مجاز برای ورود در فهرست سیکلها به عنوان P+1 امین سیکل انتخاب نمود. روند تشکیل سیکل به محض اینکه طول آن از طول سیکل قبلی تجاوز نماید، متوقف می گردد.

مرحله ۶- مراحل مشابه ۲،۳،۴،۵ تکرار می شوند تا تعداد $b1(S)$ سیکل مجاز تشکیل گردد. این سیکلها، پایه نزدیک به کمینه و در بسیاری مدلهای عملی پایه سیکل کمینه را نتیجه می دهند.

الگوریتم فوق، فنی-تجربی می باشد و با مطالعات گسترده بر روی گرافهایی که بصورت تصادفی ایجاد شده اند، انتخاب پایه سیکلهای کمینه در بیش از ۹۵٪ مدلهای پایه سیکلهای نزدیک به کمینه در ۵٪ بقیه حالات تجربه گردیده است. [۵۳]

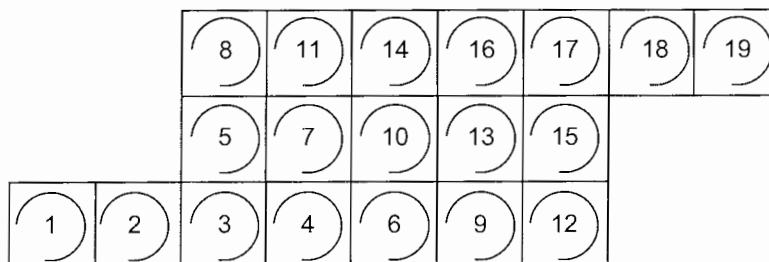
۳-۱۰ ترتیب سیکلها

تحلیل اکثر مسائل مهندسی، منجر به دستگاه معادلات خطی به صورت $Ax=b$ می شوند. این مسائل معمولا حاوی چندین هزار متغیر بوده و ضرایب معادلات غالبا دارای مقادیر زیادی درایه های صفر هستند. حل این دستگاه معادلات به روشهای حذفی گوس و حل جبهه ای صورت می پذیرد.

برای حل موثر، لازم است متغیرها به گونه ای مرتب شوند که انبار حافظه لازم حداقل مقدار ممکن باشد. در این صورت، زمان حل معادلات کاهش یافته و خطاهای ناشی از گرد کردن اعداد نیز کاسته می شود و دقت نتایج حاصل به میزان مطلوبی در می آید. روشهای موثری جهت ترتیب ابداع شده اند که اکثراً از روشهای تئوری گراف بهره می گیرند.

ماتریس نرمی سازه یعنی G در روش نیروها، هم ساختار با ماتریس همسایگی سیکلها یعنی D می باشد. ضریب انبوهی (پرصفری) ماتریس G بستگی به اشتراک سیستمهای خود متعادل و در نتیجه اشتراک سیکلهای انتخاب شده دارد. از طرف دیگر، برای جلوگیری از توزیع درایه های غیر صفر در گوشه و کنار این ماتریس، ترتیب شماره گذاری سیکلها باید به گونه ای باشد که ماتریس D و در نتیجه ماتریس G تا حد ممکن دارای نوار باریک باشند. روشی که در اینجا برای شماره گذاری سیکلها مورد استفاده قرار گرفته است ذیلاً ارائه می گردد.

ابتدا در گراف سازه، یک درخت SRT رشد داده می شود. یک سیکل در مدل G ، با مجموعه ای از گره ها و شاخه ها مشخص می گردد. شماره هر سیکل با توجه به کوچکترین شماره گرهی (شماره کناتور) درخت SRT تعیین می شود. در شماره گذاری سیکلهایی که کوچکترین شماره گرهی آنها برابر باشند، ترتیب بخصوصی اتخاذ نشده است. به هر حال با یک الگوریتم ترتیب گره های یک گراف، گره های یک درخت SRT را شماره گذاری نموده و در ترتیب سیکلها به روش فوق به کار گرفت. به عنوان مثال در شکل ۳-۸ ترتیب سیکلهای انتخاب شده برای یک سازه نمونه نشان داده شده است. [۲]



شکل ۳-۸ ترتیب شماره گذاری سیکلها در یک سازه S

۳-۱۱ فرمول بندی ماتریسی روش ترکیباتی نیروها

برای ملاحظه ابعاد ماتریسی روابط موجود در روش نیرو، ابتدا رابطه (۳-۴) بصورت ماتریسی در نظر گرفته می شود:

$$[F] = [B_0 | B_1] \begin{bmatrix} P \\ R \end{bmatrix} \quad (۳-۲۰)$$

ابعاد ماتریسهای فوق مطابق زیر می باشد:

$$\begin{array}{ll} [F] & 3E' \cdot 1 \\ [B_0 \quad B_1] & 3E' \cdot (3N' + 3NCYCL) \\ \begin{bmatrix} P \\ R \end{bmatrix} & (3N' + 3NCYCL) \cdot 1 \end{array}$$

که در آن E' برابر تعداد اعضای سازه، $NCYCL$ برابر تعداد سیکلهای مستقل گراف سازه (درجه نامعینی سازه) و N' برابر تعداد گره های غیرزمینی مدل سازه می باشند. برای محاسبه نیروهای داخلی $[F]$ ، ضرایب $[B_0]$ و $[B_1]$ و مقادیر مجهولات اضافی $[R]$ باید تعیین گردند.

مقدار نیروهای مجهول اضافی در مدل سازه با توجه به معادلات زیر مشخص می شوند:

$$R = -(B_1' F_m B_1)^{-1} B_1' F_m B_0 P \quad (۳-۲۱)$$

که در آن F_m نرمی اعضای منفرد سازه را شامل می باشد. از ترکیب روابط (۲-۴) و (۲-۲۱) خواهیم داشت:

$$F = [B_0 - B_1 (B_1' F_m B_1)^{-1} B_1' F_m B_0] P \quad (۳-۲۲)$$

اعضای ماتریس F_m بصورت زیر بیان می شوند:

$$F_m = \begin{bmatrix} D_{11}^2 & & & & \\ & D_{22}^3 & & & \\ & & \ddots & & \\ & & & D_{ii}^j & \\ & & & & \ddots \\ & & & & & 0 \end{bmatrix} \quad (۲۳-۳)$$

که هریک از درایه های قطری آن در دستگاه مختصات کلی سازه برابر است با:

$$D_{ii}^j = R_{ij}' d_{ii}^j R_{ij} \quad (۲۴-۳)$$

که در آن:

$$d_{ij}^j = \begin{bmatrix} L/EI & 0 & 0 \\ 0 & L^3/3EI & -L^2/2EI \\ 0 & -L^2/2EI & L/EI \end{bmatrix} \quad (۲۵-۳)$$

در روابط فوق R_{ij} ماتریس دوران دوران عضو ij بوده و L و E و A و I به ترتیب طول، ضریب ارتجاعی مصالح، سطح مقطع و ممان اینرسی عضو ij را بیان میکنند. بعد ماتریس نرمی سوار نشده سازه برابر $3E' \cdot 3E'$ می باشد.

حال ماتریس نرمی کل سازه از رابطه زیر نتیجه می شود:

$$[\Delta] = \begin{bmatrix} B_0' \\ B_1' \end{bmatrix} \begin{bmatrix} D_{11}^2 & & & & \\ & D_{22}^3 & & & \\ & & \ddots & & \\ & & & D_{ii}^j & \\ & & & & \ddots \\ & & & & & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} B_0 & B_1 \end{bmatrix} \quad (۲۶-۳)$$

بعد ماتریس نرمی کل سازه نیز برابر $3E' \cdot 3E'$ می باشد. درنهایت پس از برقراری شرایط سازگاری و تعیین مجهولات اضافی، با توجه به رابطه (۳-۴) نیروهای داخلی و با توجه به رابطه زیر تغییر مکانهای گرهی محاسبه می شوند:

$$\{d\} = [\Delta]\{P\} \quad (۳-۲۷)$$

که در آن $\{d\}$ و $\{P\}$ به ترتیب تغییر مکانهای گرهی و نیروهای خارجی موثر بر سازه میباشند. [۵ و ۳]

۳-۱۲ تشکیل ماتریسهای ضرایب تعادل B0 و B1

کوشش در راه ایجاد این ماتریسها، اساسی ترین هدف در روش نیروها بشمار می رود. اعضای این ماتریسها با استفاده از مفاهیم نظریه گرافها و تشکیل مجموعه ای از سیکلها (پایه سیکلها) به عنوان زیرگراف سیستمهای خود متعادل و مجموعه ای از درختها (جنگل) به عنوان زیرگراف مربوط به زیر سازه های معین و صلب نتیجه می شوند.

پایه سیکلها مجموعه ای بیشینه از سیکلهای مستقل در گراف سازه می باشد. درجه نامعینی استاتیکی سازه از لحاظ عددی در یک قاب مستوی سه برابر تعداد این سیکلها است. در نتیجه، اگر در یکی از شاخه های هر سیکل یک رهایی (متناظر با رهایی نیروی محوری، نیروی برشی و لنگر خمشی در یک انتهای عضو مدل سازه ای) در نظر گرفته شده و موقعیت این رهاییها در گراف منعکس شود، مجموعه ای از زیرسازه های معین در مدل (نظیر مجموعه ای از درختها در یک

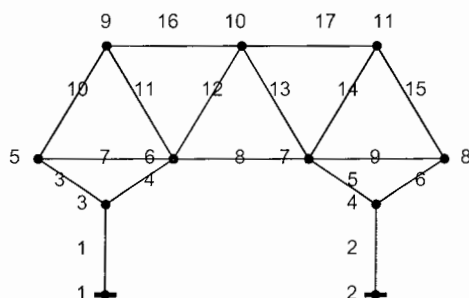
جنگل) مشخص می شوند. توجه به مجموعه سیکلها و مجموعه درختان پدیدآمده در گراف و یاری این مفاهیم در محاسبه اعضای ماتریسهای B_0 و B_1 اساس الگوریتم برنامه را تشکیل می دهد. در واقع هر یک از درایه های این ماتریس با ملاحظه انتقال بارهای واحد در درون هر کدام از این مجموعه ها شکل می گیرند.

۳-۱۲-۱ تشکیل ماتریس B_0 [۵۳]

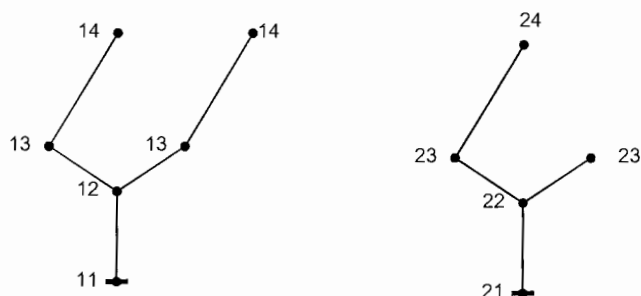
ابعاد این ماتریس $3E' \cdot 3(N - NS)$ است که در آن N تعداد کل گره های سازه و NS تعداد گره های زمین می باشد. درایه های این ماتریس حاصل انتقال بارهای واحد به مجموعه درختهای گراف از نقطه تاثیر تا پی سازه هستند. در اینجا، نخست قراردادهایی که در تعریف مشخصات هر درخت در برنامه بکار رفته اند، ذکر می گردد.

۳-۱۲-۱-۱ شماره گذاری گره های درخت

در یک سازه به تعداد تکیه گاههای موجود، زیر سازه های معین درختی تشکیل می شوند. گره های هر یک از این درختها با یک عدد دو رقمی مشخص می گردند. رقم اول نشانگر شماره درختی است که گره مزبور بر روی آن قرار دارد و رقم دوم نمایانگر فاصله منهای یک از گره ریشه درخت نظیر آن می باشد.



(الف)

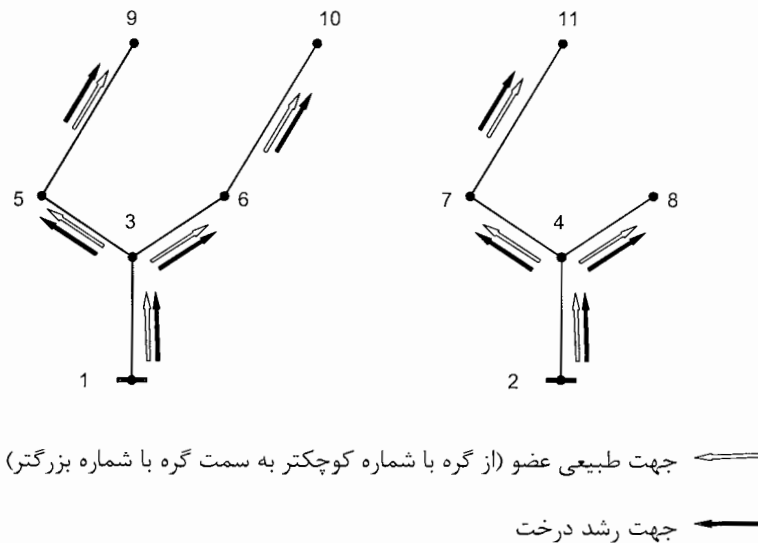


(ب)

شکل ۲-۹ یک گراف S و دو زیر درخت کوتاهترین مسیر از آن به همراه نحوه شماره گذاری گره های آنها

۳-۱۲-۲ جهت گذاری شاخه های یک درخت

عضو اختیاری e_{ij} در یک سازه را که دو گره i و j را به هم می پیوندد ($i < j$) و یک جهت طبیعی بر روی خود مطرح می کند، در نظر بگیرید. جهت مزبور از گره با شماره کوچکتر بسوی گره با شماره بزرگتر به عنوان جهت طبیعی در نظر گرفته می شود. در مجموعه درختهای یک گراف، جهت دیگری را نیز می توان مطرح نمود. فرض کنید که یک درخت از یک گره بخصوص به نام گره ریشه شروع به رشد کند. جهت رشد این درخت بر روی هر یک از شاخه های آن جهت بخصوصی را شکل می دهد که جهت رشد درخت نامیده می شود. تلفیق دو جهت تعریف شده در بالا، برای هر شاخه یک درخت، علامت نیروهای انتقال یافته بر هر عضو را نتیجه می دهد.



شکل ۳-۱۰ جهت گذاری شاخه های درخت

فرض کنید $(B_0)_{ij}$ نشان دهنده نیروهای داخلی متعلق به عضو i در اثر بارهای واحد در جهت محوره‌های مختصات کلی مدل در گره j باشد. این نیروهای داخلی مربوط به گره انتهایی اول (با شماره کوچکتر) عضو می باشند. رابطه موجود بین نیروهای داخلی و بارهای واحد خارجی را می توان بصورت زیر نوشت: (با فرض اینکه صفحه مدل، صفحه $x-y$ دستگاه مختصات کلی باشد).

$$[F]_i = [(B_0)_{ij}] [P]$$

$$[F]_i = \begin{bmatrix} F_{xin} \\ F_{yin} \\ M_{zin} \end{bmatrix} \quad [P]_j = \begin{bmatrix} F_x \\ F_y \\ M_z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix}$$

$$(B_0)_{ij} = \alpha_{ij} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ -\Delta y & \Delta x & 1 \end{bmatrix}$$

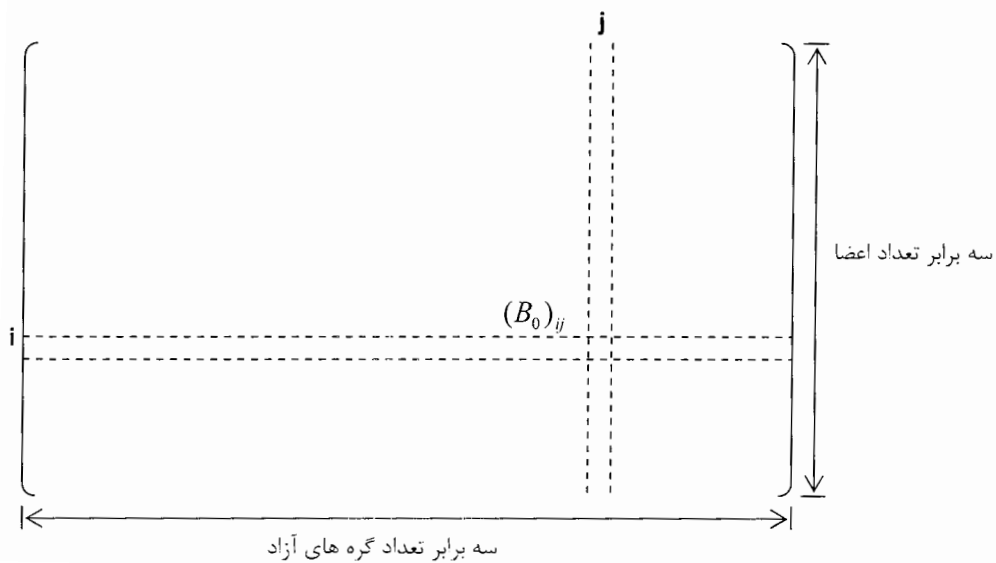
Δx و Δy اختلاف مختصات x و y بین گره j و گره انتهایی اول عضو i مدل سازه می باشد. ضریب α_{ij} مطابق شرایط زیر تعیین می گردد:

- جهت طبیعی عضو همسو با جهت رشد درخت $\alpha_{ij} = 1$

- عضو i داخل اعضای درخت گره j نبوده و یا در طول مسیر اتصال بین گره j و گره ریشه واقع نیست $\alpha_{ij} = 0$

- جهت طبیعی عضو غیر همسو با جهت رشد درخت $\alpha_{ij} = -1$

ساختار زیر ماتریسهای $(B_0)_{ij}$ برای هر گره j و تمامی اعضای i مورد بررسی یا محاسبه قرار گرفته و به صورت زیر در ماتریس $[B_0]$ انبار می شوند:



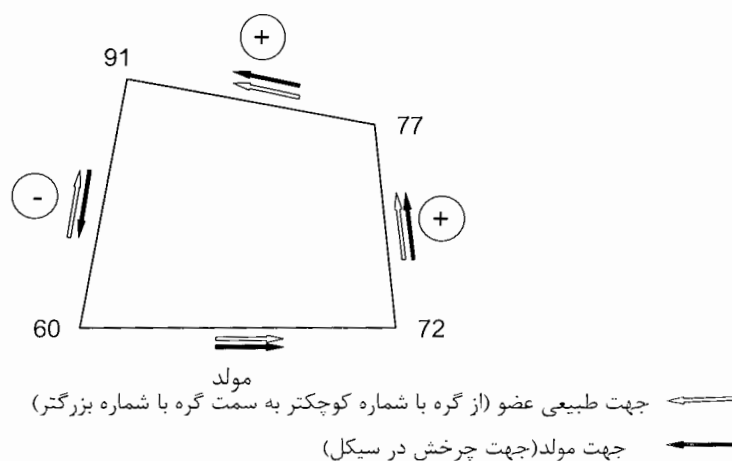
۳-۱۲-۲ تشکیل ماتریس B1 [۵۳]

ابعاد این ماتریس $3E' \cdot 3b_1(S)$ است. اعضای آن را نیز توزیع تنشهای حاصل در سیستمهای خودمعتادلی تشکیل می دهند که توسط سیکلهای برگزیده مشخص می شوند. این نیروهای داخلی با اعمال بارهای واحد مساوی و درخلاف جهت هم در محل بریدگیهایی که از حذف قیود مربوط به مجهولات اضافی در سازه بجا مانده اند، نتیجه می گردند

۳-۱۲-۲-۱ جهت گذاری اعضای یک سیکل

سیکلهایی که با رشد درخت SRT از دو انتهای یک شاخه غیر درختی (یال) به نام مولد شکل می گیرند، شامل یک سری عضوهای مشخص هستند. رهاییها در داخل سیکل بر روی مولد هر سیکل درنظر گرفته می شوند. و البته انتخاب هر یک از اعضای دیگر سیکل به عنوان مولد، امکان پذیر است. در هر صورت، جهت این اعضا نسبت به مولد به ترتیب زیر تعریف می شوند:

یک عضو سیکل هنگامی جهت مثبت دارد که انتهای مولد به ابتدای عضو نزدیکتر از انتهای عضو مزبور باشد. برعکس یک عضو سیکل هنگامی جهت منفی دارد که انتهای مولد به ابتدای عضو دورتر از انتهای عضو مزبور باشد.



شکل ۳-۱۱ جهت اعضای یک سیکل

باید توجه داشت که نزدیکی یا دوری یک گره نسبت به گره دیگر در سیکل، از طریق مسیری که در آن مولد قرار ندارد، مورد قضاوت قرار می گیرد.

