

劣性遺伝子の遺伝子補修戦略を用いた遺伝的アルゴリズムによる 複合材料積層板最適化*

轟 章¹, R.T.Haftka²

Optimization of Composite Laminate by using Genetic Algorithm with Recessive Gene Like Repair Strategy

Akira Todoroki, R.T.Haftka

A genetic algorithm is used to obtain the stacking sequence of the laminate that has the set of lamination parameters that are the closest to a set of target lamination parameters. In addition, the laminate is required to be balanced and to have no more than 4 contiguous plies of the same orientation in order to satisfy practical considerations. This problem is a constrained combinatorial optimization problem which is usually difficult to solve. The difficulty of enforcing constraints in genetic optimization is handled by introducing a new repair strategy. The new repair strategy does not alter genes but only changes decoding rules, and is similar in this respect to the way recessive genes operate in biology. The relationship between the reliability of the genetic algorithm and the probability of repair was investigated, and it is shown that 100 % probability of repair is optimal when the target laminates include 45° plies. Since practical composite laminates usually include 45° plies, it is concluded that the repair strategy discussed herein should always be used with the optimization.

Key Words: Optimum Design, Composites, Laminates, Genetic Algorithm, Repair System

1. 緒言

複合材料積層板は優れた比弾性率，比強度を有するため，航空宇宙機器の構造材料として適用されている．複合材料積層板は繊維を一方向にそろえたプリプレグをさまざまな方位に積層して作成する．このため，積層板の特性を活用するには積層構成の最適化を行う必要がある．積層板の最適化手法として，積層パラメータに着目した図式法が三木，福永らによって示されている⁽¹⁾⁽²⁾．図式解法は設計者が図上で直感的に設計空間を把握できる優れた手法である．しかし，実機の複合材料積層板では積層可能な繊維方位は実験データの入手の容易さや積層板製作時の手間などから，例えば 0° ， 90° ， 45° ， -45° などの限定された繊維方位角度を用いるのが現実である．このため，積層板の積層構成最適化はこれらの限定された繊維配向角の組合わせ最適問題と考える方が実機の設計では現実的である．限定された繊維配向角の組合わせ最適化

問題としては，薄らのランキング法⁽³⁾や著者の一人による分岐限定法⁽⁴⁾があげられる．

これに対して一般的な組合わせ最適化問題には，遺伝的アルゴリズム（以下GAと略記）が有効であることが既に知られている．Re Riche ら⁽⁵⁾や著者らの一人⁽⁶⁾，福永ら⁽⁷⁾，座古ら⁽⁸⁾は積層構成最適化問題にGAを適用している．しかしながら，複合材料積層板の積層構成に対しては，せん断と引張のカップリング除去，曲げとねじりの除去，巨大なマトリックス割れの防止などの理由から，繊維配向角の組合わせに制約が導入されるのが現実問題である．従来はこれらの制約を無視するか，アングルプライをバランスするようにアングルプライをペア（ $\pm 45^{\circ}$ ）で積層したり，ペナルティ乗数を用いてこれらの制約が導入されてきた

GAに組合わせ制約を導入する方法としては，個体の評価関数にペナルティを導入するペナルティ法や，染色体中の遺伝子を強制的に組替えてしまう補修法があげられる．どちらの手法も致死遺伝子を有する染色体を救出する目的を達成している．しかし，ペナルティ法ではペナルティ値を問題ごとに適切に設定する必要がある．補修法は汎用性を有する

*原稿受付

¹ 正員，東京工業大学工学部

(〒152 東京都目黒区大岡山 1-12-1)

² University of Florida, Gainesville, FL32611

が，最適化の過程において好ましい遺伝子の変化を妨げる副作用を有しており，GAの最適化の設計信頼性を低下させてしまうことが既に報告されている⁽⁹⁾。

そこで本研究では，汎用性を有する補修法を改善し，設計信頼性を低下させないで組み合わせ制限を導入する手法として染色体中の組み合わせ制約違反遺伝子を発現させないで，遺伝暗号解釈だけを変更する生物の劣性遺伝子に似た新しい遺伝子補修方法を開発し，その補修の有効性を検討すると共に，正解が既知の簡単な複合材料の積層構成最適化問題に適用し，設計信頼性を計算して新補修手法の有効性を実証した。

