

ترکیابی در سازه‌های مستوی با الگوریتم ژنتیک

محمد رضایی پزند^{۱*}، سید روح‌الله موسوی^۲

اطلاعات مقاله	چکیده
دریافت مقاله: مهر ۱۳۸۸ پذیرش مقاله: آذر ۱۳۸۸	<p>ترک در سازه، سبب دگرگونی مشخصه‌های ایستایی و حرکتی آن می‌گردد. به سخن دیگر، سختی سازه کاهش و نرمی آن افزایش می‌یابد. شناسایی محل و اندازه ترک در سازه‌ها، وارون فرایند تحلیل می‌باشد. در تحلیل سازه مشخصه‌های سازه در دست است و هدف یافتن پاسخ‌هاست. اما در تخمین خسارت، مشخصه‌های سازه آسیب دیده از روی پاسخ‌های آن به دست می‌آید. بیشتر روش‌های آسیب‌یابی بر پایه کمینه کردن تابع هدفی استوار شده‌اند که تفاوت میان پاسخ‌های واقعی و تحلیلی را نشان می‌دهد. برای آن که محل و اندازه ترک بدرستی تخمین زده شود، باید یک الگوی تحلیلی درست از جزء ترک خورده در دست باشد. در این مقاله، نخست یک جزء سه پهلو با ترک میانی معرفی می‌شود. سپس، راهکاری غیر مخرب برای ترکیابی در سازه‌های مستوی، بر اساس دگرگونی بسامدهای طبیعی آن، پیشنهاد می‌گردد. خاطر نشان می‌نماید، برای بهینه‌یابی تابع خطا، از الگوریتم ژنتیک بهره‌جویی می‌شود و متغیرهای طراحی که همان اندازه ترک‌ها هستند، در دسترس قرار می‌گیرند. برخلاف راهکارهای معمول بهینه‌یابی که از یک نقطه در جهت کاهش شیب پیش می‌روند، الگوریتم ژنتیک جستجو را با چندین نقطه در فضای پاسخ انجام می‌دهد. از این رو، برای بهینه کردن تابع هدف پیچیده و غیرصریح ترکیابی موثرتر است. سرانجام، برای ارزیابی برنامه و بررسی عامل‌های موثر در افزایش دقت فرایند ترکیابی، آزمون‌های عددی انجام خواهد شد. نتایج عددی نشان می‌دهند که چگونگی شبکه‌بندی، تعداد تکرارها، شمار نقاط جستجو، طول ژن، احتمال پیوند و جهش در دقت نتایج موثراند.</p>

واژگان کلیدی:

ترک یابی
الگوریتم ژنتیک
تخمین خسارت
نرمی
سختی
بسامدهای طبیعی
سازه‌های مستوی
بهینه‌سازی
جزء ترک‌دار

۱- مقدمه

خسارت در گذشته و حال حاضر دارد. این راهکار دارای مزیتها و کاستی‌هایی می‌باشد. نارسایی مهم بهره‌جویی از تغییرات بسامدها، حساسیت کم آنهاست. بر این اساس، باید اندازه‌گیری‌ها دقیق و آسیب دیدگی شدید باشد تا تخمین خسارت بدرستی انجام پذیرد. در سال ۲۰۰۲ میلادی، سینها و فریس ول، برای بهبود این شیوه، روش تابع توانی را در ترک‌یابی تیرها به کار گرفتند [۱]. خاطر نشان می‌نماید، مزیت مهم استفاده از این روش آن است

آسیب‌یابی سازه بر اساس دگرگونی بسامدهای طبیعی آن، قدیمی‌ترین و معروفترین روش برآورد خرابی می‌باشد. باید دانست، این ویژگی بیشترین کاربرد را برای تخمین