حال سیکل j ام را در نظر بگیرید. اگر $(B_1)_{ij}$ ، نیروهای داخلی ناشی از سه بار مساوی و خلاف جهت هم در محل رهاییهای سیکل j ام در i امین عضو باشد، رابطه موجود بین نیروهای داخلی و بارهای واحد مذکور را به صورت زیر می توان نوشت:

$$[F]_i = [(B_1)_{ij}] [R]$$

$$[R]_j = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \\ 1 \end{bmatrix}$$

$$(B_1)_{ij} = \beta_{ij} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ -\Delta y & \Delta x & 1 \end{bmatrix}$$

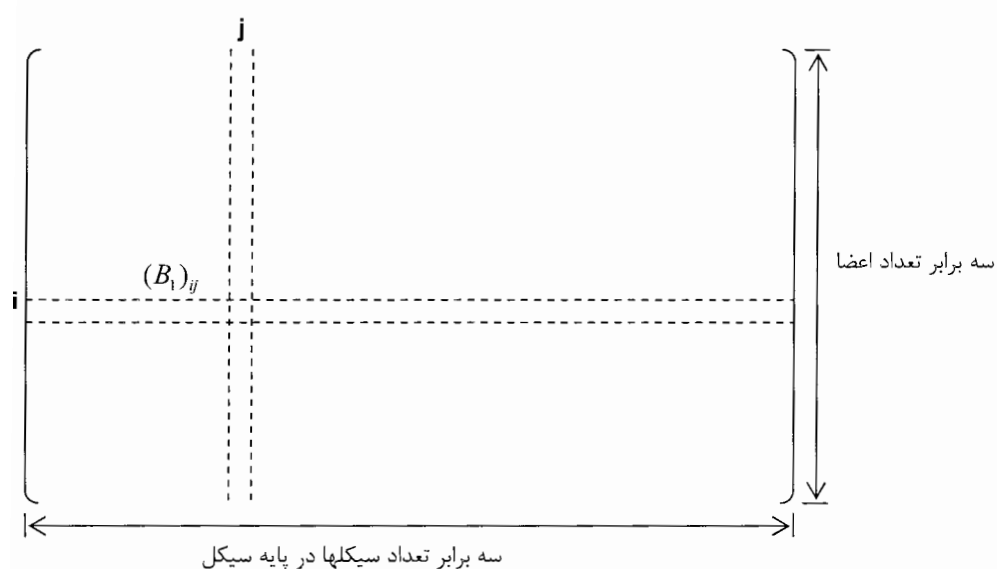
Δx و Δy به ترتیب اختلاف مختصات x و y بین گره ابتدای مولد در سیکل j ام (موضع رهایی) و گره انتهایی اول عضو i ام (محل نیروهای داخلی) می باشد. ضریب β_{ij} مطابق شرایط زیر تعیین می گردد:

- جهت عضو i در سیکل j مثبت باشد $\beta_{ij} = 1$

- عضو i داخل اعضای سیکل j نباشد $\beta_{ij} = 0$

- جهت عضو i در سیکل j منفی باشد $\beta_{ij} = -1$

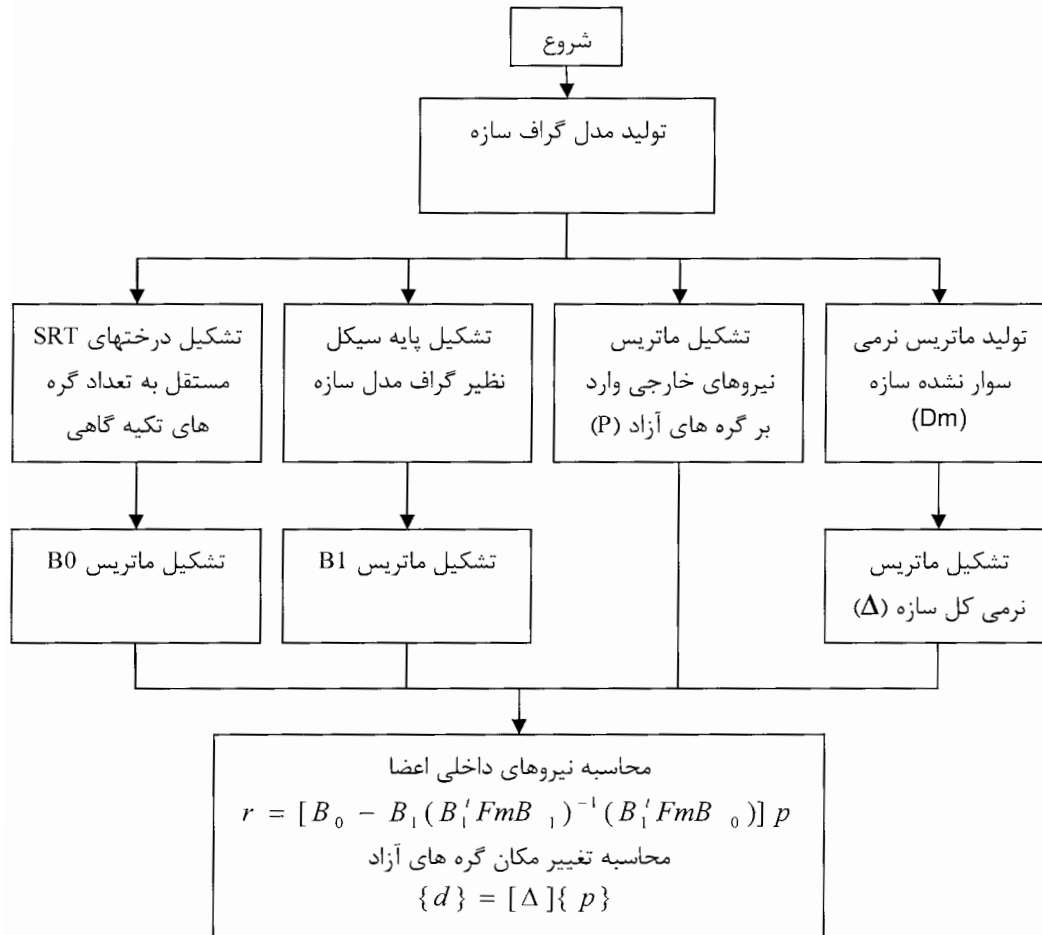
ساختار زیر ماتریسهای $(B_1)_{ij}$ برای هر سیکل j و هر عضو i محاسبه گردیده و به صورت زیر در ماتریس $[B_1]$ انبار می شوند:



۳-۱۳ فلوجارت عملیاتی آنالیز سازه با روش ترکیباتی نیروها

براساس موارد مطروحه در بالا و با عنایت به اصول و مفاهیم بنیادی این روش می توان

فلوجارت زیر را نمایش داد:



شکل ۳-۱۲ فلوجارت عملیاتی آنالیز سازه ها توسط FM

فصل چهارم

آشنایی با الگوریتم ژنتیک

۴-۱ مقدمه

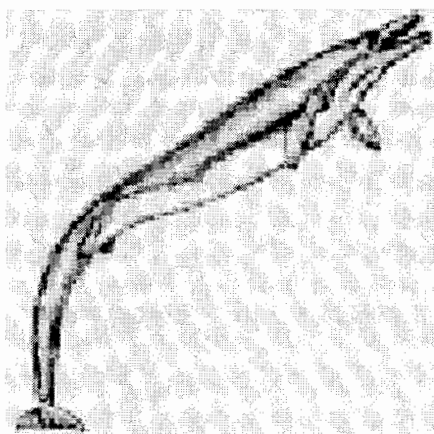
در فصل اول، در بخش ۱-۲-۳ تاریخچه پیدایش و تکامل الگوریتم ژنتیک به اختصار عنوان گردیده است. در این فصل ابتدا با طرح یک مثال طبیعی اصول اساسی بهینه یابی با استفاده از الگوریتم های مبتنی بر نظریه تکامل تدریجی تشریح می شود و سپس اصول نظری و کاربردی و چگونگی تعریف مفاهیم پایه ای الگوریتم ژنتیک مطرح می گردد.

۴-۲ تکامل تدریجی ، بهینه یابی ، الگوریتم ژنتیک [۶]

علومى مانند فیزیک ، زیست شناسی ، اقتصاد یا جامعه شناسی اغلب با مساله ای کلاسیک به نام بهینه یابی سروکار دارند. بطور کلی قسمت وسیعی از توسعه ریاضیات در قرن هجدهم در رابطه با این موضوع بوده است. در این رابطه استفاده از تلفیق نظریه تکامل تدریجی، مساله بهینه یابی و قابلیت الگوریتم های ژنتیک منجر به حل مسائل گوناگون و پیچیده ای شده است. در زیر به تشریح چگونگی ارتباط این عوامل در قالب طرح یک مثال طبیعی می پردازیم :

۴-۲-۱ تکامل تدریجی و بهینه یابی

در جهت سهولت درک ارتباط تکامل تدریجی و مسائل بهینه یابی، زندگی گونه ای جاندار به نام «باسیلوزوروس»^۱ را، که در حدود ۴۵ میلیون سال قبل می زیسته، مورد مطالعه قرار می دهیم.



شکل ۴-۱ باسیلوزوروس

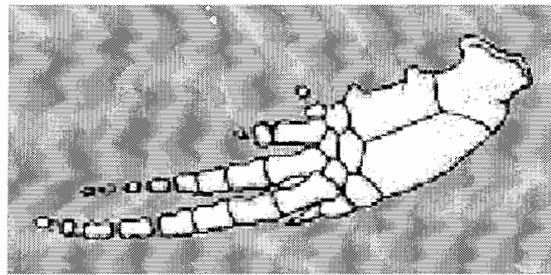
باسیلوزوروس تقریباً نمونه ای نخستین از یک وال^۲ بوده است. این جانور ۱۵ متر طول و ۵ تن وزن داشت و دارای یک سر و پنجه خلفی نسبتاً مستقل بود. این جانور با استفاده از حرکات موجی شکل حرکت می کرد و جانوران کوچک را شکار می نمود؛ اعضای پیشین او به باله هایی با یک آرنج مفصلی خلاصه می شد.

حرکت در آب برای این جانور سخت بوده و به تلاش زیادی نیاز داشت؛ بواقع اعضای پیشین باسیلوزوروس برای شنا کردن تطبیق داده نشده بود. برای تطبیق آنها یک زوج پدیده بایستی اتفاق

1- Basilosaurus

2- Whale

می افتاد : کوتاه شدن بازو با قفل شدن مفصل آرنج و دراز شدن انگشتانی که اساس اصلی باله ها را تشکیل می دادند. در شکل ۲-۳ می توان مشاهده نمود که دو انگشت یک دلفین تا چه اندازه بزرگ شده اند تا برای شنا در آب تطابق یابد.



شکل ۲-۴ اسکلت دست یک دلفین

باسیلوزوروس یک حیوان شکارچی بود و می بایست سریع و دقیق باشد. به مرور زمان باسیلوزوروسها دارای انگشتان بلندتر و بازوهای کوتاه شدند. آنها می توانستند سریعتر و دقیقتر نسبت به قبل حرکت کنند و بنا بر این طولانی تر زندگی کنند و فرزندان بیشتری داشته باشند. در این میان بهبودهای دیگری نیز در خصوص آئرویدینامیک کلی اتفاق افتاد مانند جمع شدن سر به طرف بدن ، بهبود نیمرخ طولی و عرضی ، قوی شدن بالچه دم و ... که سرانجام یک موجود کاملاً منطبق با محدودیت های یک محیط آبی را تشکیل داد.

این فرآیند تطبیق و این بهینه شدن شکل امروزه بسیار کامل شده است. شباهت بین یک کوسه ، یک دلفین ، یک وال ، یک زیر دریایی اتمی (!) و یک هواپیمای بوئینگ ۷۴۷ (!)، قابل توجه است.

مکانیزم داروین یک فرآیند بهینه شدن را بنا کرد؛ مانند بهینه شدن هیدرو دینامیکی برای ماهی ها و سایر جانوران دریایی ، بهینه شدن آئرویدینامیکی برای پرندگان و ... ؛ این مشاهده اساس الگوریتم ژنتیک می باشد. [۶]

۴-۲-۲ تکامل و الگوریتمهای ژنتیک

جان هالند، از دانشگاه میشیگان، کارش را بر روی الگوریتم های ژنتیک در ابتدای دهه ۶۰ آغاز کرد. اولین پیشرفت در این زمینه انتشار کتاب «سازش در سیستم طبیعی و مصنوعی»^۱ در سال ۱۹۷۵ بود.

هالند دو هدف داشت: تقویت فهم فرآیند سازش طبیعی^۲، و طراحی سیستمهای مصنوعی^۳ دارای مشخصات مشابه با سیستمهای طبیعی^۴.

ایده اصلی مطابق آنچه است که خواهد آمد: استخر ژنتیک^۵ یک جمعیت^۶ داده شده بطور بالقوه دارای پاسخ، یا یک پاسخ بهتر، برای یک مساله انطباقی می باشد. البته این پاسخ بالفعل نمی باشد، زیرا ترکیب ژنتیکی که بر روی آن اتکا می کند بین چندین موضوع تقسیم شده است. تنها تجمع ژنهای^۷ مختلف می تواند منجر به حل مساله شود. به عبارت ساده تر، بطور مثال در نظر آورید که کوتاه شدن پنجه و محدود شدن انگشتان باسیلوزوروس بوسیله دو ژن کنترل شده است. هیچ باسیلوزوروسی در ابتدا چنین ژنی ندارد، اما در خلال تولید مکرر ترکیب ژنتیکی^۸ جدیدی حادث می شود و سرانجام یک موجود می تواند یک ژن خوب^۹ را از والدین خود به ارث ببرد. (امروز می توانیم ببینیم پنجه تبدیل به باله شده است).

روش هالند فوق العاده سودمند است زیرا او نه تنها جهش^{۱۰} را در نظر گرفت (جهش به طور بسیار محدود الگوریتم را تقویت میکند)، بلکه از پیوند ژنتیک^{۱۱} استفاده کرد. (این پیوند، بطور عمده ای سازگاری الگوریتم را با مساله و روش حل و در نهایت پیدا کردن مقدار بهینه بالایی برد). [۶]

1- Adaptation in natural and artificial system
3- Artificial systems
5- Genetic pool
7- Gene
9- Good gene
11- Genetic recombination/Crossover

2- Natural adaptation
4- Natural systems
6- Population
8- Genetic combination
10- Mutation

۴-۳ مبانی الگوریتم ژنتیک

الگوریتم های ژنتیک از تئوری تکامل تدریجی داروین الهام گرفته شده اند. حل مساله با الگوریتم ژنتیک یک فرآیند پویا را شامل می شود.

الگوریتم با یک مجموعه از جوابها (که بوسیله کروموزوم^۱ هایی نشان داده می شوند) به نام جمعیت^۲ آغاز می شود. جوابها از یک جمعیت گرفته شده و برای ایجاد جمعیت جدیدی بکار می روند. هدف این است که جمعیت جدید از جمعیت پیشین بهتر باشد. از اینرو معیار انتخاب^۳ جوابهایی که برای ایجاد جوابهای جدید (فرزندان) انتخاب می شوند شایستگی آنها خواهد بود به عبارتی هر قدر شایستگی^۴ یک جواب بیشتر باشد، شانس بیشتری برای تولید نسل دارد.

این امر تا زمانی که شرایط خاصی (به عنوان مثال تعداد جمعیت ها یا بهبود بهترین جواب) حکمفرما گردد تکرار می شود.

۴-۳-۱ مراحل کلی الگوریتم ژنتیک

- ۱- آغاز : تولید جمعیت اتفاقی n کروموزومی (جوابهایی حدسی برای مساله).
 - ۲- شایستگی : محاسبه شایستگی $f(x)$ متناظر با هر کروموزوم x در جمعیت.
 - ۳- جمعیت جدید : ایجاد یک جمعیت جدید بوسیله تکرار مراحل زیر تا هنگامی که جمعیت جدید کامل گردد:
- الف- انتخاب: انتخاب دو کروموزوم والدین از جمعیت با توجه به شایستگی آنها (هر چه شایستگی بالاتر باشد شانس انتخاب بالاتر خواهد بود).

ب- پیوند^۱: پیوند والدین با یک احتمال (نرخ) پیوند^۲ برای تشکیل فرزندان. (اگر از روش پیوند استفاده نکنیم فرزندان دقیقاً به مثابه کپی والدین خواهند شد.)

ج- جهش: تغییر فرزندان جدید با یک احتمال (نرخ) جهش^۳، از طریق تغییر مقدار ژن ها در کروموزوم.

د- پذیرش: قرار دادن فرزندان جدید در یک جمعیت جدید.

۴- جایگزینی: بکار بردن جمعیت تازه ایجاد شده برای دور آینده اجرای الگوریتم.

۵- آزمایش: اگر شرایط انتهایی بدست آید برنامه متوقف شده و بهترین جواب موجود در جمعیت را معرفی می کند.

۶- بازگشت: بازگشت به مرحله ۲.

همانگونه که می دانیم روند کلی GA بسیار کلی است. پارامترها و شرایط بسیاری هستند که می توانند بطور بسیار متفاوت در مسائل مختلف بکار روند.

اولین سوال این است که چگونه باید کروموزوم ها را ساخت و چه نوع رمز بندی^۴ برای این کار انتخاب گردد. سپس باید دو پارامتر اساسی GA یعنی پیوند و جهش را تعریف کرد.

سوال بعدی این است که چگونه والدین را برای پیوند انتخاب کنیم. این امر از طرق مختلفی امکان پذیر است اما ایده اصلی انتخاب بهترین والدین است به امید اینکه والدین بهتر فرزندان بهتری تولید کنند.

ممکن است فکر کنید که تولید جمعیت تنها بوسیله دو کروموزوم والدین ممکن است باعث شود بهترین کروموزوم از جمعیت قبل را از دست بدهید. این صحیح است، از اینرو در روشهای انتخاب اغلب نخبه گرایی^۵ محدود مورد استفاده قرار می گیرد (که در آینده تشریح می گردد). [۷]

1- Crossover

3- Mutation probability

5- Elitism

2- Crossover probability

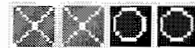
4- Encoding

۴-۴ عملکرد الگوریتم ژنتیک

به عنوان مثال، یک جهان ژنتیک ساده را در نظر می گیریم. «کروموزوم» یک گروه از خصوصیات مرتبط را رمز بندی می کند و «ژن» فعالیت یا عدم فعالیت یک خصوصیت را رمز بندی می کند.

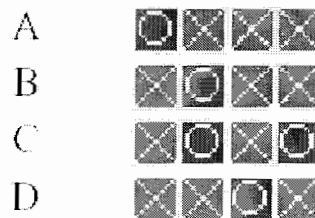
بگذارید فضای ژنتیک عمومی را برای چهار باسیلوزوروس متعلق به این جهان بررسی کنیم. کروموزوم هایی را که طول اعضای خلفی را رمز بندی می کنند در نظر خواهیم گرفت. طول پنجه و طول انگشتان بوسیله چهار ژن رمزبندی می شوند: دو تای اول پنجه و دوتای دیگر انگشتان را رمز بندی می کنند.

در نمایش ژن ها ، علامت دایره فعالیت یک خصوصیت را نشان میدهد و علامت ضربدر عدم فعالیت را نشان می دهد. ژن ایده آل (پنجه کوتاه و انگشتان بلند) عبارتست از:



شکل ۴-۳ ژن ایده آل (پنجه کوتاه و انگشتان بلند) باسیلوزوروس

فضای ژنتیک جمعیت اولیه مطابق شکل ۴-۴ در نظر گرفته می شود:



شکل ۴-۴ فضای ژنتیک ژنهای طول انگشتان و پنجه باسیلوزوروس

می توانیم به این نکته توجه کنیم که A و B به نیاکان خود بیش از دیگران نزدیک هستند؛ آنها تقریباً دارای پنجه بلند و انگشتان کوچک هستند. بر خلاف اینها D به پهنه نزدیک است، و تنها نیاز به یک بلند شدن جزئی انگشتان دارد.

این حالت خاصی از جهان ما است که قابلیت تحرک ملاک اصلی بقا و تولید نسل است. در نتیجه هیچ جانور ماده ای به راحتی نمی پذیرد که با یک باسیلوزوروس که پنجه اش مشابه A باشد ازدواج کند. اما همه آنها این آرزو را دارند که روزی با D ملاقات کنند.

شایستگی را به راحتی می توان محاسبه نمود: تنها بایستی به هر ژن یک امتیاز در تناسب با حالت ایده آل بدهیم. در اینصورت ژن کامل چهار امتیاز خواهد گرفت. احتمال تولید نسل یک موجود به طور مستقیم به این مقدار بستگی خواهد داشت.

در مثال بالا به نتایج زیر دست خواهیم یافت:

جدول ۴-۱ مقادیر شایستگی و احتمال تولید نسل

Subjec	Fitness	Reproduction probability
A	1	$1/7=0.143$
B	1	$1/7=0.143$
C	2	$2/7=0.286$
D	3	$3/7=0.428$
Total	7	$7/7=1$

یک سیکل از تولید نسل را با چهار فرزند تولید شده در نظر خواهیم گرفت. C دوبار انتخاب خواهد شد و دو فرزند خواهد داشت و A و B تنها یک بار انتخاب خواهند شد؛ همچنین D چهار بار انتخاب خواهد شد. الگوی تولید نسل مطابق زیر است :

جدول ۴-۲ یک سیکل از تولید نسل باسیلوزوروس

Subject	Received genes	Genome	Fitness	Reproduction probability
A'	A :  D : 	   	2	2/10=0,2
B'	B :  D : 	   	2	2/10=0,2
C'	D :  C : 	   	3	3/10=0,3
D'	C :  D :  	   	3	3/10=0,3
Total			10	10/10=1

در تولید نسل پیوند در یک محل اتفاقی (مرکز ژن برای A' و B' و C' و دقیقاً بعد از ژن اول برای D') اتفاق می افتد.

ارتباط موجود بین درجه شایستگی و احتمال تولید نسل منجر می شود به یک روند برای افزایش میانگین شایستگی جمعیت؛ در مثال ما این مقدار از ۷ به ۱۰ ارتقا می یابد.

در خلال سیکل بعدی تولید نسل، C' و D' یک فرزند مشترک خواهند داشت :

$$D' : \begin{array}{c} \text{X} \text{X} \text{O} \\ \text{X} \text{X} \text{O} \end{array} + C' : \begin{array}{c} \text{O} \\ \text{O} \end{array} = \begin{array}{c} \text{X} \text{X} \text{O} \text{O} \\ \text{X} \text{X} \text{O} \text{O} \end{array}$$

شکل ۴-۵ فرزند از C' و D'

موجود جدید ژن مورد نظر را به ارث برده است و پنجه تبدیل به انگشت شده است.

بنا بر این ملاحظه می شود اساس الگوریتمهای ژنتیک ساده است:

- ۱- رمز بندی مساله در یک رشته دو دویی.
- ۲- تولید اتفاقی یک جمعیت؛ که همان فضای ژنتیکی است که یک گروه از حل های حدسی را ارائه می دهد.
- ۳- محاسبه مقدار شایستگی هر موجود؛ که بطور مستقیم به فاصله یا اختلاف نسبت به حالت بهینه بستگی دارد.
- ۴- انتخاب موجوداتی که با هم ازدواج می کنند با توجه به سهمشان از شایستگی کلی جمعیت.
- ۵- پیوند و جهش ژن ها .
- ۶- شروع مجدد از مرحله ۳ .

هرچند پیوند اساس الگوریتمهای ژنتیک است، اما اهمیت جهش از آن کمتر نیست. به واقع ممکن است جواب مورد انتظار در فضای ژنتیک داده شده (هر قدر هم بزرگ باشد) اتفاق نیافتد. جهش اجازه می دهد ظهور ترکیبات ژنتیکی جدیدی که با گسترش دامنه فضای جستجو همراه است، شانس پیدا کردن حل بهینه را بالا ببرد. [۶]

۴-۵ عملگرهای GA [۱۳]

همانگونه که در طرح کلی الگوریتم ژنتیک دیدیم، پیوند و جهش از بخشهای مهم الگوریتم ژنتیک هستند. عملکرد الگوریتم ژنتیک بطور اساسی تحت تاثیر این دو عملگر می باشد. قبل از اینکه پیوند و جهش را شرح دهیم اطلاعاتی درباره رمزبندی کروموزوم ها ارائه می شود.

۴-۵-۱ رمز بندی^۱ یک کروموزوم

هنگام آغاز حل یک مساله با GA، رمز بندی کروموزوم ها اولین کاری است که باید انجام شود. رمز بندی بستگی کامل به خود مساله دارد.

یک کروموزوم بایستی حاوی اطلاعاتی مطابق با جواب حاصل باشد. روشی که بیش از همه برای رمزبندی مورد استفاده قرار گرفته است روش رشته دودویی (باینری)^۲ می باشد. در این روش هر کروموزوم بوسیله یک رشته دودویی نشان داده می شود. هر بیت^۳ در رشته (کروموزوم) می تواند ارائه دهنده برخی مشخصات جواب باشد. امکان دیگر این است که کل رشته یک عدد را ارائه دهد (که این روش در GA پایه بکاررفته است).

البته راههای بسیاری برای رمزبندی وجود دارد. روش رمزبندی اساسا به ماهیت مساله بستگی دارد. به عنوان مثال می توان مستقیما اعداد صحیح یا حقیقی را رمزبندی کرد و گاهی اوقات سودمند است که برخی تبدیل ها و ... را رمزبندی کنیم. در این بخش برخی روشهای رمزبندی که تاکنون با موفقیت نسبی بکار رفته اند معرفی خواهد شد.

۴-۵-۱-۱ رمزبندی دودویی (باینری)

رمزبندی دودویی اساسا رایج ترین نوع رمزبندی است زیرا اولین محققین GA این نوع از رمز بندی را بکار برده اند و از طرفی این روش نسبتا ساده است.

در رمز بندی دودویی، هر کروموزوم یک رشته از بیت ها با مقدار صفر یا یک می باشد.

جدول ۴-۳ کروموزوم هایی با رمز بندی دودویی

Chromosome A	101100101100101011100101
Chromosome B	111111100000110000011111

رمز بندی دودویی، کروموزوم های ممکن زیادی را با کمک تعداد محدودی ژن ارائه می دهد. از طرف دیگر این رمز بندی گاهی برای برخی مسائل طبیعی مناسب نیست و اصلاحاتی در تعریف پیوند و جهش بایستی انجام گیرد.

۴-۵-۱-۲ رمز بندی تبدیل^۱

رمز بندی تبدیل می تواند در مسائل ترتیبی مانند مساله فروشنده دوره گرد^۲ یا مساله ترتیب کارها^۳ بکار رود.

در رمز بندی تبدیل، هر کروموزوم یک رشته از اعداد است که یک مکان را در یک توالی ارائه می کند.

جدول ۴-۴ کروموزوم هایی با رمز بندی تبدیل

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

رمز بندی تبدیل برای مسائل ترتیبی سودمند است. از طرفی در تعریف پیوند و جهش برخی اصلاحات نیز بایستی انجام گیرد.