2. 最適化問題の対象

本研究の劣性遺伝子的遺伝子補修法の設計信頼性への影響の検討には，目的関数の評価が簡単であり，かつ正解も容易に得られるという理由から，山崎の複合材料構造の2段階最適化手法⁽¹⁰⁾の2段目を対象とした。

山崎の方法⁽¹⁰⁾は，複合材料の最適構造設計問題に対して，第1段目において積層板の剛性を支配する面内，面外の積層パラメータをそれぞれ独立で連続な設計変数とみなして数値計画法によって最適な構造寸法，積層パラメータを求める。そして第2段目に求めた最適積層パラメータを目標として与えられた積層板厚さ（総積層数）で最も近い積層パラメータを与える積層構成を求めることで積層構成最適化を行う。

面内積層パラメータ $V_i (i=1\cdots 4)$ およびその規格化面内積層パラメータ $V_i^* (i=1\cdots 4)$ は次式で定義される。

$$V_1 = \int_{-h/2}^{h/2} \cos 2\theta dz \quad (1)$$

$$V_2 = \int_{-h/2}^{h/2} \cos 4\theta dz \quad (2)$$

$$V_3 = \int_{-h/2}^{h/2} \sin 2\theta dz \quad (3)$$

$$V_4 = \int_{-h/2}^{h/2} \sin 4\theta dz \quad (4)$$

$$V_i^* = V_i / h \quad (5)$$

ここで z は積層板中央からの距離であり， $\theta = \theta(z)$ は z の位置での繊維配向角， h は積層板の全厚さである。

規格化面内積層積層パラメータ V_i^* を用いることで積層板の規格化面内剛性 A_{ij}^* が次式で求められる。

$$\begin{aligned} A_{11}^* &= U_1 + U_2 V_1^* + U_3 V_2^* \\ A_{12}^* &= U_4 - U_3 V_2^* \\ A_{22}^* &= U_1 - U_2 V_1^* + U_3 V_2^* \\ A_{66}^* &= U_5 - U_3 V_2^* \\ A_{16}^* &= U_2 V_3^*/2 + U_3 V_4^* \\ A_{26}^* &= U_2 V_3^*/2 - U_3 V_4^* \end{aligned} \quad (6)$$

$$A_{ij} = h A_{ij}^*$$

ここで， $U_i (i=1\cdots 5)$ は材料定数で次式で表示される。

$$\begin{aligned} U_1 &= \frac{1}{8}(3Q_{11} + 3Q_{22} + 2Q_{12} + 4Q_{66}) \\ U_2 &= \frac{1}{2}(Q_{11} - Q_{22}) \\ U_3 &= \frac{1}{8}(Q_{12} + Q_{22} - 2Q_{12} - 4Q_{66}) \\ U_4 &= \frac{1}{8}(Q_{11} + Q_{22} + 6Q_{12} - 4Q_{66}) \\ U_5 &= \frac{1}{8}(Q_{11} + Q_{22} - 2Q_{12} + 4Q_{66}) \end{aligned} \quad (7)$$

ここで， Q_{ij} は以下で定義される。

$$\begin{aligned} Q_{11} &= \frac{E_1}{1 - \nu_{12}\nu_{21}} \\ Q_{12} &= \frac{\nu_{12}E_2}{1 - \nu_{12}\nu_{21}} = \frac{\nu_{21}E_2}{1 - \nu_{12}\nu_{21}} \\ Q_{22} &= \frac{E_2}{1 - \nu_{12}\nu_{21}} \\ Q_{66} &= G_{12} \end{aligned} \quad (8)$$