* پست الکترونیک نویسنده مسئول: mrpajand@yahoo.com

۱. استاد، دانشکده مهندسی، دانشگاه فردوسی مشهد
۲. کارشناس ارشد سازه

در سال ۲۰۰۲ میلادی، کرازوک برای شناسایی ترک های کوچک در یک سازه تیری از تغییر پاسخ های دینامیکی سازه بهره جست. در این شیوه، پاسخ های دینامیکی اندازه گیری شدند و با استفاده از FFT به حوزه بسامدی انتقال یافتند. سپس، مقدارهای اندازه گیری شده با محاسبه شده، برای اندازه و موقعیت های گوناگون ترک، مقایسه گردیدند. همچنین، وی برای بهینه کردن تابع هدف روش های جستجوی تکراری را بر پایه دو راهکار الگوریتم ژنتیک و گرادیان پیشنهاد کرد [۶]. یادآوری می کند، چاو و قابوسی پیش از آن و در سال ۲۰۰۱ میلادی، الگوریتم ژنتیک را برای آسیب یابی خرابها به کار گرفته بودند. آن ها در راهکار خود، از تغییر مکان های ایستا بهره جویی نموده اند. تابع خطا در تحلیل آن ها بر اساس تغییر مکان های اندازه گیری شده درجه های آزادی سازه، در بارگذاری های گوناگون ایستا، به مقدارهای وابسته تحلیلی، استوار شده بود [۷].

در سال ۲۰۰۷ میلادی، گلدفلد دگرگونی سفتی خمشی تیرهای نامعین ایستایی را در هنگام خسارت بررسی کرد. در این پژوهش سفتی خمشی از روی بسامدها و شکل مودهای تجربی تخمین زده می شود [۸]. هیرنڈن و همکاران در سال ۲۰۰۸ میلادی، اثر افزایش طول ترک را در کاهش بسامدها بررسی نمودند [۹]. آنها یک الگوی اجزای محدود برای جزء ترک خورده تیری آفریدند تا تاثیر شدت خسارت را بر روی سختی تیر بررسی کنند. همچنین، آن ها کاهش سختی ناشی از ترک خوردگی را با ضریب کشسان موثر و به صورت تابعی از اندازه ترک رابطه سازی نمودند. در سال ۲۰۰۹ میلادی، شی و همکاران خسارت را با دو راهکار کارمایه کرنشی و نرمی مودال از روی ویژگی های نوسانی سازه تخمین زدند [۱۰]. رن و چن در سال ۲۰۱۰ میلادی، روش تکراری سطح پاسخ را برای به هنگام سازی الگوی اجزای محدود سازه خسارت دیده به کار گرفتند. تابع هدف این روش بر اساس باقیمانده بسامدهای تحلیلی و آزمایشگاهی بنا شده است [۱۱].

که تعیین بسامدهای طبیعی به آسانی و با دقت نسبتا بالایی امکان پذیر می باشد. در واقع، با گذاشتن یک حسگر در سازه، می توان بسامدهای گوناگون آن را اندازه گیری نمود. باید افزود، بسامدهای طبیعی به تمامی گونه های خسارت محلی و کلی حساس می باشند.

از دیگر مشخصه های مهم دینامیکی سازه ها، شکل های مود می باشد که در ارزیابی خرابی مورد استفاده قرار می گیرد. اندازه گیری شکل های مود دشوارتر از سنجش بسامدهای طبیعی است. شکل مود ویژگی یگانه هر سازه می باشد. در عمل، امکان اندازه گیری مودها برای تمامی درجه های آزادی وجود ندارد. بنابراین، یکی از مشکلات دیگر استفاده از مودها این است که چگونه شکلهای مود تجربی و تحلیلی را به هم وابسته سازند. برای رفع این مشکل، پژوهش هایی به وسیله رن و دی روئک در سال ۲۰۰۲ میلادی صورت گرفت [۲].

در سال ۱۹۷۹ میلادی، نخستین پژوهش های وابسته به تخمین خسارت توسط کالیوآدامز صورت گرفت. بر اساس روش پیشنهادی، آنها با تغییرات بسامدهای طبیعی سازه خسارت دیده، به کشف مکان خسارت پرداختند. در این راهکار، نسبت تغییرات بسامد^۱، در دو مود گوناگون سازه، تنها تابع محل آسیب دیده می باشد و به اندازه خسارت بستگی ندارد. بنابراین، با برابر ساختن مقدارهای اندازه گیری و تحلیلی این نسبت، ناحیه خسارت دیده مشخص می شود [۳]. در سال ۱۹۹۲ میلادی، استوبس و همکاران، با اندازه گیری انحنای شکل های مود، به محاسبه کارمایه^۲ کرنشیو تعریف نمایه آسیب دیدگی^۳ پرداختند. این راهکار در سال های پس از آن به وسیله کیمواستوبس بهبود یافت. روش بهبود یافته توانایی آن را دارد که افزون بر کشف محل ترک، اندازه آن را نیز به دست آورد. آن ها در سال ۲۰۰۳ میلادی، درستی این شیوه را، به وسیله شانزده نمونه تیری با موقعیت و اندازه های گوناگون ترک، مورد بررسی قرار دادند [۴]. بر اساس راهکار این تحلیل گران، محل ترک در یک پل سه دهانه با مقیاس واقعی، ارزیابی شد [۵].