۴-۵-۱-۳ رمز بندی مقداری^۴

رمز بندی مقداری مستقیماً می تواند در مسائلی که تعدادی مقادیر پیچیده مانند اعداد حقیقی در آن بکار رفته است مورد استفاده قرار گیرد؛ کاربرد رمز بندی دودویی برای این نوع از مسائل مشکل خواهد بود.

1- Permutation Encoding
3- Task ordering problem

2- Travelling salesman problem
4- Value Encoding

در رمزبندی مقداری، هر کروموزوم یک توالی از تعدادی مقدار می باشد، مقادیر می توانند هر چیز مربوط به مساله باشد مانند اعداد (حقیقی)، کاراکتر یا هر موضوع دیگر.

جدول ۴-۵ کروموزوم هایی با رمز بندی مقداری

Chromosome A	1.2324 5.3243 0.4556 2.3293 2.4545
Chromosome B	ABDJEIFJDHDIERJFDLDFLFEGT
Chromosome C	(back), (back), (right), (forward), (left)

رمز بندی مقداری گزینه خوبی برای برخی مسائل خاص می باشد. به هر حال برای این رمزبندی اغلب لازم است که پیوندها و جهش های خاصی را برای مساله تعریف کنیم.

۴-۱-۵-۴ رمز بندی درختی^۱

در رمزبندی درختی، هر کروموزوم یک درخت از تعدادی موضوع است، مانند توابع یا دستورها در زبان برنامه نویسی.

جدول ۴-۶ کروموزوم هایی با رمز بندی درختی

Chromosome A	Chromosome B
$(+ x (/ 5 y))$	$(do_until\ step\ wall)$

رمزبندی درختی برای برنامه های تکامل تدریجی یا هر ساختار دیگری که بتواند رمزبندی شود بصورت درختی سودمند است. زبان برنامه نویسی LISP اغلب برای این هدف بکار می رود، از آنجا که برنامه ها در LISP مستقیماً به فرم درختی ارائه شده و می توانند به سادگی بصورت درخت تجزیه شوند. عملیات پیوند و جهش نیز متناسباً به سادگی قابل انجام هستند.

۴-۵-۲ پیوند^۱

پس از آنکه تصمیم گرفتیم چه نوع رمز بندی را بکار ببریم، می توانیم مبادرت به عملیات پیوند کنیم. عملگر پیوند روی ژنهای منتخب از کروموزوم های والدین عمل می کند و فرزندان جدید را تولید می کند. ساده ترین راه برای انجام این کار انتخاب اتفاقی تعدادی نقاط قطع و کپی کردن تمام چیزهای قبل از این نقطه از والد اول و کپی تمام چیزهای بعد از نقطه قطع از والد دیگر است. روش پیوند را می توان با مثال زیر روشن نمود (علامت | نشانگر نقطه قطع می باشد):

جدول ۴-۷ پیوند یک نقطه ای دو کروموزوم

Chromosome 1	11011 00100110110
Chromosome 2	11011 11000011110
Offspring 1	11011 11000011110
Offspring 2	11011 00100110110

راههای دیگری نیز برای پیوند وجود دارد، به عنوان مثال می توان نقاط قطع بیشتری را انتخاب کرد. پیوند می تواند کاملاً پیچیده باشد و این اساساً به روش رمزبندی کروموزوم ها بستگی دارد. گاهی اوقات ساختن یک پیوند خاص برای یک مساله می تواند عملکرد الگوریتم ژنتیک را بهبود بخشد. در زیر چند نوع پیوند را برای انواع رمزبندی معرفی می نماییم.

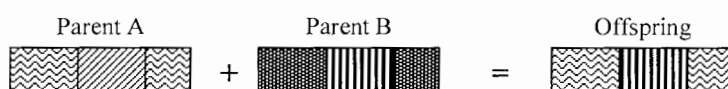
۴-۵-۲- پیوند در رمز بندی دودویی

پیوند یک نقطه ای^۱: یک نقطه از کروموزوم برای پیوند انتخاب می گردد، رشته دودویی از ابتدای کروموزوم تا نقطه پیوند از یکی از والدین کپی می شود و بقیه کروموزوم از دیگری کپی می گردد.



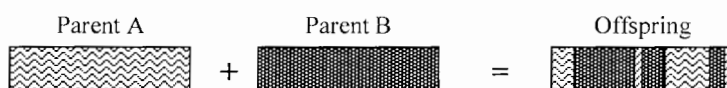
$$11001011 + 11011111 = 11001111$$

پیوند دو نقطه ای^۲: دو نقطه از کروموزوم انتخاب می گردد، رشته دودویی از ابتدای کروموزوم تا نقطه پیوند اول از یکی از والدین کپی می شود، قسمت حداثفصل نقاط پیوند اول و دوم از دیگری کپی می گردد و بقیه کروموزوم نیز از اولی کپی می شود.



$$11001011 + 11011111 = 11011111$$

پیوند یکنواخت^۳: بیت ها بصورت اتفاقی از والدین کپی می شوند.

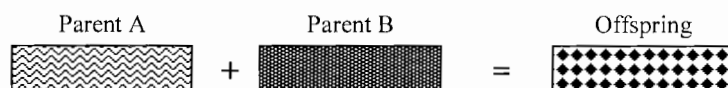


$$11001011 + 11011101 = 11011111$$

1- Single point crossover
3- Uniform crossover

2- Two point crossover

پیوند عددی^۱: چند عمل عددی برای تولید فرزندان جدید بکار می رود.



$$11001011 + 11011111 = 11001001 \text{ (AND)}$$

۴-۵-۲ پیوند در رمز بندی تبدیل

پیوند یک نقطه ای: یک نقطه پیوند انتخاب شده و تبدیل از والد اول تا نقطه پیوند کپی می شود ، سپس والد دیگر بررسی شده و اگر عددی هنوز در فرزند تولید شده وجود نداشته باشد، اضافه می گردد.

نکته: راههای دیگری نیز برای تولید بقیه کروموزوم (از نقطه پیوند تا انتهای کروموزوم) وجود دارد.

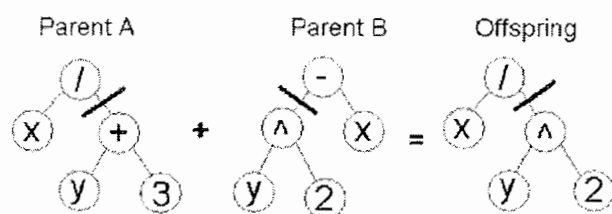
$$(1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6\ 7\ 8\ 9) + (4\ 5\ 3\ 6\ 8\ 9\ 7\ 2\ 1) = (1\ 2\ 3\ 4\ 5\ 6\ 8\ 9\ 7)$$

۴-۵-۳ پیوند در رمز بندی مقداری

تمامی پیوند های مربوط به رمز بندی دودویی را می توان استفاده نمود.

۴-۵-۴ پیوند در رمز بندی درختی

پیوند درختی^۲: یک نقطه پیوند در هر دو کروموزوم والدین انتخاب شده، سپس والدین از همان نقطه تقسیم شده و قسمت های زیر آن نقطه جایگزین شده و فرزندان جدید تولید می گردد.



شکل ۴-۶ مثالی از پیوند درختی

۴-۵-۳ جهش^۱

پس از آنکه عملیات پیوند انجام گرفت، عملیات جهش انجام می گیرد. جهش با هدف جلوگیری از سقوط تمامی جوابها در جمعیت به یک بهینه محلی انجام می گیرد. عملکرد جهش فرزندان منتج شده از عملیات پیوند را بطور اتفاقی تغییر می دهد. در رمزبندی دودویی می توانیم یک تعداد بسیار کم از بیت هایی که بطور اتفاقی انتخاب می شوند را از یک به صفر و یا از صفر به یک تغییر دهیم. فرآیند جهش در مثال زیر نشان داده شده است:

جدول ۴-۸ مثالی از جهش در دو کروموزوم فرزند

Original offspring 1	1101111000011110
Original offspring 2	1101100100110110
Mutated offspring 1	1100111000011110
Mutated offspring 2	1101101100110110

تکنیک جهش همانند پیوند اساساً به روش رمزبندی کروموزوم ها بستگی دارد؛ به عنوان مثال هنگامی که تبدیل ها را رمزبندی می کنیم، جهش می تواند بصورت تعویض دو ژن معرفی گردد. در زیر چند نوع جهش را برای انواع رمزبندی معرفی می نماییم.

۴-۵-۳ جهش در رمز بندی دودویی

وارون سازی بیت ها: برخی بیت های انتخابی وارون می شوند.



11001001 => 10001001

۴-۵-۳ جهش در رمز بندی تبدیل

تغییر رتبه: دو عدد انتخاب شده و تغییر می یابند.

(1 2 3 4 5 6 8 9 7) => (1 8 3 4 5 6 2 9 7)

۴-۵-۳ جهش در رمز بندی مقداری

اضافه کردن یک عدد کوچک (برای رمز بندی مقادیر حقیقی): در این روش یک عدد کوچک به مقادیر انتخاب شده اضافه می شود (یا کسر می گردد).

(1.29 5.68 2.86 4.11 5.55) => (1.29 5.68 2.73 4.22 5.55)

۴-۵-۴ جهش در رمز بندی درختی

عملگر تغییر عدد: گره های انتخابی تغییر می یابند.

۴-۶ پارامترهای GA^۱ [۱۳]

دو پارامتر اساسی GA وجود دارد: احتمال (نرخ) پیوند و احتمال (نرخ) جهش. در کنار این پارامترهای مهم یکسری پارامترهای دیگر نیز نقش ایفا می کنند که در ادامه به اختصار به پارامترهای مورد استفاده در الگوریتم ژنتیک اشاره می شود:

۴-۶-۱ احتمال (نرخ) پیوند^۲

اگر فرآیند پیوند نباشد، فرزندان دقیقاً همانند والدین خواهند بود. اگر پیوند داشته باشیم، فرزندان از قسمتهای مختلف کروموزوم والدین ساخته می شوند. اگر احتمال پیوند ۱۰۰٪ باشد در این صورت تمامی فرزندان بوسیله پیوند ساخته می شوند و اگر ۰٪ باشد تمام نسل جدید دقیقاً کپی کروموزوم های جمعیت پیشین خواهد بود. پیوند با این هدف ساخته شده است که کروموزوم های جدید بخشهای خوب کروموزوم های قبلی را در برداشته و از اینرو کروموزوم های جدید بهتر باشند. به هر حال مناسب است که برخی بخشهای جمعیت پیشین را برای حضور در نسل بعدی رها کنیم.

۴-۶-۲ احتمال (نرخ) جهش^۳

اگر فرآیند جهش نباشد، فرزندان بلافاصله پس از پیوند (یا کپی مستقیم) و بدون هیچ تغییری تشکیل می شوند. اگر جهش داشته باشیم یک بخش (یا بیشتر) از یک کروموزوم تغییر می کند. اگر احتمال جهش ۱۰۰٪ باشد تمام کروموزوم تغییر می کند و اگر ۰٪ باشد هیچ چیز تغییر نمی کند. جهش بطور کلی از سقوط GA به نقاط اکسترمم محلی جلوگیری می کند. جهش نبایستی زیاد اتفاق بیافتد زیرا در اینصورت GA در اصل به شکل جستجوی اتفاقی در خواهد آمد.

1- Parameters of GA
1- Mutation probability/rate

2- Crossover probability/rate

۴-۶-۳ اندازه جمعیت^۱

اندازه جمعیت یعنی اینکه چه تعداد کروموزوم در جمعیت (در یک نسل) وجود دارد. اگر تعداد کمی کروموزوم داشته باشیم، GA احتمال کمی برای اجرای پیوند دارد و تنها یک بخش کوچک از فضای جستجو مورد استفاده قرار می گیرد. از طرف دیگر اگر تعداد کروموزوم ها بسیار زیاد باشد، GA سرعت کمی خواهد داشت. تحقیقات نشان می دهد که از یک محدوده خاص به بعد (که اساسا به روش رمزبندی و خود مساله بستگی دارد) سودمند نیست که جمعیت های بسیار بزرگ را بکار ببریم، زیرا مساله را سریعتر از حالت جمعیت های با اندازه متوسط حل نمی کند. [۱۳ و ۷]

۴-۷ شایستگی^۲

برای محاسبه شایستگی هریک از کروموزوم ها در هر نسل نیاز به تعریف تابعی به نام تابع شایستگی می باشد. در زیر به برخی تعاریف ارائه شده اشاره می شود:

۴-۷-۱ تابع شایستگی^۳

برای تابع شایستگی تعاریف متنوعی ارائه شده است. راجیو و کریشنامورتی در مقاله خود [۹]، رابطه زیر را پیشنهاد نموده اند:

$$F = [\phi_{\max}(\mathbf{X}) + \phi_{\min}(\mathbf{X})] - \phi(\mathbf{X}) \quad (1-4)$$

در رابطه فوق F و $\phi(X)$ به ترتیب مقادیر شایستگی و تابع هدف اصلاح شده^۱ هر کروموزوم و $\phi_{\min}(X)$ و $\phi_{\max}(X)$ به ترتیب حداکثر و حداقل مقدار تابع هدف اصلاح شده در جمعیت جاری می باشد. طبق رابطه بالا کروموزومی با کمترین مقدار تابع هدف اصلاح شده، بیشترین مقدار شایستگی به آن تعلق می گیرد. ساکاموتا و ادا در مقاله خود [۱۰]، تابع شایستگی مقیاس شده F را بصورت زیر تعریف کرده اند:

$$F = -a\phi(X) + b \quad ; \quad \phi(X) = f(X) + r \sum_{q=1}^Q \max[0, g_q(X)]$$

$$a = \phi_{avg}(\alpha - 1) / (\phi_{avg} - \phi_{\min}) \quad ; \quad b = \phi_{avg}(\alpha\phi_{avg} - \phi_{\min}) / (\phi_{avg} - \phi_{\min}) \quad (۲-۴)$$

در روابط فوق $\phi_{\min}$ و ϕ_{avg} به ترتیب مقدار متوسط و حداقل $\phi(X)$ در کل جمعیت، ثابت $\alpha = 1.5$ و ثابت r متناسب با انتخاب طراح می باشد. تعریف تابع شایستگی مقیاس شده سبب همگرایی بهتر به واسطه نزدیکتر کردن محدوده پراکنش تابعهای شایستگی جمعیت حول ϕ_{avg} می شود. کروموزوم هایی که شایستگی آنها کمتر از ϕ_{avg} باشد به سمت بالا مقیاس شده و کروموزوم هایی که شایستگی آنها بیشتر از ϕ_{avg} باشد به سمت پایین مقیاس می شوند. به این ترتیب حاکمیت کروموزوم های غیر متعارف از بین رفته و همگرایی و کاوش بهتر در فضای طراحی انجام می پذیرد. ارباتور و همکاران نیز در مقاله خود [۱۱]، الگوریتمی برای تعیین مقدار تابع شایستگی مقیاس شده هر کروموزوم ارائه نموده اند.

۴-۷-۲ تابع پنالتی^۱

تعاریف متنوعی برای تابع پنالتی در مقالات معرفی شده است. راجیو و کریشنامورتی در مقاله خود [۹]، تابع پنالتی را به صورت زیر تعریف نموده اند:

$$f_{penalty} = f(\mathbf{X}) \cdot K \cdot C \quad ; \quad C = \sum_{q=1}^Q \max[0, g_q(\mathbf{X})] \quad (۳-۴)$$

در رابطه فوق $f_{penalty}$ تابع جریمه، $f(\mathbf{X})$ تابع هدف^۲ که معمولا وزن یا حجم سازه است، $g_q(\mathbf{X})$ میزان نقض سازه در ارتباط با هر یک از قیود، $\mathbf{X}$ بردار متغیرهای طراحی و Q تعداد کل قیود حاکم بر مساله می باشد. ثابت K نیز برابر ۱۰ پیشنهاد شده است. همچنین راجان در مقاله خود تابع پنالتی را بشرح ذیل پیشنهاد کرده است [۱۲]:

$$f_{penalty} = r \cdot C \quad ; \quad r = K' \cdot F_{min} \quad (۴-۴)$$

در رابطه فوق C دارای تعریفی مشابه رابطه (۲-۱)، K' عددی ثابت وابسته به انتخاب طراح و F_{min} حداقل مقدار تابع شایستگی برای کلیه طرحهای قابل قبول نسل قبلی می باشد. برای نسل اول یک مقدار تخمینی برای r اتخاذ می شود.

ارباتور و همکاران در مقاله خود [۱۱]، با استناد به رابطه پیشنهادی توسط جوینز و هاک یک تابع پناستی پویا بر حسب شماره نسل، g_c ، بصورت رابطه (۵-۴) معرفی کرده اند :

$$f_{penalty} = (r_0 \cdot g_c)^2 \sum_{q=1}^Q [g_q(X) \cdot K] \quad (5-4)$$

در رابطه فوق $K=10$ و $r_0 = 0.5$ پیشنهاد شده است. مساله مهمی که در روابط مطرح شده برای تابع پناستی به چشم می خورد، وابستگی همه آنها به ثابتهایی است که توسط طراح بایستی فرض شود و تاثیر بسزایی بر روی کیفیت پاسخ بهینه می گذارد. این مساله معمولاً سبب می شود تا طراح با فرض مقادیر متفاوتی برای ثابتها، تاثیر آنها را بر روی جواب بهینه بررسی کند و حجم عملیات GA را از آنچه که هست بیشتر کند.

۴-۷-۳ تعریف پیشنهادی تابع پناستی

در این پایان نامه بهینه یابی قابها با استفاده از تعریف پیشنهادی تابع پناستی پویا ارائه شده بشرح ذیل صورت پذیرفته است :

$$f_{penalty} = f^2(X) \cdot K \cdot C_g$$

$$C_g = \sum_{q=1}^{nlc} \sum_{q=1}^Q \max [0, g_q(X)] \quad (6-4)$$

در روابط فوق $g_q(X)$ مشخصه تابع نقض برای هر کروموزوم می باشد.

متغیر C_g نشانگر جمع کل نقض های صورت گرفته توسط سازه مرتبط با کروموزوم مربوطه در پاسخ به کلیه وضعیت های بارگذاری به تعداد nlc است. در این رساله به منظور معرفی توابع مناسب برای قیود سازه تحت بارهای وارده از کنترل های موجود در آیین نامه فولاد ایران استفاده شده است که با آیین نامه AISC نیز مطابقت می نماید.

۴-۷-۴ تعریف پیشنهادی تابع هدف اصلاح شده

همانگونه که می دانیم بهینه شدن سازه شامل دو عامل بسیار مهم می باشد. اول اینکه سازه بهینه شده باید از نظر مقاومت اعضا در برابر بارهای وارده مقاوم بوده و مقطع پیشنهادی برای هر عضو بایستی مقاومت لازم در برابر نیروهای محوری، برشی و ممانهای داخلی را داشته باشد و دوم اینکه سازه طرح شده از نظر وزنی حداقل باشد. بنا براین می توان تابع هدف اصلاح شده را مطابق زیر تعریف نمود:

$$\phi(X) = f^2(X) + f_{penalty} \quad (۷-۴)$$

که در آن $\phi(X)$ ، $f(X)$ و $f_{penalty}$ به ترتیب مقادیر تابع هدف اصلاح شده، تابع هدف و تابع پناستی می باشند.

با توجه به تعریف تابع پناستی بصورت رابطه (۶-۴) و تلفیق با رابطه (۷-۴) خواهیم داشت:

$$\phi(X) = f^2(X) + f^2(X) \cdot K \cdot C_g \quad (۸-۴)$$

بنا براین خواهیم داشت:

$$\phi(X) = f^2(X)(1 + K \cdot C_g) \quad (۹-۴)$$

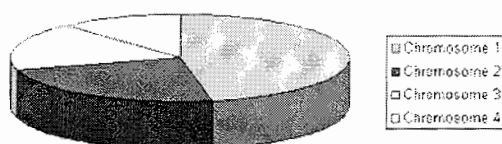
۴-۸ انتخاب^۱ [۱۳]

همانگونه که از قبل و از طرح کلی GA می دانید، کروموزوم ها از میان جمعیت برای اینکه نقش والدین را در فرآیند پیوند بازی کنند انتخاب می شوند. مساله اینجاست که چگونه این کروموزوم ها انتخاب شوند. با توجه به نظریه تکامل تدریجی داروین، بهترین کروموزوم ها برای تولید فرزندان انتخاب می شوند. روشهای بسیاری برای انتخاب بهترین کروموزوم ها وجود دارد؛ برای نمونه می توان روشهایی مانند روش چرخ گردان، روش انتخاب بولترمن، روش انتخاب دوره ای، روش انتخاب رتبه ای، روش انتخاب حالت پابرجا و ... را نام برد.

در زیر به معرفی برخی از این روشها می پردازیم .

۴-۸-۱ روش انتخاب چرخ گردان^۲

والدین بر اساس شایستگی شان انتخاب می شوند . هرچه کروموزوم بهتر باشد، شانس بیشتری برای انتخاب شدن دارد. تصور کنید یک چرخ گردان را که تمامی کروموزوم های یک جمعیت در آن جای گرفته اند. اندازه قطاع در چرخ گردان متناسب است با مقدار تابع شایستگی هر کروموزوم؛ به عبارتی هر چه این مقدار بزرگتر باشد اندازه قطاع مربوطه نیز بزرگتر خواهد بود. به عنوان مثال به شکل ۴-۷ توجه کنید:



شکل ۴-۷ سهم هر کروموزوم از شایستگی کل در روش انتخاب چرخ گردان

یک تاس در چرخ گردان پرتاب می شود، چرخ می چرخد و در مقابل شاخص متوقف میشود. چرخ در قطاع مربوط به هر کروموزومی توقف کرد، آن کروموزوم انتخاب می شود. وضوحا کروموزوم هایی با مقدار شایستگی بزرگتر تعداد دفعات بیشتری انتخاب می شوند.

این فرآیند را می توان بوسیله الگوریتم زیر تشریح نمود:

۱- جمع: مجموع مقادیر شایستگی تمامی کروموزوم ها را در جمعیت (جمع S) محاسبه کنید.

۲- انتخاب: تعدادی عدد اتفاقی از فاصله $r - (0, S)$ را تولید کنید.

۳- حلقه: به درون جمعیت بروید و شایستگی ها را با $0-S$ جمع کنید. هنگامی که جمع S

بزرگتر از r باشد، عملیات را متوقف کنید و کروموزومی را که در دست دارید معرفی کنید.

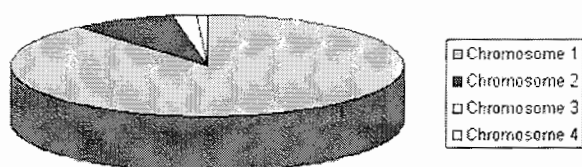
البته ، مرحله ۱ تنها یک بار برای هر جمعیت انجام می گیرد.

۴-۸-۲ روش انتخاب رتبه ای^۱

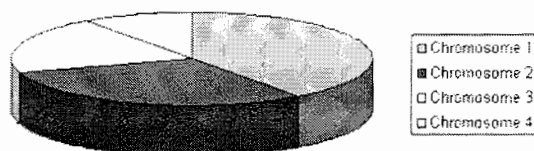
روش قبلی انتخاب هنگامی که تفاوت فاحشی بین مقادیر شایستگی وجود داشته باشد مشکلاتی خواهد داشت. به عنوان مثال، اگر شایستگی بهترین کروموزوم ۹۰٪ مجموع تمامی شایستگی ها باشد آنگاه سایر کروموزوم ها شانس بسیار کمی برای انتخاب خواهند داشت.