また，面外積層パラメータ $W_i (i=1\cdots 4)$ とその規格化面外積層パラメータ $W_i^* (i=1\cdots 4)$ は次式で表される。

$$W_1 = \int_{-h/2}^{h/2} \cos 2\theta z^2 dz \quad (9)$$

$$W_2 = \int_{-h/2}^{h/2} \cos 4\theta z^2 dz \quad (10)$$

$$W_3 = \int_{-h/2}^{h/2} \sin 2\theta z^2 dz \quad (11)$$

$$W_4 = \int_{-h/2}^{h/2} \sin 4\theta z^2 dz \quad (12)$$

$$W_i^* = 12W_i / h^3 \quad (13)$$

面内と同様に，曲げおよびひねりの規格化剛性マトリックス D_{ij}^* はこの面外積層パラメータを用いて次式のように表示される。

$$\begin{aligned} D_{11}^* &= U_1 + U_2 W_1^* + U_3 W_2^* \\ D_{12}^* &= U_4 - U_3 W_2^* \\ D_{22}^* &= U_1 - U_2 W_1^* + U_3 W_2^* \\ D_{66}^* &= U_5 - U_3 W_2^* \\ D_{16}^* &= U_2 W_3^*/2 + U_3 W_4^* \\ D_{26}^* &= U_2 W_3^*/2 - U_3 W_4^* \end{aligned} \quad (14)$$

$$D_{ij} = (h^3/12) D_{ij}^*$$

式(6)および(14)より，材料物性値が既知であれば規格化積層パラメータから積層板の規格化弾性係数が決定できることがわかる．以下，規格化積層パラメータ，規格化弾性係数を，特に問題ない限り単に積層パラメータ，弾性係数と呼ぶ．

本研究の目的は組合わせ制約をGAに導入する劣性遺伝子的遺伝子補修戦略の適用であり，山崎の方法の有効性に関しては論じない．本研究では，単に評価関数が簡単であることから，この2段階目の問題だけを取り上げた．本研究で取り上げた最適化問題を要約すると，総積層数が与えられた条件で目標となる積層パラメータが与えられ，最も目標に近い積層パラメータを有する積層構成の組合わせを探索することである．

各個体（積層板）の適応度 f を評価する目的関数としては，目標積層パラメータからの差異を最小にするように設定した．目的関数を次式に示す．

$$f = \frac{1}{0.01 + \sum_{i=1}^2 (|V_i^* - V_i^{*0}| + |W_i^* - W_i^{*0}|) + \alpha + \beta} \quad (15)$$

ここで， V_i^{*0}, W_i^{*0} は目標積層パラメータであり， V_i^*, W_i^* は染色体遺伝子が発現した結果の積層板の積層パラメータである．また， α, β はペナルティである． α はアングルプライがバランスしていない場合のペナルティであり， $\alpha = 0.05$ が適用される． β は後述する曲げ - ひねりカップリングを抑制するペナルティである．遺伝子補修戦略は確率に基づき適用されるので，ここではバランスしていない場合にペナルティ α を適用した．また，分母の定数 0.01 は目標到達時に分母がゼロになるのを防ぐ目的で導入されたものである．

積層パラメータは面内 V ，面外 W とともに4種類ずつある（式(1)～(4)，(9)～(12)参照）．アングルプライをバランスさせること，および $0^\circ, \pm 45^\circ, 90^\circ$ の繊維配向角だけを用いることによって， V_3^*, V_4^*, W_4^* は自動的にゼロになる．ただし， W_3^* は一般にゼロではない．このため，式(14)から明らかのように，「曲げ」と「ひねり」のカップリング弾性係数 D_{16}^*, D_{26}^* が生じる．このカップリングは $D_{11}^*, D_{22}^*, D_{12}^*$ などの曲げ弾性弾性係数と比較して十分に小さい場

合には現実には問題とならない．具体的には曲げ弾性係数の異方性の程度を表現する無次元化パラメータとして次式の γ, δ が用いられる．

$$\gamma = \frac{D_{16}^*}{(D_{11}^{*3} D_{22}^*)^{1/4}}, \quad \delta = \frac{D_{26}^*}{(D_{11}^{*3} D_{22}^*)^{1/4}} \quad (16)$$

アスペクト比が1程度の矩形積層平板の座屈問題では，上式の γ, δ の値が0.2以下であれば曲げ - ひねりカップリングの影響は無視できるとされている⁽¹¹⁾． γ, δ の一般的な問題の上限はないが，本研究では一例として上限値を0.2に設定した．