انتخاب رتبه ای، در ابتدا جمعیت را رتبه بندی می کند و سپس هر کروموزوم یک مقدار شایستگی را به خود اختصاص می دهد که بوسیله این رتبه بندی تعیین می گردد. بدترین کروموزوم مقدار شایستگی ۱ و دومین کروموزوم بد عدد ۲ و به همین ترتیب سایر کروموزوم ها مقادیر شایستگی متناسب با رتبه شان را به خود اختصاص می دهند؛ بهترین کروموزوم مقدار شایستگی N (تعداد کروموزوم ها در جمعیت) را خواهد داشت.

می توان در شکل ۸-۴ دید که چگونه وضعیت پس از تغییر شایستگی به اعداد تعیین شده بوسیله رتبه بندی تغییر می کند.



شکل ۸-۴۳ وضعیت قبل از رتبه بندی (گراف شایستگی ها)



شکل ۹-۴ وضعیت پس از رتبه بندی (گراف اعداد مرتب)

حال تمامی کروموزوم ها شانس انتخاب دارند؛ اما این روش می تواند منجر به همگرایی کندتر شود ، زیرا بهترین کروموزوم ها با سایر کروموزوم ها چندان فرق نمی کنند.

۴-۸-۳ روش انتخاب حالت پایدار^۱

این یک روش خاص برای انتخاب والدین نیست. ایده اصلی این نوع انتخاب برای جمعیت جدید این است که یک بخش بزرگ از کروموزوم ها می توانند برای نسل بعد باقی بمانند.

روش انتخاب حالت پایدار به این روش کار می کند که در هر نسل تعدادی کروموزوم های خوب (با شایستگی بالاتر) برای تولید فرزندان انتخاب می شوند، سپس تعدادی کروموزوم های بد (با شایستگی پایین تر) حذف شده و فرزندان جدید بجای آنها وارد جمعیت می شوند، و مابقی جمعیت عینا به نسل بعدی منتقل می شوند.

۴-۸-۴ روش نخبه گرایی^۱

ایده شایسته سالاری قبلا تشریح شده است. در هنگام ساخت جمعیت جدید بوسیله پیوند و جهش، احتمال زیادی وجود دارد که بهترین کروموزوم را از دست بدهیم. شایسته سالاری نام روشی است که ابتدا بهترین کروموزوم (یا تعدادی از بهترین ها) را در جمعیت جدید کپی می کند، مابقی جمعیت با یکی از روشهایی که در بالا عنوان شد ساخته می شود. شایسته سالاری می تواند به سرعت کارایی GA را افزایش دهد، زیرا از حذف بهترین جوابهای پیدا شده جلوگیری می کند.

۴-۹ شایستگی و انتخاب : مساله مقیاس سازی^۲ [۶]

در بالا دیدیم که در یک الگوریتم ژنتیک، احتمال تولید نسل بطور مستقیم بستگی دارد به شایستگی هر موجود. کاربرد این روش باعث بوجود آمدن دو نوع مشکل می گردد:

۱- یک ابر موجود^۳ که در میان جمعیت انتخاب می شود اغلب باعث همگرایی به سوی ژن خود می شود، بنابراین اختلاف فضای ژنتیک را بسیار کاهش می یابد و اجازه پیشرفت به الگوریتم ژنتیک نمی دهد.

1- Elitism
3- Super subject

2- Scaling problem

۲- با پیشرفت الگوریتم ژنتیک، تفاوت بین شایستگی ها کاهش می یابد، بنابراین بهترین ها احتمال انتخابی کاملاً مشابه با دیگران اختیار می کنند و پیشرفت الگوریتم ژنتیک متوقف می گردد.

در جهت رفع این مشکلات، باید مقادیر شایستگی را تبدیل کنیم. که در اینجا چهار روش اصلی برای این منظور ارائه می گردد:

۱- روش ایجاد پنجره^۱: برای هر عضو، شایستگی را به اندازه شایستگی بدترین عضو کاهش می دهیم. این امر اجازه می دهد که قوی ترین عضو را تقویت کنیم و یک توزیع با پایه صفر بدست آوریم.

۲- روش نمایی^۲: این روش بوسیله لاد^۳ پیشنهاد شده است، که در آن ریشه های مربع شایستگی به اضافه یک را در نظر می گیریم. این امر اجازه می دهد که اثر قوی ترین عضو را کاهش دهیم.

۳- روش انتقال خطی^۴: این روش شامل بکار بردن یک انتقال خطی برای هر شایستگی است، به عنوان مثال $f' = a.f + b$. در نتیجه قوی ترین اعضا کاهش می یابند.

۴- نرمال کردن خطی^۵: در این روش شایستگی ها خطی هستند. به عنوان مثال در یک جمعیت ۱۰ عضوی اولین عضو عدد ۱۰۰ را به خود اختصاص خواهد داد، دومین عضو ۹۰، سومین ۸۰ و ... و آخرین عضو عدد ۱۰. بنابر این حتی اگر تفاوت بین اعضا بسیار زیاد یا کم باشد از محدودیت های محاسبه مستقیم دوری می کنیم. در این روش تفاوت بین احتمالات تولید نسل تنها به رتبه بندی عضو بستگی خواهد داشت.

برای تشریح این روشها، در جدول ۴-۹ یک جمعیت ۴ عضوی را برای کنترل تاثیر مقیاس سازی در نظر می گیریم. برای هر عضو، شایستگی و احتمال انتخاب متناظر ارائه می گردد.

1- Windowing

3- Ladd

5- Linear normalization

2- Exponential

4- Linear transformation

subject	1	2	3	4
Rough fitness	50/50 %	25/25 %	15/15 %	10/10 %
Windowing	40/66.7 %	15/25 %	5/8.3 %	0/0 %
Linear transfo.	7.14/36.5 %	5.1/26.1 %	4.0/20.5 %	3.32/16.9 %
Linear normalization	40/40 %	30/30 %	20/20 %	10/10 %

جدول ۹-۴ مقایسه روشهای تبدیل شایستگی

روش پنجره سازی ضعیف ترین عضو را حذف می کند (احتمال مربوطه صفر خواهد شد) و قوی ترین اعضا را تقویت می کند (احتمال بهترین عضو از ۵۰٪ به ۶۷٪ افزایش می یابد).

روش نمایی توزیع را گسترده می کند. این روش هنگامی که وجود یک ابرعضو یک همگرایی بسیار سریع را به الگوریتم تحمیل می کند بسیار سودمند است.

روش انتقال خطی به روشنی نقشی مشابه با روش نمایی بازی می کند.

در نهایت نرمال کردن خطی در ارتباط با توزیع شایستگی خنثی است و تنها به رتبه بندی اعضا بستگی دارد. این روش به همان خوبی که از ابرعضوها پرهیز می کند از توزیع همگن نیز احتراز می کند.

الگوریتمهای ژنتیک سیستمهای اصلی بر اساس عملکرد فرضی زندگی هستند. این روش نسبت به الگوریتمهای کلاسیک بهینه یابی بسیار متفاوت است.

۱- بکار بردن رمز بندی پارامترها نه خود آنها.

۲- کار بر روی یک جمعیت از اعضا نه یک عضو.

۳- بکار بردن تنها مقادیر تابع برای بهینه یابی، نه مشتق تابع یا سایر اطلاعات کمکی.

۴- بکار بردن تابع انتقال احتمالاتی نه تابع جبری.

این مهم است که بدانیم چنین الگوریتمی تضمین کننده موفقیت نیست. ما در یک محیط تصادفی هستیم و یک فضای ژنتیک ممکن است از جواب بسیار دور باشد یا به عنوان مثال یک همگرایی بسیار سریع ممکن است تکامل را متوقف نماید. بنا براین الگوریتم های ژنتیک هرگز بطور نامحدود کافی نیستند.

فصل پنجم

بهینه یابی قابهای مستوی با
استفاده از الگوریتم ژنتیک و
روشهای ترکیباتی نیروها

۵-۱ مقدمه

در فصل دوم بطور مفصل به اصول مدل سازی سازه ها بصورت گراف و استفاده از این مدل در آنالیز قابهای مستوی^۱ به روش نیروها اشاره شد. در فصل سوم نیز مفاهیم و اصول بنیادی الگوریتم ژنتیک مطرح گردید. حال به مساله بهینه یابی سطح مقطع قابهای مستوی با استفاده از الگوریتم ژنتیک و روش ترکیباتی نیروها می پردازیم. استفاده از روش ترکیباتی نیروها مطابق آنچه ما در این پایان نامه از آن استفاده نموده ایم مزایایی در بر دارد که متعاقبا بدانها اشاره می گردد.

در ابتدا لازم است به چگونگی تعریف برخی مفاهیم الگوریتم ژنتیک و روش نیروها در این پایان نامه و تاثیرات آنها بر روند اجرای عملیات GA پردازیم و سپس نتایج را بر روی چند سازه نمونه که بوسیله نرم افزار K1-V4.01 مورد آنالیز و بهینه یابی قرار گرفته اند، کنترل و کالیبره نماییم.

۵-۲ الگوریتم ژنتیک

در الگوریتم ژنتیک بکار رفته در این پایان نامه با توجه به محدود بودن نوع مسائلی که با آنها سر و کار داریم و نیز شکل خاص این مسائل و نیز با عنایت به گستردگی مفاهیم الگوریتم ژنتیک و اهمیت تعریف برخی مفاهیم و ثابت ها در حصول نتایج قابل قبول در این روش، لازم است برخی از این مفاهیم و ثابت ها در راستای نیازمندیهای مسائلی که با آنها سر و کار داریم مجددا تعریف و کالیبره شوند.

۵-۲-۱ رمزبندی و رمزگشایی

در این پروژه با توجه به عواملی چون انعطاف پذیری بسیار بالا ، قابلیت تطابق با اکثر سیستمهای پویای موجود در طبیعت ، قابلیت ارائه عدد بزرگی از کروموزوم ها بوسیله زیر رشتههایی محدود و تطابق با نیازمندیها و ماهیت مسائل پیش رو و سادگی در عملیات ، در الگوریتم ژنتیک مورد استفاده از روش رمزبندی دودویی استفاده شده است.

۵-۲-۱-۱ بیت (ژن)

در این روش از بیت هایی دودویی استفاده می شود ، که در آن واحد صفر یا یک هستند.

یک بیت با مقدار صفر

0

یک بیت با مقدار یک

1

شکل ۵-۱ حالت های مختلف یک بیت

۵-۲-۱-۲ رشته (کروموزوم)

با کنارهم قرار گرفتن بیت ها زیر رشته ها تشکیل می گردند. هر زیر رشته حاوی اطلاعات مهمی درخصوص یک ویژگی خاص موضوع می باشد. دراین رساله با توجه به تعاریف صورت گرفته و نیازهای موجود، هر زیر رشته معین کننده مقطع مورد استفاده جهت یک تیپ خاص ازاعضای سازه می باشد. در شکل زیر دو نمونه زیر رشته که اولی از چهار و دیگری از هشت بیت تشکیل یافته اند نشان داده شده است:

یک زیر رشته با چهار بیت

0	1	0	1
---	---	---	---

یک زیر رشته با هشت بیت

1	0	0	1	0	1	1	0
---	---	---	---	---	---	---	---

شکل ۵-۲ دو نمونه زیر رشته چهار و هشت بیتی

هر زیر رشته دارای مختصات مهمی به نام طول^۱ می باشد که نقش مهمی در حجم عملیات الگوریتم ژنتیک ایفا می نماید؛ با افزایش تعداد بیت های مشارکت کننده در تشکیل زیر رشته و افزایش طول زیر رشته قابلیت تعریف تعداد بیشتری متغیر را خواهیم داشت . زیر رشته ای با n بیت دودویی قابلیت تعریف " 2 خصوصیت متمایز را دارا می باشد.

با اتصال زیر رشته ها به یکدیگر کروموزوم تشکیل می گردد.

0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

شکل ۵-۳ یک کروموزوم تشکیل یافته از سه زیر رشته چهار بیتی

طول کروموزوم بستگی به دو عامل بسیار مهم یعنی طول زیر رشته ها و تعداد زیر رشته های مشارکت کننده دارد. طول کروموزوم با توجه به تعاریف فوق از رابطه زیر بدست خواهد آمد:

$$L_K = L_G \cdot N_t \quad (۵-۱)$$

که در آن L_G معرف طول زیر رشته و N_t معرف تعداد زیررشته های مشارکت کننده است. در این پایان نامه با توجه به استفاده از الگوریتم ژنتیک در طرح بهینه سازه ها و نوع معرفی تابع هدف، که در آینده خواهد آمد، تعداد زیر رشته های مشارکت کننده در تشکیل یک کروموزوم برابر با تعداد تیپ های مقطع مورد استفاده جهت تیپ بندی سازه در نظر گرفته شده است.

۵-۲-۱-۳ اپراتور رمز بندی و رمز گشایی

با توجه به اینکه هر بیت می تواند تنها دو مقدار صفر یا یک را اختیار نماید، اساس رمز بندی و رمز گشایی در روش رمز بندی دودویی (باینری) ^۱ تبدیل اعداد از مبنای دهی (دسیمال) ^۲ به مبنای دودویی (باینری) و بالعکس می باشد.

در رمز بندی از تبدیل اعداد از مبنای دهی به مبنای دو دویی استفاده می شود به عنوان مثال، رمز بندی یک زیر رشته چهار بیتی (که می تواند تعریف کننده اعداد از صفر تا ۱۵ باشد) در حالتی که باید عدد ۹ را اختیار نماید با توجه به اینکه در مبنای دودویی عدد ۹ بصورت ۱۰۰۱ نشان داده می شود، مطابق زیر خواهد بود.

1	0	0	1
---	---	---	---

شکل ۵-۴ رمز بندی یک زیر رشته ۴ بیتی با عدد مشخصه ۹

در رمز گشایی از تبدیل اعداد از مبنای دو دویی به مبنای دهی استفاده می شود به عنوان مثال، زیر رشته زیر تعیین کننده عدد ۱۳ می باشد.

$$1 \cdot 2^0 + 0 \cdot 2^1 + 1 \cdot 2^2 + 1 \cdot 2^3 = 13$$

1	1	0	1
---	---	---	---

شکل ۵-۵ رمز گشایی یک زیر رشته ۴ بیتی با عدد مشخصه ۱۳

برای تشریح کامل مراحل رمز بندی و رمز گشایی زیر رشته ها و کروموزوم ها ابتدا لازم است به تعریف برخی مفاهیم مورد استفاده بپردازیم:

۵-۲-۲ تیپ بندی اعضای سازه

در الگوریتم ژنتیک تعداد تیپ های مقطع تعریف شده برای اعضای سازه عامل مهمی در طول کروموزوم می باشد. بدین معنی که هر زیر رشته تعیین کننده شماره مقطع مورد استفاده جهت تعدادی از اعضای سازه می باشد که از نظر تیپ بندی در گروه یکسانی قرار می گیرند. این در اصل به معنای تعریف ویژگی خاصی در سازه می باشد. برای تعریف کلیه ویژگی های سازه نیاز به ارائه مقطع انتخابی جهت تمام تیپ های تعریف شده می باشیم، بنا براین نیاز به N_t (تعداد تیپ های معرفی شده جهت تیپ بندی اعضای سازه) زیر رشته جهت تشکیل یک کروموزوم داریم.

۵-۲-۳ تعیین طول کروموزوم

همانگونه که در رابطه (۵-۱) اشاره شد طول کروموزوم را در الگوریتم ژنتیک و در روش رمز بندی دودویی می توان با رابطه زیر تعیین نمود:

$$L_k = L_G \cdot N_t \quad (۵-۱ \text{ تکرار})$$

که در آن L_G بستگی به تعداد مقاطع موجود در لیست مقاطع پیشنهادی است.

در ادامه برای روشن شدن کامل مطلب، به ذکر مثالی می پردازیم:

فرض کنید سازه ای دارای ۲۳ عضو است که این اعضا بصورت ۲ تیپ مختلف ستون و ۱ تیپ تیر تیپ بندی شده اند و قصد داریم مقاطع بهینه برای این سازه را از میان ۳۲ مقطع پیشنهادی انتخاب نماییم.

باتوجه به فرضیات فوق لیست مقاطع پیشنهادی دارای ۳۲ عضو میباشد. بنا براین زیر رشته ای با طول ۵ بیت برای هرتیپ مورد استفاده قرار می گیرد. برای تشکیل هرکروموزوم نیاز به اتصال ۳ عدد از این زیررشته های ۵ بیتی است و بالنتیجه طول نهایی کروموزوم برابر ۱۵ بیت بدست می آید.

0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

شکل ۵-۵ یک کروموزوم ۱۵ بیتی (۳ زیر رشته ۵ بیتی)

در نرم افزار K1-V4.01 که به منظور بهینه یابی سازه ها بوسیله الگوریتم ژنتیک و روش ترکیباتی نیرو ها طراحی شده و بکار گرفته شده است، این قابلیت گنجانده شده است که بزرگی لیست مقاطع پیشنهادی و اجزای آن را بتوان به دلخواه تغییر داده و به تناسب مساله بکار گرفت. لیست مقاطع پیشنهادی در این روش عبارت خواهد بود از مجموعه ای از مقاطع استاندارد و یا تعریف شده به دلخواه که رتبه قرارگیری این مقاطع در این مجموعه به عنوان مشخصه اصلی آن مقطع مطرح می گردد. به عنوان مثال اگر لیست پروفیل ها شامل ۸ مقطع مانند زیر باشد:

{IPE100, IPE120, IPE140, IPE160, IPE180, IPE200, IPE220, IPE260}

زیر رشته ای که پس از رمز گشایی عدد ۵ را نشان دهد، معرف استفاده از پنجمین مقطع یعنی مقطع IPE180 برای اعضای تیپ بندی شده می باشد.

۵-۲-۴ جمعیت^۱

یک جمعیت با اجتماع تعدادی کروموزوم تشکیل می شود. تعداد کروموزوم های مشارکت کننده در ساخت جمعیت را بزرگی جمعیت^۲ (Pop-size) می نامند. اندازه جمعیت عاملی تعیین کننده در حجم عملیات انجام گرفته توسط الگوریتم ژنتیک و زمان اجرای آن می باشد. از سوی دیگر اندازه جمعیت عامل مهمی در حصول به نتایج قابل قبول توسط الگوریتم ژنتیک می باشد. در صورت بزرگی بیش از حد اندازه جمعیت، احتمال همگرایی الگوریتم ژنتیک بسوی برخی نقاط بهینه محلی افزایش می یابد. همچنین در صورت کوچک بودن اندازه جمعیت امکان جستجوی کامل فضای جستجو فراهم نشده و الگوریتم به سمت بهینه های محلی سوق داده میشود. اکثر محققان عددی بین ۵۰ تا ۱۰۰ را برای اندازه جمعیت پیشنهاد کرده اند و این در شرایطی است که در برخی موارد اگر اعداد دیگری بکار رود، جوابهای مناسب تری حاصل می گردد. در این پایان نامه با توجه به بررسی اثرات اندازه جمعیت های بزرگ و کوچک در نتایج حاصله، پیش فرض اندازه جمعیت برابر ۵۰ در نظر گرفته شده است.

۵-۲-۵ روش انتخاب

در این پایان نامه روش انتخاب چرخ گردان بصورت روش پیش فرض در نظر گرفته شده است. مراحل عملیاتی این روش انتخاب را می توان در مراحل زیر تشریح نمود:

- ۱- میزان شایستگی یا همان عدد تابع شایستگی برای تمام کروموزوم ها تعیین می شود.
- ۲- نسبت شایستگی هر کروموزوم به مجموع شایستگی کل جمعیت محاسبه می گردد.
- ۳- میزان تجمعی نسبتهای شایستگی برای هر کروموزوم محاسبه می شود.
- ۴- به هر کروموزوم یک عدد تصادفی بین صفر و یک اختصاص داده می شود.

۵- اعداد تصادفی با مقدار تجمعی نسبتهای شایستگی مقایسه شده و در صورت قرارگیری هر عدد تصادفی در قطاع مربوط به هر کروموزوم، کروموزوم مربوطه جهت مشارکت در تولید فرزندان نسل آتی انتخاب می گردد. وضوحا کروموزومی با شایستگی بالا قطاع بزرگتری را در بین نسبتهای تجمعی شایستگی به خود اختصاص خواهد داد و در نتیجه به همان نسبت شانس انتخاب شدن بیشتری خواهد داشت و بالعکس.

۵-۲-۶ اپراتور پیوند

با توجه به انتخاب روش رمزبندی دودویی، می توان از روش های مختلف پیوند که جهت این نوع رمز بندی تعریف شده اند استفاده نمود. از جمله این روش ها که در فصل دوم تشریح شد میتوان روشهای پیوند یک نقطه ای، دو نقطه ای، یکنواخت و عددی را بکارگرفت. در این پایان نامه از روش پیوند دو نقطه ای استفاده شده است.

عدد نرخ پیوند عددی بین صفر تا یک با فرمت درصد می باشد. در صورت بالا بودن نرخ پیوند اکثر کروموزوم ها در تشکیل نسل بعد مشارکت کرده و توسط اپراتور پیوند فرزندانی را تشکیل می دهند. از سویی با کاهش نرخ پیوند تعداد نسبتا بیشتری از کروموزوم ها عینا در نسل بعد حضور می یابند. و این بستگی به شرایط همگرایی مساله دارد که بتوان عدد مناسبی را برای نرخ پیوند در نظر گرفت. اکثر محققان عدی بین ۸۰٪ تا ۹۵٪ را توصیه نموده اند.

در این پایان نامه با توجه به بررسی های صورت گرفته نرخ پیوند ۸۵٪ در نظر گرفته شده

است.

۵-۲-۷ اپراتور جهش

هدف از جهش ایجاد پراکندگی بیشتر در محدوده کاوش فضای طراحی است. در صورت کوچک بودن نرخ جهش عملاً هدف کاربردی آن نقض می گردد و تاثیر مطلوبی ندارد و در صورت بزرگ بودن نرخ جهش الگوریتم ژنتیک به سمت بی نظمی سوق داده شده و همگرایی آن بطرز قابل ملاحظه ای کاهش می یابد. معمولاً نرخ جهش در حدود ۵٪ می تواند بسیار مناسب باشد. در این پایان نامه نرخ جهشی برابر با ۵٪ در نظر گرفته شده است.

۵-۲-۸ تابع هدف

یکی از عوامل تعیین کننده و بنیادی در الگوریتم ژنتیک معرفی تابع هدف مناسب جهت مساله می باشد. اساساً تابع هدف عبارتست از پارامتری که باید بهینه یابی گردد. در این پایان نامه با توجه به اینکه هدف از کاربرد الگوریتم ژنتیک بهینه یابی قابها از نظر وزنی و میزان مصالح مصرفی در آنها می باشد تابع هدف بصورت وزن کلی سازه تعریف می گردد:

$$f(x) = \sum_{i=1}^m L_i \cdot A_i \cdot \rho \quad (۴-۵)$$

۵-۲-۹ تابع پنالتی

در این پایان نامه بهینه یابی قابها با استفاده از تعریف پیشنهادی تابع پنالتی پویا ارائه شده بشرح ذیل صورت پذیرفته است :

$$f_{penalty} = f^2(X) \cdot K \cdot C_g$$

$$C_g = \sum_{q=1}^{nlc} \sum_{q=1}^Q \max [0, g_q(X)] \quad (۴-۵)$$

در رابطه (۴-۵) K به عنوان عدد ثابت تابع پنالیتی پویا نامیده می شود و در این پایان نامه با توجه به بررسی اثرات چگونگی تعریف این عدد، در پاسخهای ارائه شده توسط GA، عدد ثابت تابع پنالیتی پویا بصورت زیر تعریف و پیشنهاد می شود:

$$K = k_a + k_b \cdot \ln(i) \quad ; \quad i = 1, 2, 3, \dots, ng \quad (۵-۵)$$

k_a و k_b ضرایب ثابت، و i شمارنده حلقه تکرار مربوط به هر نسل به تعداد کل ng می باشد. دلیل استفاده از عبارت $\ln[i]$ در عبارت K این است که در آغاز هر نسل ضرایب جریمه کوچکی به طرح های سبک ناقض اختصاص یابد و به این ترتیب از نخبه گرایی ممانعت به عمل آید. با افزایش مقدار i ، مقدار K افزایش یافته و در نتیجه طرح های ناقض بیشتر جریمه شده و بتدریج از جمعیت کنار گذاشته می شوند. حسن دیگر بهره گیری از تعریف ثابت تابع پنالیتی پویا، K ، این است که هر گونه ابهامی در مورد اتخاذ مقدار مناسب آن مرتفع خواهد شد. بایستی توجه داشت که در هر نسل به کلیه اعضای جمعیت مقدار ثابت K متناسب با i مربوطه اختصاص می یابد.