実際の評価においては， W_1^*, W_2^* から D_{11}^*, D_{22}^* を式(14)から計算し， γ, δ の上限値（ここでは0.2）から D_{16}^*, D_{26}^* の上限を計算して，式(15)，(16)から W_3^* の上限 W_3^{*0} を計算する．ペナルティ β の計算は以下の手順で実施される．

$$\beta = \begin{cases} |W_3^* - W_3^{*0}| & W_3^* \geq W_3^{*0} \\ 0 & W_3^* < W_3^{*0} \end{cases} \quad (17)$$

3．遺伝子補修戦略のGAへのインプリメント

3.1 GAのインプリメント

積層板の積層構成は染色体の遺伝子配置で表現される．本研究では対称積層板だけを扱うため，取り扱う染色体の遺伝子座の総数（染色体長さ）は積層数の半分に対応する．各遺伝子の値は基本的（積層構成の制約違反がない場合）には対称積層板の繊維配向角に対応している．本研究では，可能な繊維方位として $0^\circ, 90^\circ, 45^\circ, -45^\circ$ の4種類だけを想定した．遺伝子は3進数で表され，基本的（制約違反がない場合）には遺伝子の“0”が 0° 層，“1”が 45° 層，“2”が 90° 層に対応している．ただし，最外層から数えて偶数番めに現れる遺伝子“1”は -45° 層に対応している．遺伝子は3進数の大きい桁の数字が積層板の外側に対応する．これは，染色体の3進数を10進数に変換して一列に表示した場合，10進数で表示される個体（積層板）の隣接個体（積層板）は内側層だけが異なる類似積層パラメータの個体（積層板）となるように考慮したためである．例えば5桁の3進数(10120)は積層構成[45/0/-45/90/0]_sに対応する．

本研究で用いたGAの流れ図を図1に示す。染色体の遺伝子は積層構成に解読され、積層構成から積層パラメータ V_i^*, W_i^* が計算される。計算された積層パラメータと目標積層パラメータ V_i^{*0}, W_i^{*0} から式(15)を用いて各積層板の目的関数 f が計算され、この f がその個体の適応度 f となる。計算された適応度から、交叉のための個体選択用のルーレットが作成される。各個体がルーレット上に有する面積の割合 S_i は適応度の総和 F と各個体の適応度の比で決定した。

$$F = \sum_{i=1}^N f_i \quad (18)$$

$$S_i = f_i / F \quad (19)$$

ここで、 N は集団中の総個体数である。

2つの個体がルーレット戦略によって選択され、交叉確率に基づいて染色体の中央で交叉を行なった。交叉を実施した場合には、その第一子だけを次世代に作成した。確率に基づいて交叉をしない場合には第一親と同じ遺伝子情報の子を次世代に作成した。ただし、世代中で最高の適応度の個体は必ず次世代に残留するようにエリート保存戦略を用いた。

作成した新世代の個体に突然変異を確率的に発生させた。突然変異は染色体に対して突然変異確率を定義し、染色対中の突然変異遺伝子数を制御した。つまり、個体に対して突然変異確率に基づき、突然変異の実施が決定されると、設定してある突然変異遺伝子数だけその個体の染色体から遺伝子が選択され、突然変異が実施される。例えば染色体長さが8の場合、80%の突然変異確率で突然変異遺伝子数が2の場合、それぞれの遺伝子の突然変異する確率は18.75%である。このようにすることで、高い確率で小さい変動を発生させた。

突然変異を全ての個体で突然変異確率に基づいて実施すると新世代の集団が完成する。この作業を指定世代数に達するまで繰り返す。

Table 1 GA parameters used in the present study

| Parameters | Values |
|--|--------|
| Population size | 10 |
| Generation upper limit | 50 |
| Probability of crossover (Pc) | 0.8 |
| Probability of mutation (Pm) | 0.8 |
| Number of mutated genes (per one chromosome) | 2 |

本研究で用いたそれぞれのGAパラメータを表1に示す。GAの基本的なパラメータについての詳細は文献[12]を参照されたい。

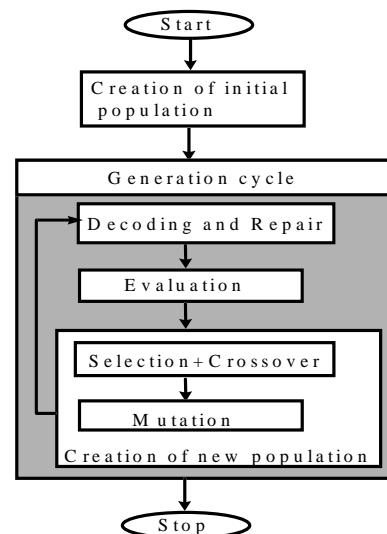


Fig.1 Flow chart of the GA

本研究で作成した全てのプログラムはオブジェクト指向言語C++上でそれぞれオブジェクトにパッケージ化されており、汎用性が高いプログラムとなっている。クラスの所有関係を図2に示す。複合材料積層板クラス群はGAとは完全に独立しており、GAはクラスModelを通じて個体の評価値を受け取る仕組みになっている。このため、このGAで新たな最適化問題を解く場合にはクラスModelのサブクラスに新たなクラスを記述するだけで可能である。オブジェクト指向の詳細は文献[13]を参照されたい。

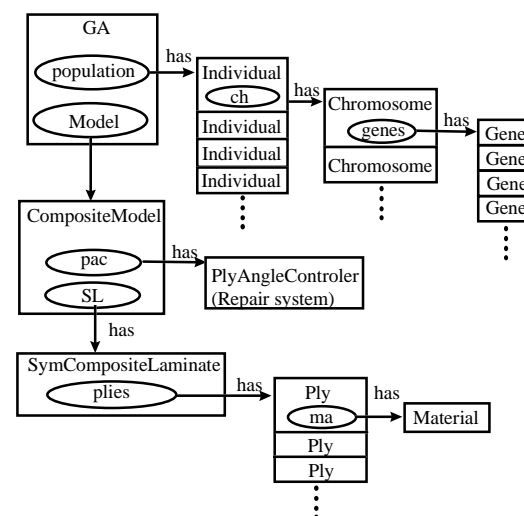


Fig.2 Relations of objects for the GA

3.2 遺伝子補修戦略

本研究で採用した遺伝子補修戦略は染色体の遺伝子を直接操作せず、遺伝子発現の過程で積層構成ルールに違反する場合だけ遺伝子発現法則を変更することで致死染色体をなくす方法である。先に述べたように4層ルール

と45°層バランスルールの2つのルールを以下のアルゴリズムでインプリメントした。

(1) 4層を超えた連続層の禁止(4層ルール)

この4層ルールは、大規模マトリックス割れを防止するためのルールである。本研究では、染色体の遺伝子情報を発現させる際、染色体の左側(3進数で大きい桁側)が積層板外側に対応し、この外側遺伝子から順番に発現し、暗号解読される。暗号解読の際、4層ルールに違反する場合には自動的に対応する数字をずらして解釈する。

例として、3進数で表される染色体(222220)の遺伝子暗号を積層構成変換する。外側(左側)から4番目の遺伝子座まで変換すると、変換途中の積層構成は[90/90/90/90/*]*sとなり(*は未変換層を意味する)、次の“2”は5層目の90°層となるため、4層ルールに違反する。そこで、遺伝子暗号変換の対応を1つずらす。“2”は90°層に本来対応するが、対応が1つずれると0°層に対応する。この手順により、5番目の遺伝子座までの積層構成は[90/90/90/90/0/*]*sとなる。6番目の遺伝子座の“2”は4層ルールに違反していないので、そのまま90°層に変換され、最終的に積層構成は[90/90/90/90/0/90]*sとなる。

最内側層は対象積層を考慮して、2層以上連続できない。この場合、最も内側の層の遺伝子の値を繊維配向角の対応を1つずらす。例えば、4桁の3進数で表される染色体(0222)は遺伝子座3まではそのまま変換され、変換途中の積層構成は[0/90/90/*]*sとなる。4番目の遺伝子座は外側からの同一層の連続性だけを考慮していると4層ルールに違反していないが、対称積層板であるため、2を90°層に変換すると積層板全体では中央に90°層が6層連続してしまう。そこで、最も内側層の4番目の遺伝子座だけ対応関係を1つずらし、“2”を0°層に対応させて、最終的な積層構成は[0/90/90/0]*sとなる。