در روابط (۴-۵) $g_q(X)$ مشخصه تابع نقض برای هر کروموزوم می باشد. متغیر C_g نشانگر جمع کل نقض های صورت گرفته توسط سازه مرتبط با کروموزوم مربوطه در پاسخ به کلیه وضعیت های بارگذاری به تعداد nlc است.

به منظور معرفی توابع مناسب برای قیود سازه تحت بارهای وارده از کنترلرهای موجود در آیین نامه فولاد ایران [۱۴] استفاده شده است که با آیین نامه AISC [۱۵] نیز مطابقت می نماید.

بدین منظور دو دسته قیود را معرفی می کنیم که عبارتند از قیود مقاومتی و قیود بهره برداری؛ بدین معنی که علاوه بر اینکه کلیه مقاطع انتخابی برای اعضای سازه باید از نظر مقاومت و معیارهای کنترلی مربوطه جوابگو نیروهای داخلی باشند، کل مجموعه سازه نیز باید از نظر شرایط بهره برداری نیز جوابگو بوده و تغییر مکانهای حداکثر آن در جهات X و Y نبایستی از مقادیر مجاز بیشتر گردد.

۵-۹-۲-۱-۵ قیود مقاومتی

با توجه به اینکه سازه های مورد نظر ما در این پایان نامه سازه های قابی مستوی (دوبعدی) هستند و فرض می گردد اعضا از جنس فولاد هستند بنابراین بر اساس تقسیمات صورت گرفته در آیین نامه فولاد ایران لازم است کلیه اعضا بصورت تیر ستون در نظر گرفته شده و طرح گردند. در اینجا به منظور یادآوری به بخشهایی از مبحث دهم مقررات ملی ساختمان ایران اشاره می گردد. بند ۱۰-۶-۱ ضوابط طراحی اعضا تحت فشار محوری و خمش را مطابق زیر ارائه می کند:

اعضایی که تحت اثر فشار محوری توام با تنش خمشی قرار می گیرند باید طوری محاسبه شوند که محدودیتهای زیر را برآورده کنند:

$$\frac{f_a}{F_a} + \frac{C_{mx} f_{bx}}{(1 - \frac{f_a}{F'_{ex}}) F_{bx}} + \frac{C_{my} f_{by}}{(1 - \frac{f_a}{F'_{ey}}) F_{by}} \leq 1 \quad (۶-۵)$$

$$\frac{f_a}{0.6 F_y} + \frac{f_{bx}}{F_{bx}} + \frac{f_{by}}{F_{by}} \leq 1 \quad (۷-۵)$$

یاد آوری می شود که اگر $\frac{f_a}{F_a} \leq 0.15$ باشد می توان به جای روابط (۶-۵) و (۷-۵) از رابطه

(۸-۵) استفاده کرد:

$$\frac{f_a}{F_a} + \frac{f_{bx}}{F_{bx}} + \frac{f_{by}}{F_{by}} \leq 1 \quad (۸-۵)$$

در روابط (۶-۵) و (۷-۵) و (۸-۵) اندیسهای x و y در ترکیب با اندیسهای b ، e ، m ،

محورهای خمشی مربوط به تنشها و یا خواصی دیگر را نشان می دهد، و :

F_a = تنش فشاری مجاز اگر فقط نیروی محوری عمل کند.

F_b = تنش فشاری مجاز در خمش اگر فقط لنگر خمشی عمل کند.

F'_e = تنش مجاز اوایلر که بر ضریب اطمینان تقسیم شده ، می باشد که مقدار آن عبارتست از :

$$F'_e = \frac{12\pi^2 E}{23 \left[\frac{K l_b}{r_b} \right]^2} = \frac{105 \cdot 10^5}{\left[\frac{K l_b}{r_b} \right]^2} \quad (9-5)$$

در این رابطه l_b طول آزاد قطعه در صفحه خمش، r_b شعاع ژیراسیون نظیر و K ضریب طول موثر در صفحه خمش می باشد.

f_a = تنش فشاری ناشی از فشار که برای نقطه مورد نظر محاسبه شده است.

f_{bx} = تنش فشاری ناشی از خمش در حول محور x .

f_{by} = تنش فشاری ناشی از خمش در حول محور y .

C_m = ضریبی که مقدار آن به شرح زیر اختیار می شود:

الف) برای اعضای فشاری قابهایی که در مقابل انتقال جانبی آزادند:

$$C_m = 0.85$$

ب) برای اعضای فشاری (ستونهای) قابهایی که از دوران انتهای ستونها و نیز انتقال قاب جلوگیری شده باشد، مشروط بر آنکه بار مستقیم خارجی در بین تکیه گاه عضو، در صفحه خمش بر آن وارد نشود:

$$C_m = 0.6 - 0.4 \cdot \left[\frac{M_1}{M_2} \right] \geq 0.4$$

در این رابطه $\frac{M_1}{M_2}$ (نسبت لنگر کوچکتر به لنگر بزرگتر در دو انتهای طول آزاد عضو) مثبت

است اگر عضو انحنای مضاعف داشته باشد و منفی است اگر انحنای عضو ساده باشد.

پ) برای اعضای فشاری در قابهایی که از انتقال جانبی آنها در صفحه بارگذاری جلوگیری شده باشد و تحت اثر بارهای جانبی مستقیم در بین دو سر خود باشند، مقدار C_m باید به وسیله آنالیزی مستدل تعیین شود. به جای آنالیز مزبور می توان از اعداد زیر استفاده کرد:

- برای اعضایی که انتهای آنها درمقابل دوران(در صفحه خمش) نگهداری شده است:

$$C_m = 0.85$$

- برای اعضایی که انتهای آنها درمقابل دوران(در صفحه خمش) نگهداری نشده است:

$$C_m = 1$$

بند ۱۰-۱-۶-۱ ضوابط طراحی اعضا تحت کشش محوری و خمش را مطابق زیر ارائه می کند:
اعضایی که تحت اثر کشش محوری توام با تنش خمشی قرار می گیرند باید طوری محاسبه شوند که در تمام نقاط طول عضو رابطه زیر را برآورده نمایند:

$$\frac{f_a}{F_t} + \frac{f_{bx}}{F_{bx}} + \frac{f_{by}}{F_{by}} \leq 1 \quad (۱۰-۵)$$

که در آن :

f_b = تنش کششی محاسباتی حاصل از لنگر خمشی.

f_a = تنش کششی محاسباتی حاصل از کشش محوری .

F_b = تنش خمشی مجاز .

F_t = تنش کششی مجاز .

از طرف دیگر تنشهای فشاری ناشی از خمش که از بارگذاری مستقل دیگری حاصل شده باشد

نباید از مقادیر مندرج در بند ۱۰-۱-۲ آیین نامه فولاد ایران تجاوز کند.

با توجه به آنکه الگوریتم ژنتیک برای مسائل بهینه یابی نامقید^۱ بسیار مناسب می باشد واکثر مسائل مطرح شده مقید می باشد، لذا ضروری است آنها را به یک مساله بهینه یابی نامقید تبدیل کنیم. این کار می تواند با استفاده از توابع پنالتی داخلی یا خارجی^۲ صورت پذیرد. در تحلیل این مسائل قیود نرمال شده^۳ و میزان نقض آنها بر این مبنا ارزیابی می شود. این کار نتایج خوبی را بدنبال خواهد داشت زیرا به لحاظ کمی میزان نقض تنش بسیار متفاوت با نقض تغییر مکان است و نرمال کردن قیود سبب می شود ارزش کمی یکسانی به آنها اختصاص یابد. روابط قیود نرمال شده بصورت زیر قابل بیان است :

- برای اعضای تحت تنش فشاری و خمشی

$$\frac{f_a}{F_a} \leq 0.15 \text{ در صورتی که}$$

$$\left[\frac{f_a}{F_a} + \frac{C_{mx} f_{bx}}{(1 - \frac{f_a}{F_{ex}}) F_{bx}} + \frac{C_{my} f_{by}}{(1 - \frac{f_a}{F_{ey}}) F_{by}} \right] - 1 \leq 0 \quad (11-5)$$

$$\left[\frac{f_a}{0.6 F_y} + \frac{f_{bx}}{F_{bx}} + \frac{f_{by}}{F_{by}} \right] - 1 \leq 0 \quad (12-5)$$

$$\frac{f_a}{F_a} \leq 0.15 \text{ و در صورتی که}$$

$$\left[\frac{f_a}{F_a} + \frac{f_{bx}}{F_{bx}} + \frac{f_{by}}{F_{by}} \right] - 1 \leq 0 \quad (13-5)$$

- برای اعضای تحت کشش محوری و خمشی

$$\frac{f_a}{F_t} + \frac{f_{bx}}{F_{bx}} + \frac{f_{by}}{F_{by}} - 1 \leq 0 \quad (14-5)$$

1- Unconstrained optimization problem
3- Normalized constraints

2- Interior or exterior penalty function

۵-۲-۹-۲ قیود بهره برداری

حال به بررسی دسته دیگری از قیود که حاصل حداقل نیازهای بهره برداری سازه می باشد می پردازیم. در این قیود حداکثر تغییر مکان سازه در جهات x و y به مقادیر مجاز محدود می گردد. با توجه به تعریف فوق میزان نقض این قیود از رابطه زیر بدست خواهد آمد:

$$\frac{u_x}{u_a} - 1 \leq 0 \quad ; \quad \frac{u_y}{u_a} - 1 \leq 0 \quad (۱۵-۵)$$

۵-۲-۱۰ تابع هدف اصلاح شده

همانگونه که می دانیم بهینه شدن سازه شامل دو عامل بسیار مهم می باشد:

- ۱- سازه بهینه شده باید از نظر مقاومت اعضا در برابر بارهای وارده مقاوم بوده و مقطع پیشنهادی برای هر عضو بایستی مقاومت لازم در برابر نیروهای محوری، برشی و ممانهای داخلی را داشته باشد.

۲- سازه طرح شده از نظر وزنی حداقل باشد.

با توجه به بررسی های صورت گرفته تابع هدف اصلاح شده مطابق زیر پیشنهاد می شود:

$$\phi(X) = f^2(X) + f_{penalty} \quad (۱۶-۵)$$

که در آن $\phi(X)$ ، $f(X)$ و $f_{penalty}$ به ترتیب مقادیر تابع هدف اصلاح شده، تابع هدف و تابع پنالتی می باشند.

۵-۲-۱۱ تابع شایستگی

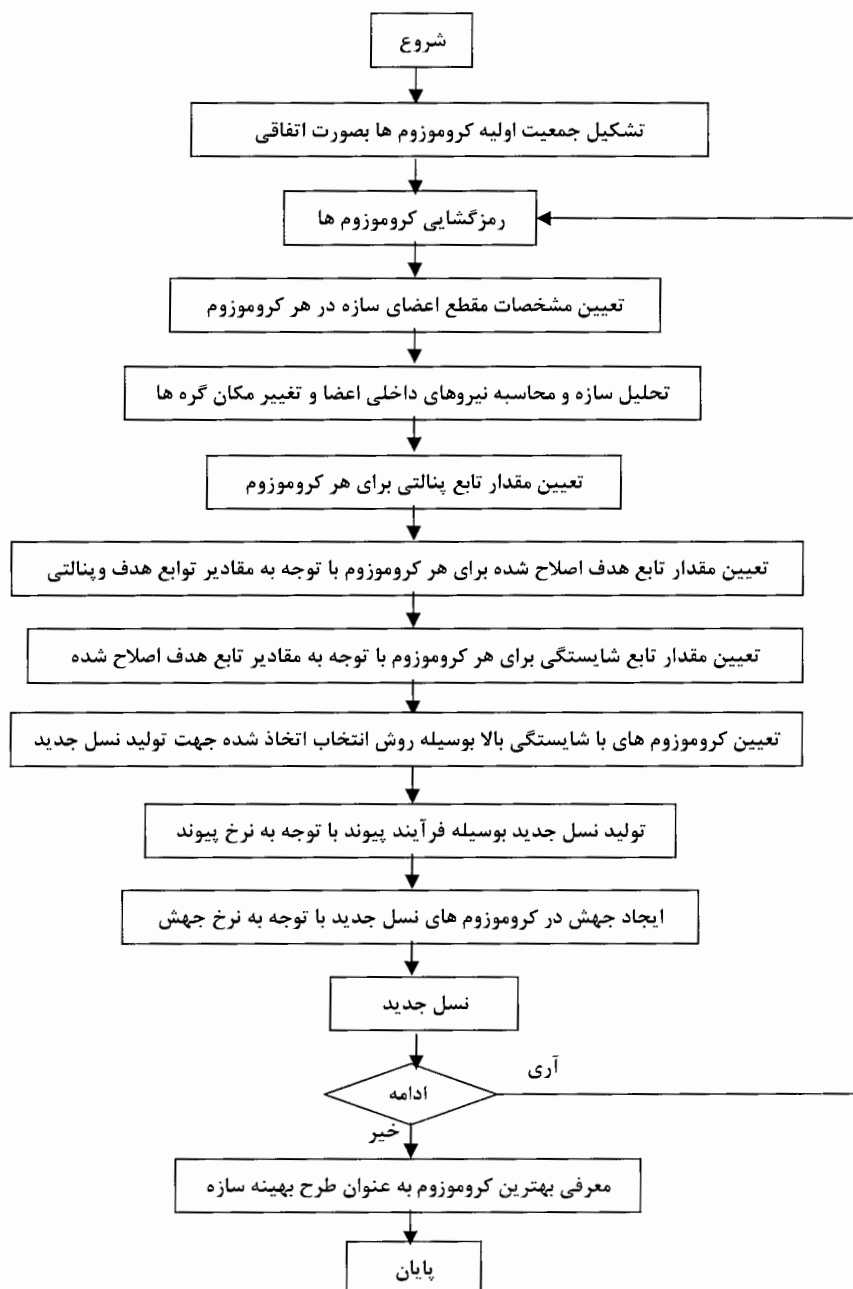
برای تابع شایستگی تعاریف متنوعی ارائه شده است. در این رساله از تعریف پیشنهادی راجیو و کریشنامورتی [۹] مطابق زیر استفاده شده است :

$$F = [\phi_{\max}(\mathbf{X}) + \phi_{\min}(\mathbf{X})] - \phi(\mathbf{X}) \quad (۱۷-۵)$$

در رابطه فوق F و $\phi(\mathbf{X})$ به ترتیب مقادیر شایستگی و تابع هدف اصلاح شده هر کروموزوم و $\phi_{\max}(\mathbf{X})$ و $\phi_{\min}(\mathbf{X})$ به ترتیب حداکثر و حداقل مقدار تابع هدف اصلاح شده در جمعیت جاری می باشد. طبق رابطه بالا کروموزومی با کمترین مقدار تابع هدف اصلاح شده، بیشترین مقدار شایستگی به آن تعلق می گیرد. تعریف تابع شایستگی مقیاس شده سبب همگرایی بهتر به واسطه نزدیکتر کردن محدوده پراکنش تابعهای شایستگی جمعیت حول ϕ_{avg} می شود. کروموزوم هایی که شایستگی آنها کمتر از ϕ_{avg} باشد به سمت بالا مقیاس شده و کروموزوم هایی که شایستگی آنها بیشتر از ϕ_{avg} باشد به سمت پایین مقیاس می شوند. به این ترتیب حاکمیت کروموزوم های غیر متعارف از بین رفته و همگرایی و کاوش بهتر در فضای طراحی انجام می پذیرد.

۵-۲-۱۲ فلوچارت الگوریتم ژنتیک

روش الگوریتم ژنتیک باتوجه به اصول ومفاهیم بنیادی بیان شده بصورت فلوچارت شکل ۵-۶ نمایش داده شده است:



شکل ۵-۶ فلوجارت الگوریتم ژنتیک

۵-۳ انتخاب روش نیروها برای استفاده در GA

با عنایت به موارد مذکور مشاهده می شود در هرتکرار (یا نسل) نیاز به آنالیز سازه به ازای مقاطع مختلف پیشنهادی برای اعضای سازه می باشد. به عبارتی در هر تکرار از الگوریتم ژنتیک نیاز به آنالیز سازه به تعداد اعضای جمعیت می باشد.

با توجه به اینکه در اجرای کلی یک الگوریتم ژنتیک نیاز به تکرار یا تولید نسلی به تعداد حداقل ۱۰۰ تا ۲۰۰ داریم، کاملاً مشهود است که قسمت اعظم حجم عملیات ماتریسی انجام شده مربوط به آنالیز سازه می باشد.

در این پایان نامه با توجه به استفاده از روش ترکیباتی نیروها مطابق آنچه اشاره شد، حجم عملیات ماتریسی صورت گرفته به میزان قابل توجهی کاهش یافته و سرعت اجرای الگوریتم ژنتیک بسیار افزایش می یابد.

با عنایت به فلوجارت اشاره شده برای روش ترکیباتی نیروها، مشاهده می کنیم که ماتریسهای B_0 ، B_1 و P برای یک مدل گراف ارائه شده برای سازه مستقل از مشخصات مقاطع اعضا می باشد و تنها بستگی به هندسه کلی و داخلی مدل گراف سازه دارد و مشخصات مقاطع اعضا تنها در تشکیل ماتریسهای D_m و Δ تاثیر گذار خواهد بود. بنا براین در آنالیز سازه در تکرارهای الگوریتم ژنتیک نیاز به تشکیل مجدد ماتریسهای B_0 ، B_1 و P در هر مرحله نمی باشیم و این کار فقط یکبار و در ابتدای اجرای برنامه کامپیوتری انجام شده و در مراحل بعد تنها ماتریسهای D_m و Δ با توجه به حالت انتخاب مقطع برای اعضای سازه که توسط کروموزوم مربوطه ارائه می شود، محاسبه می شوند.

این امر سهم بسزایی در کاهش حجم عملیات صورت گرفته توسط الگوریتم ژنتیک ایفا می کند و بواقع می توان ادعا نمود که مزیت استفاده از این روش ترکیباتی نیرو در الگوریتم ژنتیک همین امر می باشد.

۵-۴ مراحل عملیاتی الگوریتم ژنتیک

الگوریتم ژنتیک مورد استفاده در نرم افزار K1-V4.01 شامل مراحل عملیاتی همانند شکل ۵-۷ می باشد.

Gen	Cg	Fx	F	FFSF	MFSF	R1	Ks	R2	Selection	K1	K2	W (lb)
1	1.01904656	47947924.21	63042033.84	0.02242549131	0.02242549131	0.822125723	42	0.8065817375	0	0	0	6926.444
2	0.00153305	44579993.98	66401962.33	0.02263619559	0.049055547	0.9736254026	50	0.4869506413	1	53	57	6675.1770
3	0	76302952.3	34407095.02	0.01264736004	0.05811704524	0.04176536117	2	0.1246574271	1	53	57	8740.4544
4	1.524332596	46756653.42	64121394.63	0.02284214051	0.36115915675	0.1355223119	7	0.6893863343	1	5	12	6640.2232
5	0	73455037.76	77850029.57	0.0134436857	0.09456382315	0.1306846676	11	0.2694516030	1	5	12	6670.8240
6	0.7076157336	50231075.65	90727352.47	0.02161647353	0.1181760236	0.2306246125	16	0.6584540651	0	3	9	7667.432
7	1.544448246	46664033.63	85059687.69	0.02317124359	0.13002914367	0.3556244641	19	0.4466725245	1	20	24	6722.9622
8	0	39145043.13	210394313	0.00736855286	0.1479375826	0.1407245119	24	0.41131104129	1	20	24	8441.5562
9	0.4704672276	48705273.26	62250034.03	0.02216653515	0.1602175780	0.5124042925	27	0.5446970007	1	32	36	6949.26
10	1.226423343	57564573.33	58155397.99	0.00606314514	0.1998351236	0.6306325024	32	0.1988037153	1	32	36	7274.5528

شکل ۵-۷ صفحه الگوریتم ژنتیک در نرم افزار K1-V4.01 برای تولید یک نسل (در حالت مشاهده کروموزوم ها)

(عکس از نرم افزار K1-V4.01 اقتباس گردیده است.)

شکل ۵-۷ انجام یک نسل از الگوریتم ژنتیک را برای بهینه یابی سازه نشان داده شده در شکل

۵-۱۰ (که در بخش سازه های نمونه، آنالیز و بهینه یابی آن بطور کامل تشریح گردیده است) نشان

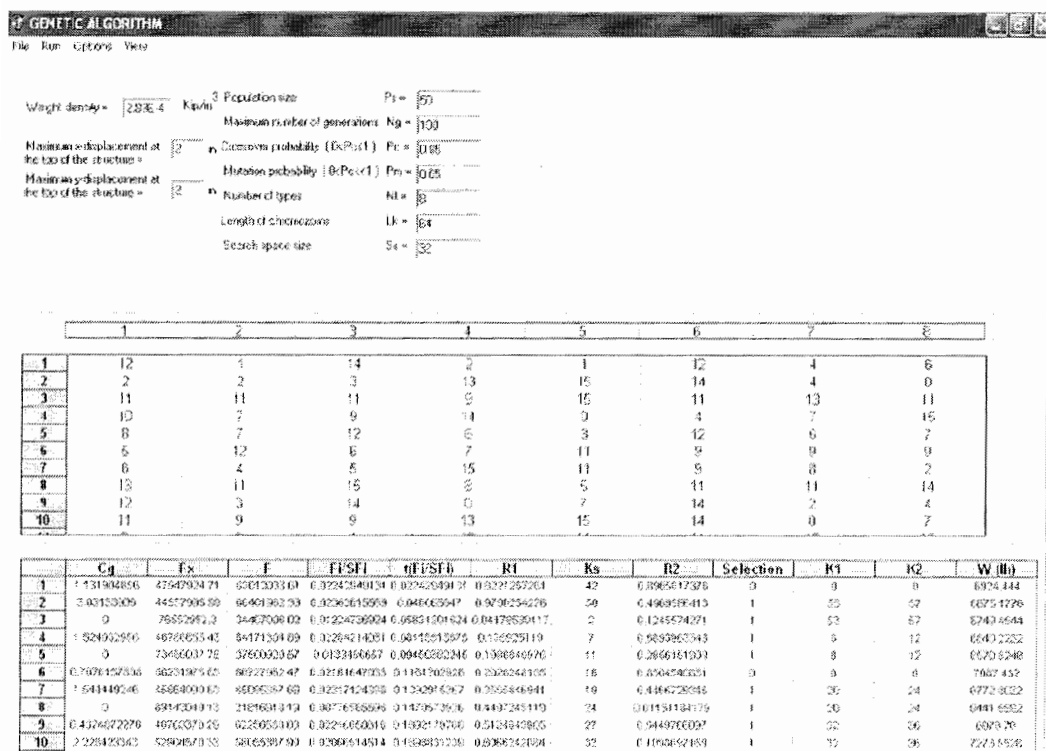
می دهد. همانگونه که از جدول فوقانی بر می آید، این جدول شامل اعضای جمعیت می باشد که ۱۰

عضو اول آن در شکل مشخص می باشد. سازه شامل ۸ تیپ عضو می باشد که باید از میان ۳۲

مقطع فولادی W پیشنهادی انتخاب گردد. بنا براین طول کروموزوم ها برابر ۴۰ خواهد شد. در

شکل با توجه به علایم و شماره های موجود می توان زیر رشته مربوط به هر تیپ از اعضای سازه را شناسایی نمود.