対応関係をずらした場合に4層ルールに違反する場合には、さらに1つ対応をずらす。この4層ルールに関する補修戦略は頻繁には発生しないため、本研究では100%の確率で適用した。

(2) 45°層のバランスルール

外側から奇数番目の1が45°に対応し、偶数番目の1が-45°に対応している。このため、染色体中に“1”が偶数個存在すれば45°層は自動的にバランスされている。例えば、3進数の(1111)は積層構成で[45/-45/45/-45]*sとなる。つまり45°層がバランスされていない場合、45°層が一つだけ過剰であるだけである。そこで、過剰な45°を0°層か90°層に置換する plus45 手続きと、0°層か90°層を-45°層に置換する minus45 手続きの2種を作成した。2種作成したのは、1が1つしかない個体では plus45 だけで置換した場合、45°層が容易に消滅すること、また4層ルールなどに違反してしまう場合が有り得るためである。

まず、4層ルールだけを考慮した遺伝暗号の解読を実施し、初期状態の積層構成を作成する。例えば、3進数(210000011)は4層ルール適用補修後(45°層バランス補修前)の積層構成で[90/45/0/0/0/0/90/-45/45]*sに遺伝子暗号が変換される。この45°層バランスルールは頻繁に適用されるため、本研究では適用確率 P_r を用いて確率的に適用できるように設定した。したがって、ここで、0~1までの実数乱数を発生させ、乱数が P_r 以上であれば45°層補修は実施せずにこのままの積層構成となる。このために、式(15)において45°層アンバランスのペナルティが目的関数に適用されている。

45°層バランス補修が適用される場合、まず plus45 補修が適用される。補修前の遺伝子暗号を変換し、4層ルールを適用した後の積層構成の内側から45°層を探索し、0°層または90°層に置換が可能ならば置換する。たとえば、上述の(210000011)では、最内層の45°層が選択され、90°層に置換した場合の4層ルール違反の有無を確認し、この例では違反していないので、最内層が90°層に置換される。もし、90°層が4層ルールに違反する場合には0°層に置換される。もしも一番内側の45°層がどちらにも置換不可能な場合には、次の内側の45°層が選択される。ただし、45°層が染色体に一つしかない場合には置換すると45°層が消滅してしまうため、

そのまま放置した。これは、一般の積層板構造で 45°層が無い積層構成は極めてまれであるためである。

plus45 補修でほとんどの染色体が置換可能であるが、45°層が一つしかない場合や plus45 で補修できない場合などは minus45 補修が実行される。

minus45 では、90°層か 0°層が-45°層に置換される。まず、最内側の-45°層が選択され、その隣接する（内側優先）90°層か 0°層を-45°に置換する。-45°層の隣接層に適切な層が無い場合には、次に内側の-45°層が選択される。45°層が 1 層だけの場合には、45°層に隣接する（内側優先）層が-45°層に置換される。例えば、3 進数の (1022) は積層構成 [45/-45/90/90]s に補修される。

以上述べた新補修戦略のプログラム上の構造、流れを図 3 に示す。

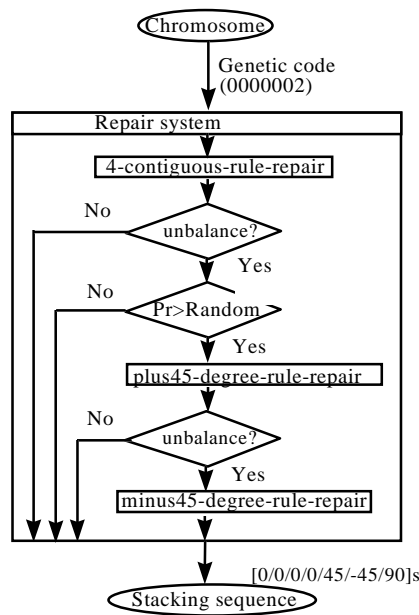


Fig.3 Structure of the new repair system

Fig.4 Reliability and its standard deviation for Case B

4. 補修の結果と考察

4.1 最適化問題の詳細

本研究では例題として遺伝子数 8 (16 層積層) の A, B 2 つの場合を解析した。最適化問題 A では目標積層パラメータが $V_1^*=V_2^*=W_1^*=W_2^*=1$ である。この場合の目標を達成する真の積層構成は $[0_8]s$ であるが、積層構成の制約条件の 4 層ルールから最適積層構成は $[0_4/90/0_2/90]s$ ($V_1^*=0.5, V_2^*=1.0, W_1^*=0.852, W_2^*=1.0$) となる。この問題 A では、アングルプライを含まない。また、目標積層パラメータは 4 層ルールによって実現不可能な値になっている。

最適化問題 B では目標積層パラメータは $V_1^*=0, V_2^*=0.5, W_1^*=0.3398, W_2^*=0.828$ である。問題 B の場合の最適積層構成は $[0/90/0_2/45/90/-45/90]s$ である。問題 B の場合は積層構成から解析した積層パラメータを目標として入力しているため、この積層構成は真の最適解である。A, B の W_3^* は A の場合 0, B の場合 0.058 であり、非常に小さい。

先にも示したように、本研究の GA では、集団の個体数 10, 世代数 50 で計算を打ち切っている。一般に GA は確率論的探索手法であるため、世代数で探索を終了した時やエリートの適応度に数世代の間変化がない時に計算を打ち切る場合でも、打ち切り時に必ずしも正解に達しているとは限らない。本研究の劣性遺伝子的遺伝子補修戦略が信頼性（正解到達可能性）を低下させないものであることを判定するためには統計的に考える必要がある。そこで、本研究では解析を複数回実施し、正解に達した回数から GA の信頼性 R を定義した。M 回の乱数の初期値を変えて再計算を実施し、正解を得た回数 M_c から次式で信頼性が定義される。

$$R_M = M_c / M \quad (20)$$

ここで、 R_M は M 回再計算した時の信頼性である。この R_M の標準偏差 ($\sigma(R_M)$) は次式で与えられる。

$$\sigma(R_M) = \sqrt{\frac{(1-R_M)R_M}{M}} \quad (21)$$

最適化問題 B を用いて、補修確率ゼロで解析回数と R_M の標準偏差 ($\sigma(R_M)$) を求め、標準偏差を小さくするために必要な解析回数を求

めた。結果を図4に示す。図中横軸は解析回数，縦軸はそれぞれの解析回数を3回実施した際の平均信頼性と式(21)で計算される信頼性の標準偏差を示しており，横軸は解析回数を示している。2%の標準偏差を得るには500回の解析が必要である。そこで，500回の解析から式(20)で信頼性を求めた。

4.2 補修の成功の確認

先に述べたように本研究では，各層の繊維方位は染色体中の遺伝子で3進数で表示されている。このため，3進数で表示された8桁の数字は積層数16（遺伝子数8）の積層板に対応する。8桁の3進数の最大値は10進数で6560であり，10進数で0から6560までの整数は3進数に変換すればそれぞれ積層構成に対応している。つまり10進数の0から6560までの全ての整数を積層構成に翻訳することで，遺伝子数8（積層数16）の全ての積層板の積層構成を調査することが可能である。図5，6にA，Bのそれぞれの場合の適応度fの値を解析した結果を示す。横軸は10進数で表示した積層数である。本研究の補修システムは成功率100%成功した。

同様に，遺伝子数4，5の場合でも成功率100%で補修に成功した。積層数が増加（遺

伝子数が増加）すると，補修可能な位置が増加するため，積層数が多い場合にはさらに容易に補修できることが推察される。したがって，本研究で開発した新しい劣性遺伝子的遺伝子補修戦略は成功率100%であると判断できる。

Fig. 5 Entire design space of Case A

Fig. 6 Entire design space of Case B

4.3 補修が信頼性に及ぼす影響

補修が信頼性に及ぼす影響を調査するため，先に述べたように，補修を確率的に実施し，500回の最適化における信頼性を実測した。結果をそれぞれ図7，8に示す。図中，縦軸は式(20)で定義される信頼性（ $M=500$ ），横軸は45°バランスルールの補修適用確率である。図7（問題A）では，補修確率に無関係に信頼性は一定値になっている。これに対して，問題B（図8参照）では，補修確率が増大するに伴い，信頼性が向上している。