در اولین گام کروموزوم ها باید رمزگشایی شوند و مقطع انتخابی جهت هر تیپ خاص از اعضا مشخص گردد. در شکل ۵-۸ کروموزوم های موجود در شکل ۵-۷ پس از رمزگشایی ملاحظه میشود. با توجه به شکل به روشنی می توان شماره مقطع رمزگشایی شده برای هر تیپ خاص از اعضای سازه را مشاهده نمود.



شکل ۵-۸ صفحه الگوریتم ژنتیک در نرم افزار K1-V4.01 برای تولید یک نسل (در حالت مشاهده شماره مقاطع)

(عکس از نرم افزار K1-V4.01 اقتباس گردیده است.)

پس از مشخص شدن مقطع مورد استفاده جهت هر یک از اعضای تیپ، می توان سازه را تحت

آن شرایط آنالیز نموده و نیروهای داخلی و تغییر مکان گره های آزاد سازه را بدست آورد.

پس از این مرحله با توجه به نوع تعریف تابع پنالتی، میزان نقض قیود سازه محاسبه می شود. این عدد برای کروموزوم های هر نسل را می توان در ستون اول جدول تحتانی اشکال ۵-۷ و ۵-۸ مشاهده نمود.

پس از محاسبه میزان نقض قیود هر یک از کروموزوم ها، تابع هدف اصلاح شده برای آنها محاسبه می شود. ستون دوم جدول نشانگر این اعداد می باشد.

در ستون سوم می توان اعداد مربوط به تابع شایستگی منطبق با فرمول ۵-۱۸ را مشاهده نمود. این ستون از اهمیت خاصی برخوردار است، زیرا اساس مرحله انتخاب بر اعداد این ستون استوار خواهد بود.

همچنین در اشکال ۵-۷ و ۵-۸ می توان روند انتخاب بر اساس روش چرخ گردان را ملاحظه نمود. بنابراین ستون چهارم جدول نسبت شایستگی هر کروموزوم به شایستگی کل و ستون پنجم عدد تجعی این نسبت های شایستگی را نشان می دهد.

در ستون ششم به ازای هر کروموزوم یک عدد تصادفی بین صفر تا یک تولید می شود و با مقایسه با نسبت های تجمعی شایستگی ارائه شده در ستون پنجم، کروموزومی که قطاع مربوط به آن در چرخ گردان در برگیرنده عدد تصادفی تولید شده باشد، برای تولید نسل بعد انتخاب و در ستون هفتم جای می گیرد. بنا براین ستون هفتم کروموزوم های مشارکت کننده برای تشکیل نسل جدید را مشخص می کند. با توجه به مفاهیم بنیادی روش انتخاب چرخ گردان می توان گفت کروموزومی با عدد شایستگی بالاتر، دارای نسبت شایستگی بالاتری خواهد بود و در چرخ گردان قطاع بزرگتری را به خود اختصاص خواهد داد و احتمال حضور اعداد تصادفی تولید شده در قطاع مربوط به آن نیز بیشتر خواهد بود.

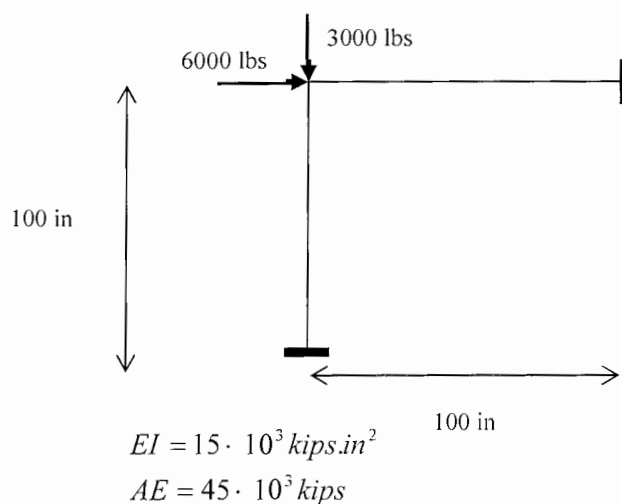
حال که کروموزوم های مشارکت کننده در تولید نسل مشخص گردید لازم است زوج های پیوند مشخص گردند. بدین منظور برای هر کروموزوم یک عدد تصادفی بین صفر و یک تولید (ستون هشتم) و با عدد نرخ پیوند مقایسه می گردد، که در صورت کوچکتر بودن عدد تصادفی از نرخ پیوند، کروموزوم مربوطه در پیوند شرکت کرده و با کروموزوم بعدی در جدول که برای پیوند انتخاب شود

عملیات پیوند و تولید فرزندان نسل آینده را انجام خواهند داد. همچنین کروموزوم هایی که در این مرحله برای پیوند انتخاب نشوند، دقیقاً در نسل بعد کپی شده و حضور می یابند. با توجه به اینکه در این نرم افزار از روش پیوند دوقطه ای استفاده شده است، در ستونهای ۱۰ و ۱۱ دو عدد تصادفی بین صفر و طول کروموزوم برای تعیین نقاط قطع تولید و نسل جدید پس از پیوند تشکیل می گردد. پس از حصول نسل جدید، مراحل فوق مجدداً تکرار می گردد و این عملیات تا جایی انجام می گیرد که به حداکثر تعداد نسل های تعیین شده در برنامه برسیم و یا شرایط دیگری که تعریف می شوند، محقق گردد.

۵-۵ چند مثال و کالیبره نمودن برنامه

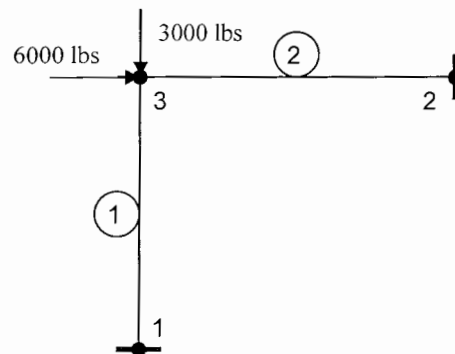
در ادامه به منظور بررسی صحت نتایج، کالیبره کردن نرم افزار K1-V4.01 و بررسی روابط پیشنهادی به ذکر چند مثال پرداخته و نتایج با سایر مراجع مقایسه شده است:

مثال ۱- برای بررسی صحت نتایج آنالیز سازه بر اساس روش ترکیباتی نیروها که نرم افزار-K1 V4.01 آنرا بکار می برد سازه شکل ۵-۹ از مرجع [۱۶] انتخاب شده است.



شکل ۵-۹ سازه مثال ۱

در زیر مدل گراف سازه نشان داده شده است:



شکل ۵-۱۰ مدل گراف سازه مثال ۱

در جداول ۳-۵ و ۴-۵ نتایج حاصل از آنالیز سازه فوق توسط نرم افزار K1-V4.01 و نتایج حاصل از تحلیل سازه فوق به روش مستقیم ماتریس سختی، ارائه شده در مرجع [۱۶] به ترتیب برای نیروهای داخلی اعضا و تغییر مکان گره های آزاد سازه آورده شده است:

جدول ۳-۵ مقایسه پاسخهای برنامه K1-V4.01 و روش مستقیم ماتریس سختی برای نیروهای داخلی اعضا در سازه مثال ۱

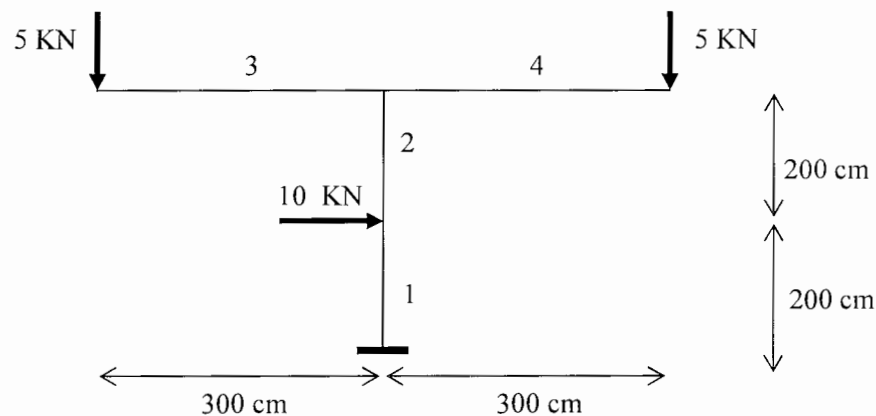
عضو	مولفه نیرو	واحد	پاسخ روش مستقیم ماتریس سختی	پاسخ نرم افزار K1-V4.01
1	Fx	lbs	21.6	19.4
	Fy	lbs	-2998.5	-2983.6
	Mz	Lb.in	1081	1046.3
2	Fx	lbs	5999	5980.6
	Fy	lbs	-4.5	-16.4
	Mz	Lb.in	-440	-746

جدول ۴-۵ مقایسه پاسخهای برنامه K1-V4.01 و روش مستقیم ماتریس سختی برای تغییر مکان گره های آزاد سازه مثال ۱

گره	مولفه نیرو	واحد	پاسخ روش مستقیم ماتریس سختی	پاسخ نرم افزار K1-V4.01
3	δx	in	0.133	0.1329
	δy	in	-0.066	-0.0663
	θz	Rad	-.000489	-.0004994

مثال ۲- در این مثال یک قاب معین جهت کنترل نتایج حاصله توسط GA مطابق شکل ۵-۱۱

مطرح شده است :



شکل ۵-۱۱ سازه معین استاتیکی

با توجه به اینکه سازه مورد نظر یک سازه معین استاتیکی می باشد، نیروهای داخلی اعضا و نیز تغییر مکانهای گرهی مستقل از مشخصات مقطع اعضا می باشد؛ در جداول ۵-۵ و ۶-۵ به ترتیب نیروهای داخلی و تغییر مکان های گرهی سازه نشان داده شده است.

جدول ۵-۵ پاسخهای برنامه K1-V4.01 برای نیروهای داخلی اعضا در سازه معین استاتیکی

عضو	مولفه نیرو	واحد	پاسخ نرم افزار ETABS2000- V8.23	پاسخ نرم افزار K1-V4.01
1	Fx	KN	10000	10000
	Fy	KN	-10000	-10000
	Mz	KN.cm	2000000	2000000
2	Fx	KN	0	0
	Fy	KN	-10000	-10000
	Mz	KN.cm	0	0
3	Fx	KN	0	0
	Fy	KN	-5000	-5000
	Mz	KN.cm	-1500000	-1500000
4	Fx	KN	0	0
	Fy	KN	-5000	-5000
	Mz	KN.cm	-1500000	-1500000

جدول ۵-۶ پاسخهای برنامه K1-V4.01 برای تغییر مکان گره های آزاد در سازه معین استاتیکی

گره	مولفه جابجایی	واحد	پاسخ نرم افزار ETABS2000- V8.23	پاسخ نرم افزار K1- V4.01
2	δx	Cm	2.35	2.3472
	δy	Cm	-0.011	-0.0095
	θz	Rad	0.019	0.0176
3	δx	Cm	5.879	5.868
	δy	Cm	-0.003	-0.003335
	θz	Rad	0.019	0.0176
4	δx	Cm	5.879	5.868
	δy	Cm	5.2	5.2621
	θz	Rad	0.019	0.0176
5	δx	Cm	5.879	5.868
	δy	Cm	-5.3	-5.3002
	θz	Rad	0.019	0.0176

با توجه به معین بودن سازه از نظر استاتیکی و مستقل بودن نیروهای داخلی و تغییر مکانهای گرهی از مقاطع انتخابی و با توجه به اینکه در این مثال کنترل قید تغییر مکان وجود ندارد با داشتن نیروهای داخلی اعضا و روابط طراحی می توان بطور مستقیم شماره اعضای لازم را بدست آورد. اعضای سازه از بین مقاطع ارائه شده در جدول ۵-۷ انتخاب می شوند.

جدول ۵-۷ جدول مقاطع IPE مورد استفاده جهت اعضا در سازه معین استاتیکی

ردیف	مقطع	A (in ²)	I (in ⁴)	S (in ³)
1	IPE 80	7.64	80.1	20
2	IPE 100	10.3	171	34.2
3	IPE 120	13.2	318	53
4	IPE 140	16.4	541	77.3
5	IPE 160	20.1	869	109
6	IPE 180	23.9	1320	146
7	IPE 200	28.5	1940	194
8	IPE 220	33.4	2770	252
9	IPE 240	39.1	3890	324
10	IPE 270	45.9	5790	429
11	IPE 300	53.8	8360	557
12	IPE 330	62.6	11770	713
13	IPE 360	72.7	16270	904
14	IPE 400	84.5	23130	1160
15	IPE 450	98.8	33740	1500
16	IPE 500	116	48200	1930

با توجه به محاسبات موجود برای طراحی مقاطع فولادی، مقطع مورد استفاده برای اعضای ۱ و ۲ در شکل ۵-۱۱ مقطع IPE 500 و مقطع مورد استفاده برای اعضای ۳ و ۴ مقطع IPE 400 خواهد بود.

حال سازه فوق را با نرم افزار K1-V4.01 بهینه یابی می کنیم.

اطلاعات طراحی عبارتند از:

$$E = 2.1 \cdot 10^6 \text{ Kg} / \text{Cm}^2$$

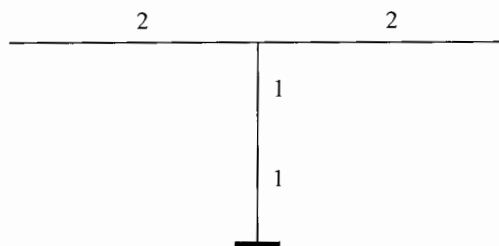
$$\rho = 0.007888 \text{ Kg} / \text{Cm}^3$$

$$F_y = 2400 \text{ Kg} / \text{cm}^2$$

قید محدودیت تغییر مکان جانبی سازه وجود ندارد.

با توجه به بررسی های صورت گرفته $K = 1.0 \cdot \ln(j')$; $j' = 1, 2, 3, \dots, ng$ در نظر گرفته شده است.

تیپ بندی مقاطع سازه در شکل ۱۲-۵ نشان داده شده است:



شکل ۱۲-۵ تیپ بندی اعضا در سازه معین استاتیکی

هر متغیر طراحی می تواند یکی از ۱۶ مقطع جدول ۷-۵ را اتخاذ کند، بنابراین یک رشته دودویی به طول ۴ برای این منظور کافیهست. با توجه به آنکه ۲ متغیر طراحی پس از گروه بندی اعضا وجود دارد، رشته ای با طول کل ۸ لازم می شود.

در این مثال تعداد کروموزوم ها در هر نسل برابر ۵۰ ، حداکثر تعداد نسل ها برابر ۱۰۰ و مقادیر P_c و P_m به ترتیب برابر ۰،۸۵ و ۰،۰۵ در نظر گرفته شده است. در جدول ۵-۹ طرح پیشنهادی توسط نرم افزار K1-V4.01 و طرح بهینه ای که در ابتدا بوسیله کنترل مقاومت مقاطع تعیین گردید ارائه و مقایسه شده است؛ که مشاهده می شود نرم افزار K1-V4.01 دقیقاً همان مقاطع مورد انتظار را بدست داده است:

جدول ۵-۹ طرح های بهینه برای سازه معین استاتیکی

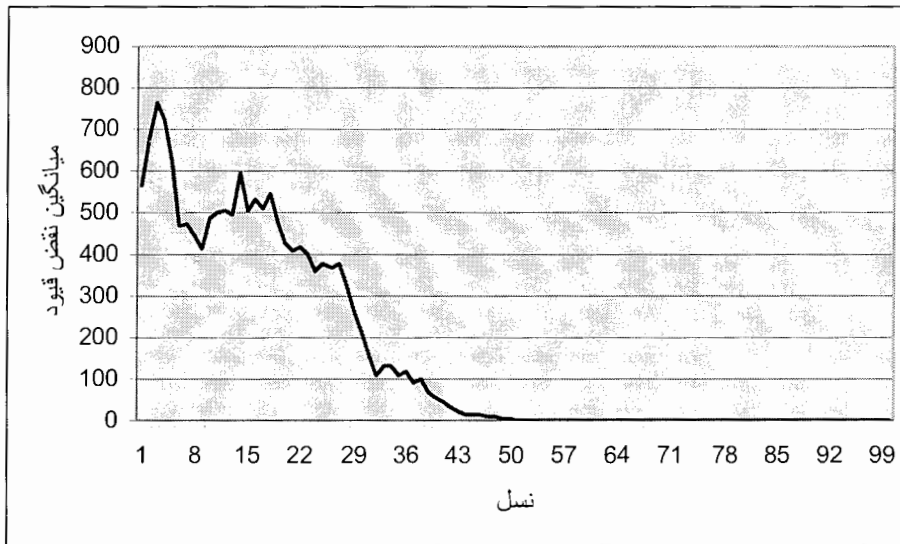
شماره تیپ مقطع	ترکیب ارائه شده توسط محاسبه دستی اعضای سازه	ترکیب ارائه شده توسط نرم افزار K1- V4.01
1	IPE 500	IPE 500
2	IPE 400	IPE 400
وزن کلی سازه	۵۶۷،۸۴۱	۵۶۷،۸۴۱

در جدول ۵-۱۰ مقادیر تابع پناالتی و وزن سازه منتج از اجرای ۱۰۰ نسل الگوریتم ژنتیک برای سازه مذکور نشان داده شده است و می توان روند کاهش تابع پناالتی و وزن سازه را به روشنی مشاهده نمود.

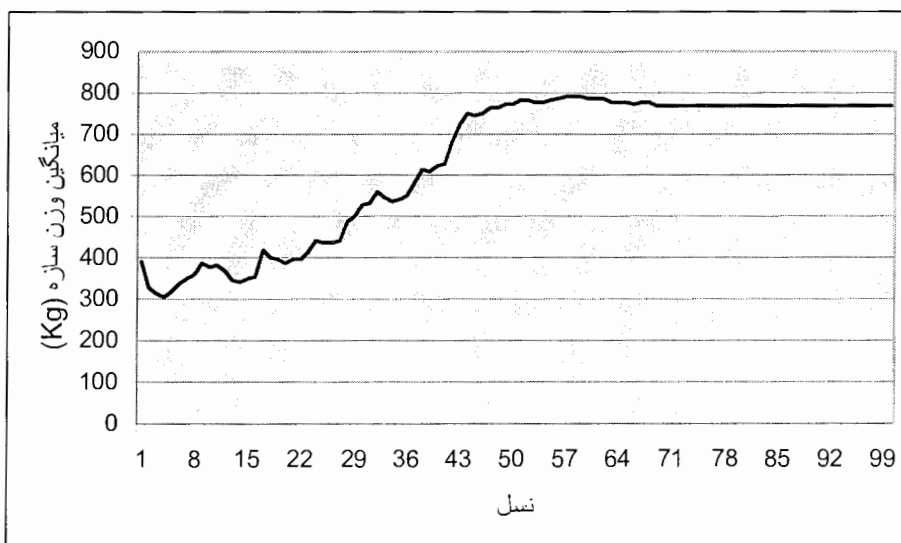
جدول ۵-۱۰ مقادیر تابع پنالتی و وزن سازه معین استاتیکی برای اجرای ۱۰۰ نسل

وزن سازه	نقض قیود	نسل	وزن سازه	نقض قیود	نسل	وزن سازه	نقض قیود	نسل	وزن سازه	نقض قیود	نسل
765.92	0	76	780.55	1.5607	51	436.43	369.37	26	391.45	564.65	1
765.92	0	77	780.59	1.3656	52	443.16	377.32	27	326.25	677.37	2
765.92	0	78	778.49	0.9754	53	488.36	321.56	28	314.64	762.63	3
765.92	0	79	778.49	0.9754	54	499.9	264.47	29	304.31	724.54	4
765.92	0	80	780.99	0.5853	55	528.19	215.12	30	318.68	621.23	5
765.92	0	81	784.21	0.7804	56	532.67	158.39	31	337.6	468.28	6
765.92	0	82	791.06	0.3902	57	559.37	108.11	32	349.12	474.02	7
765.92	0	83	790.27	0.1951	58	545.67	133.44	33	358.45	445.86	8
765.92	0	84	788.64	0.1951	59	535.29	130.2	34	386.26	414.96	9
765.92	0	85	785.42	0	60	538.8	111.24	35	379.35	487.78	10
765.92	0	86	785.15	0	61	551.11	116.1	36	382.39	501.33	11
765.92	0	87	786.23	0	62	581.52	90.792	37	369.51	505.4	12
765.92	0	88	779.46	0	63	615.42	98.111	38	345.44	496.48	13
765.92	0	89	778.11	0	64	610.81	69.893	39	339.18	595.35	14
765.92	0	90	775.4	0	65	620.47	54.472	40	350.69	502.47	15
765.92	0	91	774.05	0	66	628.72	46.635	41	355.61	533.25	16
765.92	0	92	776.75	0	67	679.6	32.716	42	416	507.83	17
765.92	0	93	776.75	0	68	723.13	22.656	43	401.15	546.39	18
765.92	0	94	769.99	0	69	751.67	15.624	44	394.23	477.65	19
765.92	0	95	769.99	0	70	745.79	13.817	45	386.84	426.57	20
765.92	0	96	769.99	0	71	748.27	13.622	46	393.99	407.01	21
765.92	0	97	765.92	0	72	762.55	10.009	47	393.97	416.23	22
765.92	0	98	765.92	0	73	762.92	8.2022	48	414.38	399.66	23
765.92	0	99	765.92	0	74	771.48	4.7839	49	440.8	356.97	24
765.92	0	100	765.92	0	75	773.71	3.1723	50	437.43	377.94	25

همانگونه که از جدول نتایج مشخص است از نسل ۵۶ به بعد میزان نقض قیود صفر شده و از نسل ۸۶ به بعد طرح بهینه حاصل شده است. این امر نشان دهنده تناسب تابع پنالتی پیشنهادی برای این سازه است که همگرایی مناسب و صحیحی را به سمت بهینه عمومی پدید آورده است. روند تغییرات میانگین نقض قیود و وزن سازه به ترتیب در نمودارهای ۵-۱ و ۵-۲ نشان داده شده است :

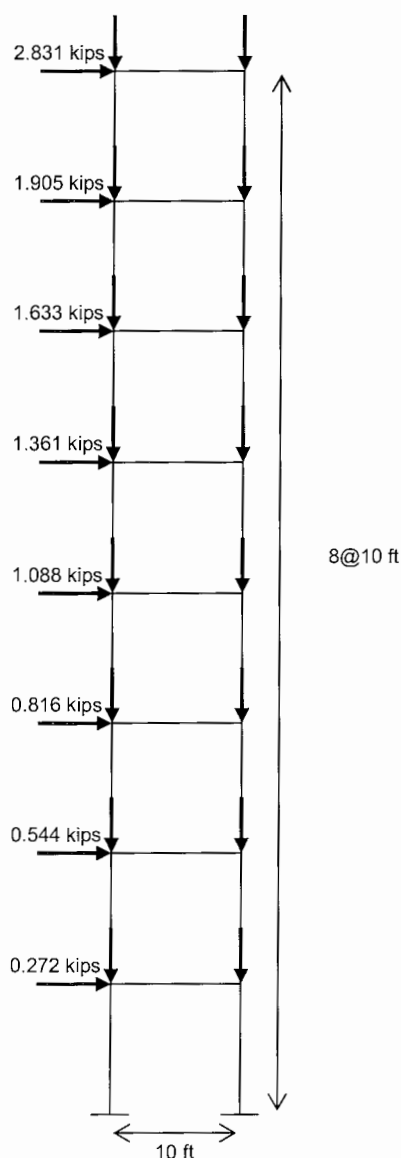


نمودار ۵-۱ روند تغییرات میانگین نقض قیود در بهینه یابی سازه معین استاتیکی برای ۱۰۰ نسل اجرای GA



نمودار ۵-۲ روند تغییرات وزن سازه در خلال بهینه یابی سازه معین استاتیکی برای ۱۰۰ نسل اجرای GA

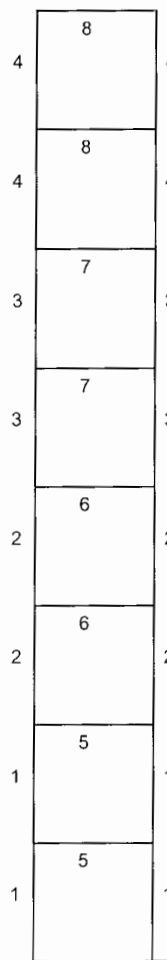
مثال ۳- جهت کنترل نتایج حاصله توسط GA و بررسی کارآمدی استفاده از روشهای ترکیباتی نیروها و روابط پیشنهادی یک مثال از مرجع [۱۷] انتخاب شده است. در ادامه محاسبه نیروهای داخلی و بهینه یابی اعضای سازه برای کمینه سازی وزن کلی سازه بررسی شده است. شکل ۵-۱۳ شمای کلی و بارگذاری قاب یک دهانه، هشت طبقه نشان داده شده است.