遺伝子を直接補修する従来の遺伝子補修戦略の場合，有益な変化を妨害する可能性が指摘されている。例えば，現在の遺伝子（0011）が最適値の遺伝子（0022）に変化する場合を考える。遺伝子の突然変異で左から3番目の遺伝子“1”が“2”に変化し，（0021）に変化したとする。この時，アングルプライを表す“1”は一つであり， balan

Fig. 7 Variation of the reliability for Case A with the probability of repair

Fig. 8. Variation of the reliability for Case B with the probability of repair

スしていない。遺伝子を直接補修する戦略では、アングルプライのバランスのため、左から3番目の“2”を“1”に補修することが考えられる。この場合、積層構成はもとに戻されてしまうため、2番目と4番目の遺伝子座の遺伝子“1”が同時に突然変異しなければ、最適値(0022)に変化できないことがわかる。同時に複数の遺伝子が適切に突然変異する確率は極めて低いため、この遺伝子を直接補修する戦略は信頼性を低下させる場合があることがわかる。

これに対して、劣性遺伝子的遺伝子補修戦略は遺伝子補修は行わないため、(0011)から(0021)に突然変異で変化しても、染色体はそのままである。このため、次の1回の突然変異で正解に到達可能である。

A,B それぞれの最適化問題での正解周辺の適応度だけを拡大して図9, 10に示す。図の縦軸と横軸は図5, 6と同じである。図中、

印は補修しない場合であり、印は劣性遺伝子的遺伝子補修戦略で補修した場合の結果である。図10では、補修を実施すると、正解周辺で正解に対応する染色体数が複数になっている。これは、補修によって複数の8桁の3進数が正解の積層構成に対応するようになったことを意味している。これに対して、問題Aは正解中にアングルプライがないため、正解に対応する8桁の3進数は一つである。これが、問題Aでは補修で信頼性に変化がないのに対して、問題Bでは補修することによって信頼性が向上する原因である。

以上から劣性遺伝子的遺伝子補修戦略は設計信頼性に悪影響を及ぼさず、適用確率100%で適用すべきであると判断できる。

Fig. 9 Design space near the optimum stacking sequence for Case A

Fig. 10 Design space near the optimum stacking sequence for Case B

5. 結言

以上、積層構成の組合わせ最適化問題に積層構成の制約条件を導入する汎用手法として遺伝子補修戦略に注目し、設計信頼性を低下させない方法として劣性遺伝子的遺伝子補修戦略を提案した。得られた結果を要約すると以下のとおりである。

- (1) 新補修戦略の補修成功率は100%である。
- (2) 新補修戦略を用いた場合、設計信頼性の低下は生じない。したがって、本戦略は100%の確率で適用すべきである。

謝辞

本研究の一部は NASA Grant NAG1-1669 の支援を受けた。また、本研究の一部は文部省在外研究の支援を受けて実施された。関係各位に謝意を表す。

参考文献

- (1) M. Miki, ASTM, STP, 864, (1985) 387.
- (2) H. Fukunaga and T.W.Chou, J.Comp.Mater.,22 (1988),1156
- (3) 薄, 機論, A, 55-516, (1989)1892.
- (4) 轟, 笹田, 機論, A, 61-585, (1995)1044.
- (5) R. Le Riche and R.T. Haftka, AIAA J., 31, 5, (1993) 951.
- (6) 轟, 他3名, 機論, A, 61-587, (1995)1453.
- (7) 福永, 関根, 日本航空宇宙学会, 42-485(1994)146.
- (8) 座古, 他2名, 第26回FRPシンポジウム講演論文集, (1997)321.
- (9) D. Orvosh and L. Davis, Proceedings of the fifth International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Publishers, 17-21, (1993) 650.
- (10) K. Yamazaki, AIAA-96-1539-CP, (1996) 1882.
- (11) M.P. Nemeth, AIAA J., 24, 11, (1986) 1831.
- (12) 坂田, 田中著「遺伝的アルゴリズム」, 日本ファジイ学会編, 朝倉書店(1995).
- (13) 三木, 轟, 計算工学, 1, 2 (1996), 21