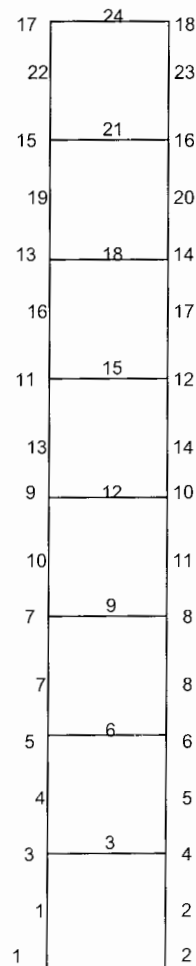
(نیروهای در جهت Y برابر با 1 kips و به سمت پایین می باشد.)

شکل ۵-۱۳ قاب یک دهانه هشت طبقه

در شکل ۵-۱۴ مدل گراف و در شکل ۵-۱۵ تیپ بندی اعضای سازه نمایش داده شده است. در جدول ۵-۱۱ مقاطع اعضای سازه تیپ بندی شده از میان مقاطع فولادی W موجود در لیست استاندارد AISC-ASD نشان داده شده است. این جدول برای تحلیل سازه و مقایسه نتایج بکار گرفته شده است.



شکل ۵-۱۵ تیپ بندی اعضای تیر و ستون قاب یک دهانه هشت طبقه



شکل ۵-۱۴ مدل گراف سازه و شماره گذاری گره ها و اعضای قاب یک دهانه هشت طبقه

جدول ۱۱-۵ مقاطع پیشنهادی جهت اعضای قاب یک دهانه هشت طبقه بر اساس تیپ بندی ارائه شده در شکل ۵-۱۵

شماره تیپ مقطع	مقطع پیشنهادی	$A(in^2)$	$I(in^4)$	$E(ksi)$
1	W 12×45	13.1	348	2.9E+4
2	W 14×34	10	340	2.9E+4
3	W 12×35	10.3	285	2.9E+4
4	W 10×19	5.62	96.3	2.9E+4
5	W 18×35	10.3	510	2.9E+4
6	W 18×40	11.8	612	2.9E+4
7	W 16×36	10.6	448	2.9E+4
8	W 16×26	7.68	301	2.9E+4

در این مرحله با توجه به مشخصات ارائه شده برای سازه و اعضای آن، سازه مزبور توسط نرم افزار ETABS2000-V8.23 و نرم افزار K1-V4.01 تحلیل شده و نتایج بدست آمده مقایسه می گردند. که نتایج بدست آمده توسط نرم افزارهای مذکور برای نیروهای داخلی اعضای سازه در جدول ۵-۱۲ ارائه گردیده است.

جدول ۵-۱۲ مقایسه پاسخهای K1-V4.01 و ETABS2000-V8.23 برای نیروهای داخلی اعضای قاب

یک دهانه هشت طبقه

عضو	مولفه نیرو	واحد	پاسخ نرم افزار ETABS2000-V8.23	پاسخ نرم افزار K1-V4.01
1	Fx	Lbs	5212.65	5226.9
	Fy	Lbs	42044.9	47114.3
	Mz	Lb.in	411738	338016.6
2	Fx	Lbs	5237.35	5223.1
	Fy	Lbs	-65708.7	-63114.3
	Mz	Lb.in	412563.5	337786.9
3	Fx	lbs	-124.8	-136
	Fy	lbs	9073.4	10238.4
	Mz	Lb.in	-487980.5	-614536.1

عضو	مولفه نیرو	واحد	پاسخ نرم افزار ETABS2000-V8.23	پاسخ نرم افزار K1-V4.01
4	Fx	lbs	5065.47	5090.9
	Fy	lbs	34591.2	37875.9
	Mz	Lb.in	328089.5	325323
5	Fx	lbs	5112.5	5087.1
	Fy	lbs	-55015.5	-51875.9
	Mz	Lb.in	331025.3	325094.4
6	Fx	lbs	-272.4	-271.3
	Fy	lbs	9604.9	9905.1
	Mz	Lb.in	-516485.9	-594493
7	Fx	lbs	4793.9	4818.2
	Fy	lbs	26561	28970.7
	Mz	Lb.in	293823.3	308907.1
8	Fx	lbs	4840.1	4815.8
	Fy	lbs	-43836	-40970.7
	Mz	Lb.in	296516.1	308766.4
9	Fx	lbs	-405.9	-408.5
	Fy	lbs	9262.7	9139.7
	Mz	Lb.in	-489333.4	-548549.2
10	Fx	lbs	4383.8	4410.6
	Fy	lbs	18838.2	20831
	Mz	Lb.in	271405.3	279275.6
11	Fx	lbs	4434.2	4407.4
	Fy	lbs	-33033.3	-30831
	Mz	Lb.in	274383	279079.6
12	Fx	lbs	-547.7	-544.5
	Fy	lbs	8338.4	8165.8
	Mz	Lb.in	-440426.2	-490175.2
13	Fx	Lbs	3843.51	3867.1
	Fy	Lbs	12047	13665.2
	Mz	Lb.in	242823	240174.8
14	Fx	Lbs	3886.5	3862.9
	Fy	Lbs	-23147.7	-21665.2
	Mz	Lb.in	245414.6	239918.4
15	Fx	lbs	-675.4	-679.9
	Fy	lbs	6781.2	6995.7
	Mz	Lb.in	-362793.6	-419964.1

عضو	مولفه نیرو	واحد	پاسخ نرم افزار ETABS2000-V8.23	پاسخ نرم افزار K1-V4.01
16	Fx	lbs	3157.9	3186
	Fy	lbs	6795.6	7669.5
	Mz	Lb.in	21340.8	196082.5
17	Fx	lbs	3211.1	3183
	Fy	lbs	-14836.8	-13669.5
	Mz	Lb.in	188662.2	195898.3
18	Fx	lbs	-831.4	-816.9
	Fy	lbs	5625.7	5495.1
	Mz	Lb.in	-301063	-329912.6
19	Fx	lbs	2356.33	2369.9
	Fy	lbs	2630.9	3174.4
	Mz	Lb.in	19033.6	143671
20	Fx	lbs	2379.7	2366.1
	Fy	lbs	-7750.1	-7174.4
	Mz	Lb.in	143261.4	143444.5
21	Fx	lbs	-947.8	-953
	Fy	lbs	3651.1	3765.6
	Mz	Lb.in	-199459	-226192.1
22	Fx	lbs	1399.2	1417.9
	Fy	lbs	301.2	408.8
	Mz	Lb.in	72965.9	85476.6
23	Fx	lbs	1431.85	1413.1
	Fy	lbs	-2777.8	-2408.8
	Mz	Lb.in	78384.1	85188.1
24	Fx	lbs	-1431.9	-1413.1
	Fy	lbs	1539.5	1408.8
	Mz	Lb.in	-84085	-84671.9

با توجه به نتایج ارائه شده ، می توان مشاهده نمود که پاسخهای نرم افزار K1-V4.01 با دقت

خوب با پاسخهای نرم افزار ETABS2000-V8.23 مطابقت می نماید.

در ادامه به بررسی بهینه یابی سازه قاب یک دهانه هشت طبقه با نرم افزار K1-V4.01 می پردازیم.

اطلاعات طراحی عبارتند از:

$$E = 2.9 \cdot 10^7 \text{ psi}$$

$$\rho = 0.283 \text{ lb/in}^3$$

$$F_y = 34.128 \text{ ksi}$$

$$u_{\max} = \pm 2 \text{ in}$$

با توجه به بررسی های صورت گرفته $K = 1.0 \cdot \ln(j')$; $j' = 1, 2, 3, \dots, ng$ فرض شده است. چنانچه متغیرهای طراحی منفصل فرض شوند، مقادیرشان بایستی از لیست پروفیل‌های موجود انتخاب گردد. بدین منظور جدول ۵-۸ شامل ۳۲ مقطع استاندارد W که از لیست ۲۶۸ عضوی مقاطع فولادی W انستیتو طراحی سازه های فولادی آمریکا (AISC-ASD) اقتباس شده است پیشنهاد می گردد.

همانگونه که مشاهده می شود در مجموع ۳۲ مقطع منفصل در جدول ۵-۱۳ موجود است. هر متغیر طراحی می تواند یکی از ۳۲ مقطع جدول را اتخاذ کند، بنابراین یک زیر رشته دودویی به طول ۵ برای این منظور کافیهست. با توجه به آنکه ۸ متغیر طراحی پس از گروه بندی اعضا وجود دارد، رشته ای با طول کل ۴۰ لازم می شود.

زیر رشته 00000 بیانگر اولین عنصر جدول یعنی مقطع $W6 \times 16$ و زیر رشته 11111 بیانگر مقطع سی و دوم یعنی $W24 \times 76$ می باشد. هر مقدار مابین این دو توسط رمز گشایی بدست می آید. تعداد کروموزوم ها یا اعضای جمعیت برابر ۵۰ در نظر گرفته می شود. $P^c = 0.85$ و $P^m = 0.05$ منظور شده است.

جدول ۵-۱۳ جدول مقاطع W مورد استفاده جهت اعضا

ردیف	مقطع	A (in ²)	I (in ⁴)	S (in ³)
1	W6×16	4.74	32.1	10.2229
2	W6×20	5.89	41.5	13.3871
3	W8×18	5.26	61.9	15.2088
4	W8×28	8.24	98	24.3176
5	W10×19	5.62	96.3	18.8824
6	W10×26	7.61	144	27.9612
7	W10×30	8.84	170	32.381
8	W10×33	9.71	171	35.149
9	W10×39	11.5	209	42.1371
10	W12×16	4.71	103	17.1667
11	W12×35	10.3	285	45.6
12	W12×40	11.7	307	51.5966
13	W12×45	13.1	348	57.5207
14	W12×50	14.6	391	64.0984
15	W14×34	10	340	48.5714
16	W14×38	11.2	385	54.6099
17	W14×43	12.6	428	62.4818
18	W14×53	15.6	541	7.8417
19	W14×74	21.8	795	111.9718
20	W16×26	7.68	301	38.3439
21	W16×31	9.13	375	47.1698
22	W16×36	10.6	448	56.3522
23	W18×35	10.3	510	57.6271
24	W18×40	11.8	612	68.3799
25	W18×46	13.5	712	78.674
26	W21×50	14.7	984	94.6154
27	W21×68	20	1480	140.2844
28	W21×73	21.5	1600	150.9434
29	W21×111	32.7	2670	248.3721
30	W24×55	16.3	1360	115.2542
31	W24×68	20.1	1830	154.4304
32	W24×76	22.4	2100	175.7322

در مرجع [۱۷] سه طرح بهینه برای سازه مذکور که توسط روشهای مختلف بدست آمده است

ارائه گردیده است. در جدول ۵-۱۴ نتایج حاصل از بهینه یابی سازه توسط الگوریتم ژنتیک

پیشنهادی با نتایج مقاله مزبور مقایسه شده است.

جدول ۵-۱۴ طرح های بهینه قاب یک دهانه هشت طبقه

شماره تیپ مقطع	روشهای پیشنهادی در مرجع [۱۷]			روش پیشنهادی در این پایان نامه
	روش ۱	روش ۲	روش ۳	
۱	W12×45	W18×46	W14×34	W12×40
۲	W14×34	W16×31	W10×39	W16×31
۳	W12×35	W16×26	W10×33	W16×31
۴	W10×19	W12×16	W8×18	W10×19
۵	W18×35	W18×35	W21×68	W10×33
۶	W18×40	W18×35	W24×55	W14×34
۷	W16×36	W18×35	W21×50	W10×30
۸	W16×26	W16×26	W12×40	W6×16
وزن کلی سازه (kips)	۷,۴۷	۷,۳۸	۹,۲۲	۷,۲۳

با توجه به جدول ۵-۱۴ مشخص می گردد که وزن کلی سازه ارائه شده توسط روش پیشنهادی

به میزان قابل توجهی کمتر از نتایج بدست آمده در مرجع [۱۷] می باشد.

در جدول ۵-۱۵ مقادیر میانگین نقض قیود و وزن سازه منتج از اجرای ۱۰۰ نسل الگوریتم

ژنتیک برای سازه مذکور نشان داده شده است و می توان روند کاهش تابع پنالتی و وزن سازه را به

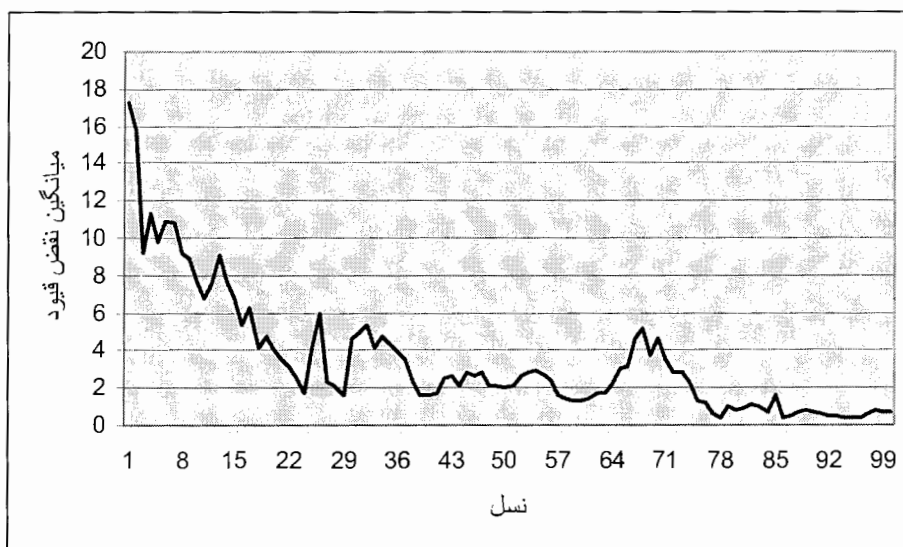
روشنی مشاهده نمود.

جدول ۵-۱۵ مقادیر میانگین نقض قیود و وزن سازه برای اجرای ۱۰۰ نسل (قاب یک دهانه هشت طبقه)

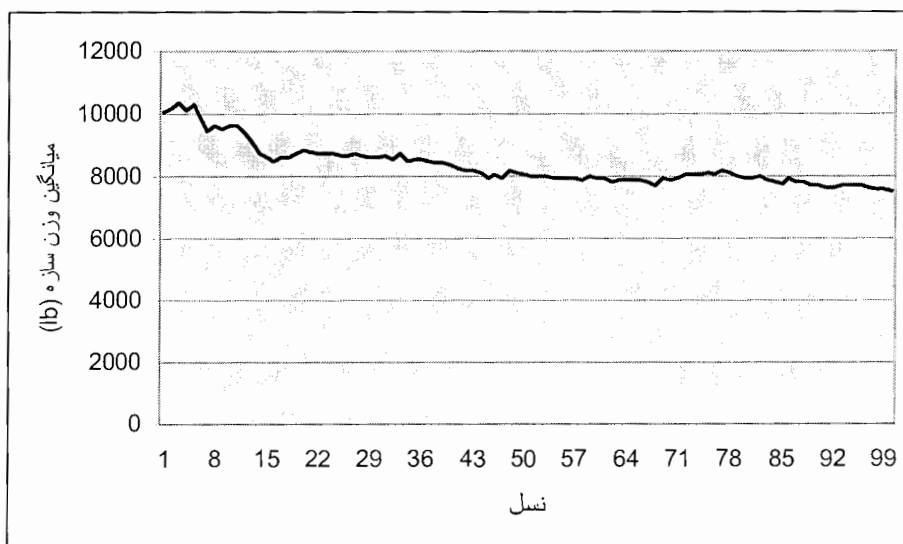
وزن سازه	نقض قیود	نس	وزن سازه	نقض قیود	نس	وزن سازه	نقض قیود	نس	وزن سازه	نقض قیود	نس
8078.7	1.2393	76	8027	2.0905	51	8672.3	5.9113	26	10063	17.232	1
8206.3	0.5637	77	8016.4	2.6416	52	8723.9	2.3091	27	10176	15.772	2
8135.7	0.4425	78	8012.9	2.7893	53	8674	2.1498	28	10387	9.1764	3
7977.2	0.9801	79	7918.5	2.9254	54	8587.5	1.601	29	10124	11.289	4
7962	0.8413	80	7953	2.691	55	8608.2	4.6266	30	10275	9.772	5
7959.5	0.9374	81	7961.2	2.4297	56	8689.3	4.9552	31	9950.1	10.866	6
7979.4	1.099	82	7966.7	1.6085	57	8575.7	5.3203	32	9450.7	10.793	7
7866.5	1.0495	83	7895	1.4295	58	8707.4	4.1646	33	9628.3	9.1904	8
7799.3	0.701	84	7972.3	1.2783	59	8501	4.7114	34	9517.4	8.8696	9
7742	1.5818	85	7923.5	1.2897	60	8553.8	4.3395	35	9655.9	7.6581	10
7919.7	0.4239	86	7921.8	1.4525	61	8552.1	3.8958	36	9620.8	6.791	11
7839.4	0.485	87	7826.7	1.7245	62	8491.6	3.5286	37	9374.5	7.5722	12
7789.2	0.6927	88	7860.5	1.72	63	8421.8	2.4119	38	9090.1	9.0886	13
7683.3	0.8395	89	7904.7	2.2085	64	8400.7	1.6482	39	8751	7.723	14
7684.3	0.738	90	7883.3	2.9903	65	8365.6	1.6035	40	8609.6	6.7806	15
7619.9	0.5985	91	7869.5	3.1275	66	8244.5	1.7197	41	8479.4	5.3959	16
7637.9	0.542	92	7806.3	4.6897	67	8171.7	2.5089	42	8631.6	6.3011	17
7684.3	0.4989	93	7703.4	5.1178	68	8195.5	2.6418	43	8603	4.163	18
7681.2	0.404	94	7915.1	3.7453	69	8103.7	2.1009	44	8747.3	4.7718	19
7686.8	0.3624	95	7868.4	4.622	70	7941.7	2.7923	45	8852.9	4.0779	20
7685.5	0.3636	96	7955.5	3.5484	71	8043.8	2.6643	46	8785.7	3.539	21
7625.2	0.624	97	8039.2	2.8481	72	7953.5	2.7985	47	8710.7	3.1283	22
7592.8	0.8569	98	8072.5	2.8355	73	8169.7	2.1007	48	8747.4	2.5491	23
7573.2	0.6611	99	8076.7	2.2287	74	8112.2	2.1164	49	8705.3	1.7664	24
7542.4	0.7126	100	8125.2	1.334	75	8035.5	2.0417	50	8645.2	4.097	25

روند تغییرات میانگین نقض قیود و وزن سازه به ترتیب در نمودارهای ۵-۳ و ۵-۴ نشان داده

شده است.

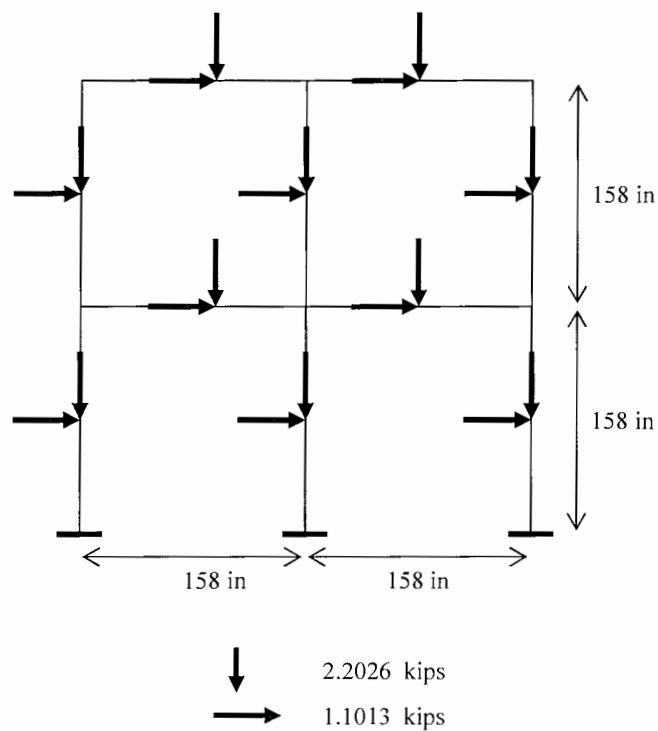


نمودار ۳-۵ روند تغییرات میانگین نقض قیود سازه قاب یک دهانه هشت طبقه برای ۱۰۰ نسل اجرای GA



نمودار ۴-۵ روند تغییرات وزن سازه در قاب یک دهانه هشت طبقه برای ۱۰۰ نسل اجرای GA

مثال ۴- در این مثال سازه ارائه شده در مرجع [۱۸] مورد بررسی قرار گرفته است. سازه مورد نظر یک قاب دو دهانه، دو طبقه با نیروهای خارجی گرهی و میان عضوی مطابق شکل ۵-۱۶ می باشد:



شکل ۵-۱۶ قاب دو دهانه دو طبقه

اطلاعات طراحی عبارتند از:

$$E = 2.9 \cdot 10^7 \text{ psi}$$

$$\rho = 0.283 \text{ lb/in}^3$$

$$F_y = 34.128 \text{ ksi}$$

قیدی برای محدودیت تغییر مکان جانبی سازه وجود ندارد.

با توجه به بررسی های صورت گرفته $j' = 1, 2, 3$; $Ln(j') = 0.5 \cdot K$ فرض شده است. در اینجا باید به این نکته توجه داشت که رابطه کلی ارائه شده برای محاسبه K برای بهینه یابی کلیه قابها معتبر می باشد ولیکن بنا به شرایط مساله در صورت استفاده از رابطه کلی بایستی تعداد نسل سازی ها افزایش یابد. در این مثال با ارائه تعریف جدید K تعداد نسل سازیهای لازم برای حصول به نتیجه کاهش یافته است. در این مثال نیز برای مقاطع اعضا از جدول ۵-۱۳ شامل ۳۲ مقطع استاندارد W استفاده شده است.

هر متغیر طراحی می تواند یکی از ۳۲ مقطع جدول را اتخاذ کند، بنابراین یک زیررشته دودویی به طول ۵ برای این منظور کافیهست. با توجه به آنکه ۱۰ متغیر طراحی پس از گروه بندی اعضا وجود دارد، رشته ای با طول کل ۵۰ لازم می شود.

در این مثال تعداد اعضای جمعیت (Pop-Size) برابر ۵۰، حداکثر تعداد نسل ها برابر ۱۰۰ و مقادیر P_c و P_m به ترتیب برابر ۰،۸۵ و ۰،۰۵ در نظر گرفته شده است. در این مثال اعضای سازه تیپ بندی نشده است.

شماره گذاری اعضای سازه مطابق شکل ۵-۱۷ می باشد.

17	18	19	20	
8		12		10
7		11		9
13	14	15	16	
2		6		4
1		5		3

شکل ۵-۱۷ مدل گراف قاب دو دهانه دو طبقه

در مرجع [۱۸] سه طرح بهینه برای سازه مذکور که توسط روشهای مختلف بدست آمده است ارائه گردیده است که در جدول ۵-۱۶ به همراه نتایج حاصل از بهینه یابی سازه توسط الگوریتم ژنتیک پیشنهادی در این پایان نامه نشان داده شده است. با توجه به جدول ۵-۱۶ مشخص می گردد که وزن کلی سازه بدست آمده توسط روش پیشنهادی در این پایان نامه به میزان قابل توجهی کمتر از نتایج ارائه شده در مرجع [۱۸] می باشد.

جدول ۵-۱۶ طرح های بهینه برای قاب دو دهانه دو طبقه

شماره تپ مقطع	روشهای مورد استفاده در مرجع [۱۸]			روش پیشنهادی در این پایان نامه
	روش ۱	روش ۲	روش ۳	
۱	W12×35	W12×35	W10×30	W18×35
۲	W14×43	W12×35	W14×53	W12×35
۳	W14×53	W12×35	W14×38	W10×33
۴	W14×38	W14×38	W14×43	W16×26
۵	W10×19	W10×30	W14×43	W14×43
۶	W12×35	W12×35	W10×30	W10×19
۷	W12×35	W14×43	W12×35	W12×45
۸	W14×38	W10×30	W14×43	W8×18
۹	W14×53	W12×35	W10×19	W10×19
۱۰	W10×19	W10×19	W12×35	W10×33
وزن کلی سازه (kips)	۴.۵۸۵	۴.۳۵۸	۴.۷۵۴	۴.۱۶۳

در جدول ۵-۱۷ مقادیر میانگین نقض قیود و وزن سازه منتج از اجرای ۱۰۰ نسل الگوریتم

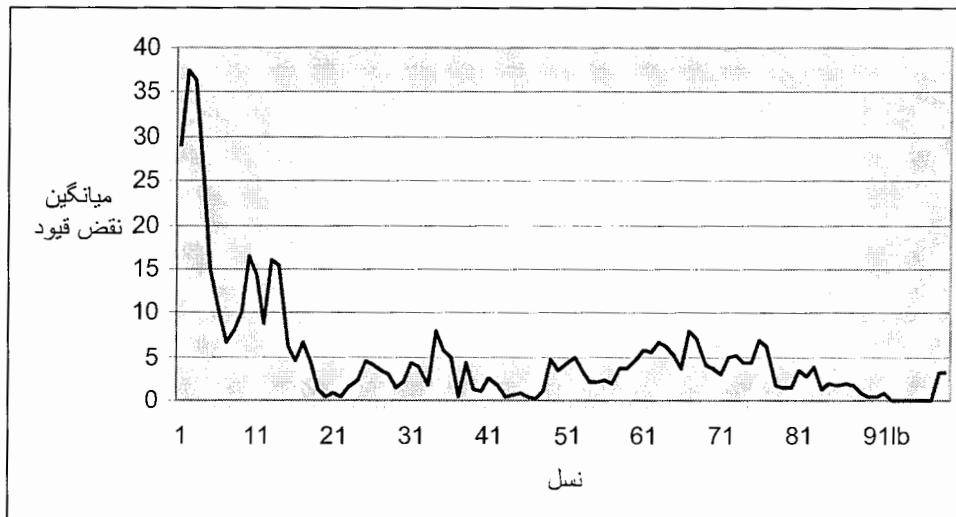
ژنتیک برای سازه مذکور نشان داده شده است.

جدول ۵-۱۷ مقادیر میانگین نقض قیود و وزن سازه برای اجرای ۱۰۰ نسل (مثال ۴)

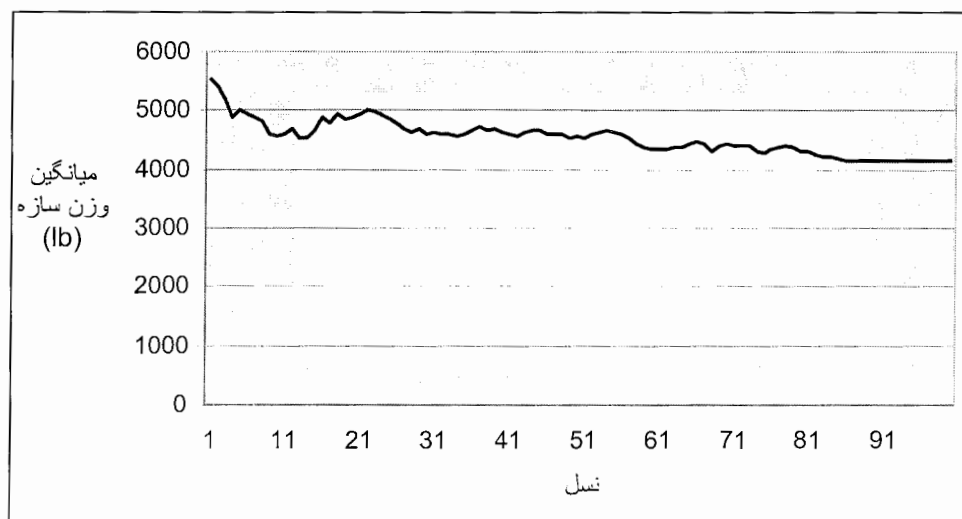
وزن سازه	نقض قیود	نس	وزن سازه	نقض قیود	نس	وزن سازه	نقض قیود	نس	وزن سازه	نقض قیود	نس
4333.7	6.8771	76	4541.7	4.3117	51	4800.2	3.9615	26	5567.7	28.825	1
4366.3	6.214	77	4604.3	4.8513	52	4704	3.3533	27	5427.3	37.475	2
4399.2	1.6862	78	4612.5	3.4243	53	4631.3	2.9881	28	5195	36.439	3
4366.6	1.4226	79	4657.4	2.0817	54	4675.6	1.5577	29	4897.6	26.524	4
4306.7	1.5628	80	4614.6	2.1965	55	4596	2.1101	30	5010.3	15.04	5
4297.5	3.3176	81	4590.6	2.3669	56	4614	4.381	31	4945.1	9.9541	6
4250.1	2.7321	82	4533.8	1.9934	57	4587.2	3.8655	32	4892.7	6.5926	7
4212.7	3.9069	83	4421	3.6261	58	4602.8	1.7527	33	4807.7	7.8926	8
4200.2	1.1953	84	4382.8	3.657	59	4578.2	7.9928	34	4588	10.135	9
4170.1	1.8942	85	4339.2	4.688	60	4609.6	5.8613	35	4554.3	16.422	10
4140.5	1.7109	86	4328.5	5.7825	61	4662.4	4.8217	36	4589.5	14.338	11
4133.1	1.9543	87	4336.1	5.5011	62	4733.5	0.3801	37	4683.4	8.7788	12
4133.6	1.8174	88	4358.3	6.5366	63	4668.5	4.2007	38	4541.2	16.082	13
4144.3	0.9042	89	4379.4	6.2917	64	4679.5	1.2194	39	4540.8	15.337	14
4152.6	0.4321	90	4423.2	5.0426	65	4635.6	1.1716	40	4670.9	6.1113	15
4154.2	0.3656	91	4482.7	3.5339	66	4604.3	2.528	41	4870	4.4051	16
4164.5	0.9441	92	4430.7	7.9076	67	4578.1	1.7146	42	4803	6.5654	17
4162.1	0.0332	93	4316.3	6.9786	68	4620.2	0.4485	43	4934.8	4.5879	18
4161.3	0.0665	94	4419.4	4.0444	69	4648	0.6232	44	4847.8	1.1895	19
4162.9	0	95	4428.1	3.5451	70	4656.8	0.8733	45	4867.8	0.4498	20
4162.9	0	96	4404	3.0335	71	4588.9	0.4238	46	4939.5	0.8935	21
4162.9	0	97	4392.5	4.9873	72	4601.4	0.1483	47	5005.2	0.4265	22
4162.9	0	98	4406.9	5.1886	73	4600.6	1.1439	48	4992.7	1.4765	23
4159	3.106	99	4317.4	4.2836	74	4544.6	4.6026	49	4921.5	2.3871	24
4154.5	3.2652	100	4287.9	4.2258	75	4570.6	3.4689	50	4858.6	4.3873	25

روند تغییرات میانگین نقض قیود و وزن سازه به ترتیب در نمودارهای ۵-۵ و ۶-۵ نشان داده

شده است :



نمودار ۵-۵ روند تغییرات میانگین نقض قیود قاب دو دهانه دو طبقه برای ۱۰۰ نسل اجرای GA



نمودار ۶-۵ روند تغییرات وزن سازه در بهینه یابی قاب دو دهانه دو طبقه برای ۱۰۰ نسل اجرای GA

فصل ششم

نتایج و پیشنهادات

۶-۱ نتایج

در فصل اول تاریخچه پیدایش و توسعه تئوری گراف، روشهای ترکیباتی نیروبرای تحلیل سازه ها، و الگوریتم ژنتیک تشریح شد. در فصل دوم اصول و مبانی تئوری گراف، و مدل سازی سازه ها بصورت گراف، در حد نیازمندیهای مسئله مطرح شد و در فصل سوم استفاده از روش گراف و روشهای ترکیباتی نیروها جهت تحلیل سازه ها عنوان گردید. در ادامه، در فصل چهارم، مدلی ساده از الگوریتم ژنتیک جهت بهینه یابی تشریح و در فصل پنجم روش استفاده از الگوریتم ژنتیک جهت بهینه یابی ترکیباتی نیروها جهت بهینه یابی قیودی مستوی مطرح و نتایج حاصله از روش عددی سازه نمونه بررسی و ارائه گردید.

با عنایت به گستردگی مذهب تئوری گراف، روشهای ترکیباتی نیروها و الگوریتم ژنتیک، تطبیق این مقولات مستلزم تکرار و تکریر نمودن برخی عوامل با توجه به نیازمندیهای مسئله است که این امر توانمندی پیچیدگی و ظرافت های خاصی است. در این پایان نامه سعی بر آن بوده است دست کاربر برای اعمال تغییرات دلخواه در الگوریتم های مورد استفاده را برآورده و نتایج پس از اعمال این تغییرات قابل بررسی باشد. با توجه به بررسی های صورت گرفته و نتایج حاصله که پاره ای از آنها در نمونه مثالهای فصل پنجم اشاره گردید بطور کلی می توان به موارد زیر اشاره نمود:

۱- مدل سازی سازه ها با استفاده از تئوری گراف منجر به ارائه مدلی مناسب از سازه برای انجام عملیات آنالیز سازه با استفاده از روش ترکیباتی نیروها و بهینه یابی آن با استفاده از الگوریتم ژنتیک می شود.

۲- در این پایان نامه با توجه به استفاده از روش نیروها مطابق آنچه اشاره شده است، حجم عملیات ماتریسی صورت گرفته به میزان قابل توجهی کاهش یافته و سرعت اجرای الگوریتم ژنتیک بسیار افزایش می یابد.

با عنایت به فلوچارت اشاره شده برای روش نیرو، مشاهده می کنیم که ماتریسهای B_0 ، B_1 و P برای یک مدل گراف ارائه شده برای سازه مستقل از مشخصات مقاطع اعضا می باشد و تنها بستگی به هندسه کلی و داخلی مدل گراف سازه دارد و مشخصات مقاطع اعضا تنها در تشکیل ماتریسهای D_m و Δ تاثیر گذار خواهد بود. بنا براین در آنالیز سازه در تکرارهای الگوریتم ژنتیک نیاز به تشکیل مجدد ماتریسهای B_0 ، B_1 و P در هر مرحله نمی باشد و این کار فقط یکبار و در ابتدای اجرای برنامه کامپیوتری انجام می شود و در مراحل بعد تنها ماتریسهای D_m و Δ به توجه به ترکیب جدید مقاطع برای اعضای سازه که توسط کروموزوم مربوطه ارائه می شود، محاسبه می شوند. به این ترتیب به ازای هر طرح جدید فقط به تعداد درجات نامعینی ستاتیکی شبکه تعداد محاسبات حسی حل می شود. در حالیکه در روشهای سنتزی به تعداد درجات آزادی گرهی سازه که به قیودا به میزان n درجات نامعینی ستاتیکی بیشتر است، به ازای هر شبکه تعداد محاسبات حسی حل می شود. این امر سهم بسزایی در کاهش حجم محاسبات صورت گرفته توسط الگوریتم ژنتیک به می کند و توقع می توان ادعا نمود که مزیت استفاده از روش ترکیباتی نیروها - الگوریتم ژنتیک همپس می باشد.

۳- با عنایت به ماهیت بهینه یابی سازه ها و قابلیت تطبیق اصول مدل سازی سازه با مدلی الگوریتم ژنتیک این روش را می توان یکی از موثرترین روشهای بهینه یابی سازه ها دانست.

۴- استفاده از روابط ۴-۵ و ۵-۵ منجر به حصول پاسخهای بهتر و دقیقتر در مسائل شده است که این امر را می توان نتیجه انعطاف پذیری این روش در تعریف عوامل مختلف دخیل در آن و کالیبره کردن و یا تعریف مجدد برخی توابع بکار گرفته شده در این روش دانست.

۵- در این قسمت برخی پیشنهادات اساسی برای استفاده از الگوریتم ژنتیک ارائه می گردد. این پیشنهادات بسیار کلی هستند، چون هیچ تئوری کلی که بتواند برای تنظیم کردن پارامترهای

GA برای هر مساله دلخواه کمک کند در دست نیست. پیشنهادات زیر اغلب نتایج مطالعات تجربی بر روی GA بوده و به ازای رمز بندی در حالت دودویی مصداق دارد.

نرخ پیوند: نرخ پیوند بایستی عموماً بالا یعنی در حدود ۸۰٪ تا ۹۵٪ باشد. در این پایان نامه نرخ پیوند برابر با ۸۵٪ منظور شده است.

نرخ جهش: در این پایان نامه جهت حصول به نتایج مناسب عدد نرخ جهش برابر با ۵٪ در نظر گرفته شده است.

اندازه جمعیت: در این پایان نامه با توجه به بررسی های صورت گرفته اندازه جمعیت برابر با ۱۰۰ در نظر گرفته شده است. ممکن است عجیب باشد که جمعیت بسیار بزرگ معمولاً عملکرد GA را (به دلیل کاهش در سرعت پیدا کردن جواب) بهبود نمی بخشد. اندازه خوب جمعیت برای تعداد متغیرهای که در حدود ۳۰ تا ۴۰ می باشد برای تعداد متغیرهای طراحی بزرگ در حدود ۵۰ تا ۱۰۰ می باشد. برخی تحقیقات همچنین نشان داده است که بهترین اندازه جمعیت به اندازه رشته رمزبندی شده (کروموزوم) بستگی دارد. این بدان معنی است که اگر کروموزوم هایی با ۳۲ بیت داشته باشیم، بستن به حالت کروموزوم های ۱۶ بیتی جمعیت باید بزرگتر باشد.

انتخاب: معمولاً روش پایه انتخاب چرخ کردن است، اما برخی اوقات روش انتخاب رندمی می تواند بهتر باشد. همچنین برخی روش های پیچیده دیگر وجود دارد که پارامترهای انتخاب را در حلال اجرای (i.e) تغییر می دهند. همچنین برای اطمینان از عدم حذف بهترین جواب های پیدا شده می توان از روش نخه گیری استفاده نمود. در این پایان نامه از روش چرخ کردن استاندارد استفاده شده است.

رمز بندی: رمز بندی به مساله و همچنین اندازه موضوع مساله بستگی دارد. در این پایان نامه از روش رمزبندی دودویی استفاده شده است.

نوع پیوند و جهش: عملگر ها به روش رمز بندی انتخاب شده و خود مساله بستگی دارند. در این پایان نامه از روش پیوند دو نقطه ای برای رمز بندی در حالت دودویی استفاده شده است.

۶-۲ پیشنهادات

با توجه به آنکه تحلیل سازه بر اساس روش ترکیباتی نیروها خود در حد پایان نامه کارشناسی ارشد محسوب می شود و تلفیق آن با علم الگوریتم ژنتیک دامنه های مطالعاتی گسترده ای را ایجاد می کند، لذا با توجه به محدودیت زمان و با نظر استاد محترم راهنما مطالعات در این حد صورت پذیرفت.

به هر حال با توجه به نیازمندیهای موجود و لزوم ادامه تحقیقات ذیلا پیشنهاداتی جهت ادامه کار توسط محققان، استید و دانشجویان گرامی ارائه می گردد:

- ۱- مدل سازی قهیدی فضایی با استفاده از تئوری گراف و استفاده از روشهای ترکیباتی نیروها.
- ۲- مدل سازی قهیدی مستوی و فضایی با در نظر گرفتن انواع شرایط تکیه کاهی و انواع شرایط ممکن کاهی دو سر عضو با استفاده از تئوری گراف و استفاده از روشهای ترکیباتی نیروها.
- ۳- پیدا کردن الگوریتمی مناسب برای پیدا نمودن سریعتر و دقیقتر به سبک مدل گراف ساده.
- ۴- استفاده از نرم افزارهای محاسباتی فنی و مهندسی مانند Matlab و ... و تحقیق در مورد نرم افزارهای ارائه شده به منظور استفاده از توابع و زیر برنامه های استاندارد موجود در جهت کاهش هزینه بیشتر زمان مورد نیاز برای آنالیز و بهینه یابی سازه.
- ۵- پیشنهاد توابع هدف اصلاح شده مناسب برای شرایط کونکون بهینه یابی برای انواع مختلف سازه ها.
- ۶- پیشنهاد توابع بدالتی، ضرایب و پارامترهای مناسب برای انواع مختلف سازه ها و سعی در عمومیت بخشیدن به آن برای استفاده در سازه های متنوع در جهت جستجوی هر چه بهتر فضای کاوش و حصول به جوابی بهیتر و دقیقتر.
- ۷- بررسی دقیق و کالیبره نمودن اثرات انتخاب عدد مناسب نرخ پیوند (Pc) ، نرخ جهش (Pm) و اندازه جمعیت (Pop-size) در بهینه یابی سازه ها با استفاده از الگوریتم ژنتیک.
- ۸- سعی در ارائه روشهای مناسب فرآیندهای انتخاب و پیوند در جهت بهبود هرچه بیشتر جوابها.

مراجع و مأخذ

- [۱]- مختار زاده، ع. ز ۱۳۷۵. تحلیل بهینه سازه ها بروش های جبری و ترکیباتی نیروها و کاربرد آنها. دانشگاه علم و صنعت ایران. (۲) ۷-۲۷.
- [۲]- کاوه، ع و مختار زاده، ع. ز ۱۳۶۹. کاربرد تئوری گراف در تحلیل موثر سازه ها به روش نیروها. مجله بین المللی مهندسی دانشگاه علم و صنعت ایران، جلد اول، شماره ۲-ب. ۸۹-۱۱۲.
- [۳] کاوه، ع. آذر، ج. (۲) م ۱۳۶۶. تئوری ماتریسی سازه ها. دانشگاه علم و صنعت ایران. انتشارات جهاد دانشگاهی. (۳) ۵۵-۱۴۶ (۴) ۱۴۸-۱۹۵ (۵) ۱۹۵-۲۲۰.
- [۴] دفتر تدوین و ترویج مقررات ملی ساختمان. (۹) ۱۳۸۰. مقررات ملی ساختمان ایران- مبحث دهم: طرح و اجرای ساختمانهای فولادی.
- [۵] میرقادری، ر. (۱) ت ۱۳۶۷. آیین نامه سازه های فولادی AISC. انتشارات جهاد دانشگاهی دانشگاه صنعتی اصفهان.
- [۶] طاحونی، ش. ب ۱۳۷۷. طراحی سازه های فولادی (بر مبنای آیین نامه فولاد ایران). انتشارات علم و ادب. (۱۲) ۵۶۳-۶۲۰.
- [۷] کلات جاری و. ۱۳۷۵. بهینه یابی مقاطع خرپا با استفاده از الگوریتم ژنتیک و روشهای جبری نیروها. دانشگاه علم و صنعت ایران. (۱) ۲-۳۹ (۲) ۳۹-۶۲.

[8] Kaveh, A. 1992. Structural mechanics: Graphs and matrix methods, Second editon, Technical University of vienna, Austria. (1):1-13.

[9] Meek, J.L. Mtrix structural analysis, University of Queensland, 1971.

-
-
- [10] Kaveh, A. 1992. Structural mechanics: Graphs and matrix methods, Second edition, Technical University of vienna, Austria. (6):155-217.
- [11] Rennard ,J-P (May 2000), Genetic algorithm viewer: demonstration of Genetic algorithm
- [12] Sipper,M. 1996 .A Brief Introduction To Genetic Algorithms.University of Leeds.
- [13] Chen , S-Y .D 1997. Using Genetic Algorithms for the optimal design of structural systems.Arizona state university .(10)70-93
- [14] Nanakorn. P. , Meesomklin. K. 2001 . An adaptive penalty function in genetic algorithms for structural design optimization. Computers & Structures 79(2001) 2527-2539.
- [15] M.H. Imam and M.A. Al-Shihri, A primitive crossover for improving the reliability of genetic algorithms for structural optimization, in Computational Engineering Using Metaphors from Nature, Civil-Comp Press, Edit. B.H.V. Topping, 91-97, (2000).
- [16] A. Kaveh, Recent developments in the force method of structural anlysis, Appl. Mech. Review, 45, 401-418, (1992).
- [17] S. Rajeev and C.S. Krishnamoorthy, Discrete optimization of structures using Genetic algorithms, Journal of Structural Engineering, ASCE, 118, 1233-1250,
- [18] J. Sakamoto and J. Oda, A technique of optimal layout design for truss structures using genetic algorithm, Proc. 35th AIAA/ASCE/ASME/AHS SDM Conference, ASCE, New York, 2402-2408, (1993).
- [19] F. Erbatur, O. Hasançebi, I. Tütüncü and H. Kiliç, Optimal design of planar and space structures with Genetic algorithms, Computers and Structures, 75, 209-224, (2000).

-
- [20] S.D. Rajan, Sizing, shape, and topology optimization of trusses using Genetic algorithms, Journal of Structural Engineering, ASCE, 121, 1480-1487, (1995).
- [21] Whitley, D. 2003 . A Genetic algorithm tutorial. Colorado state university, Computer science department.
- [23] Obitko M. 2002. Small introduction to genetic algorithms .Czech technical university.

نرم افزار های مورد استفاده:

- 1- Borland Delphi 7
- 2- ETABS2000 Nonlinear V8.23
- 3- Microsoft Excel 2003
- 4- Microsoft Access 2003
- 5- Adobe Photoshop 6
- 6- K1-V4.01

ABSTRACT

Sizing, topology and geometry optimization of structures have been considered by structural engineers. The necessity for obtaining the suitable results and reducing the several cost of numerical operations and time of optimization process has lead to introducing methods for this purpose. Genetic algorithm is a well-known method of optimization. In this thesis it is attempted to model a plane frame by making use of the graph theory as well as the combinatorial force method for analysis, to reduce the operation time of numerical calculations. In this research , a few suggestions have been made to improve the performance and results of the genetic algorithm. Furthermore employing the genetic algorithm with combinatorial force methods leads to a faster optimization process and less time consuming.

KEYWORDS:

Graph theory – Planar frames – Combinatorial force method – Optimization - Genetic algorithm