ایستایی به هم وابسته‌اند. نیروهای مستقل گرهی F_1 ، F_2 و F_3 ، به صورت شکل (۱) انتخاب می‌گردند [۱۲].

$$\{S\} = [T]\{F\} \quad (1)$$

براساس قضیه کاستیگلیانو، درایه‌های ماتریس نرمی اضافی در هنگام ترک‌خوردگی، به شکل زیر حساب می‌شوند [۱۳]:

$$[c_{ij}]^1 = \frac{\partial^2 u^1}{\partial F_i \partial F_j} \quad (2)$$

در اینجا، F_i و F_j نیروهای مستقل گرهی هستند $(i, j = 1, 2, 3)$. همچنین، u^1 کارمایه کرنشی رهاشده در هنگام ترک‌خوردگی می‌باشد و به صورت زیر حساب می‌شود:

$$u^1 = \frac{1}{E} \int_A \left(\sum_{i=1}^3 k_{I,i}^2 + \sum_{i=1}^3 k_{II,i}^2 \right) dA \quad (3)$$

در این رابطه، k_I و k_{II} ، به ترتیب، ضریب‌های شدت تنش متناظر با حالت I و II ترک‌خوردگی می‌باشند و E ضریب کشسانی مواد می‌باشد. ضریب‌های شدت تنش در جزء دارای ترک میانی از مکانیک شکست قابل دستیابی است. در ادامه درایه‌های ماتریس نرمی اضافی ناشی از ترک‌خوردگی، به درایه‌های ماتریس نرمی پیش از ترک‌خوردگی افزوده می‌شود:

$$[c] = [c]^0 + [c]^1 \quad (4)$$

در رابطه کنونی، $[c]$ ماتریس نرمی کل، $[c]^0$ ماتریس نرمی جزء پیش از ایجاد ترک و $[c]^1$ ماتریس نرمی اضافی در اثر ترک‌خوردگی می‌باشد. با داشتن ماتریس نرمی جزء ترک‌دار در دستگاه مستقل گرهی و به کارگیری ماتریس مبدل نیرویی، ماتریس سختی جزء با رابطه زیر در دسترس قرار می‌گیرد:

$$[K_e] = [T]^T [c]^{-1} [T] \quad (5)$$

در هنگام به وجود آمدن ترک، ماتریس جرم جزء ثابت و درایه‌های ماتریس سختی آن کاهش می‌یابند. به سخن دیگر، بسامدهای طبیعی سازه کم می‌شوند. بسامدهای طبیعی از حل معادله مشخصه زیر به دست می‌آیند:

در تحلیل سازه‌های ترک‌دار با اجزای محدود روش‌های گوناگونی همانند شیوه ترک گسسته^۴، ترک پخش‌شده^۵ و اجزای میان رویه‌ای^۶ وجود دارند. به کارگیری راهکارهای مذکور در ترک‌یابی امکان‌پذیر نمی‌باشد. برای مثال در تحلیل یک سازه ترک‌دار با توجه به مشخص بودن موقعیت ترک اجزای میان رویه‌ای در مسیر ترک‌خوردگی قرار می‌گیرند. اما در ترک‌یابی موقعیت ترک مشخص نیست و نمی‌توان اجزای میان رویه را به کار گرفت. در این مقاله موقعیت و اندازه ترک‌خوردگی در سازه‌های مستوی از روی بسامدهای طبیعی آن به دست می‌آید. فرایند ترک‌یابی از کمینه کردن تابع هدفی به دست می‌آید که تفاوت میان بسامدهای واقعی و تحلیلی سازه است. برای آن که محل و اندازه ترک بدرستی تخمین زده شود، به یک الگوی تحلیلی مناسب از جزء ترک‌خورده برای محاسبه بسامدهای تحلیلی در فرایند بهینه‌سازی نیاز است. نویسندگان با استفاده از مکانیک شکست و روش‌های نرمی یک جزء مثلثی با ترک میانی را برای نخستین بار و به منظور استفاده در آسیب‌یابی سازه‌های مستوی، رابطه‌سازی نموده‌اند. از سوی دیگر، چون تابع هدف غیرصریح و غیرخطی می‌باشد از الگوریتم ژنتیک برای یافتن اندازه و موقعیت ترک‌ها استفاده شده است.

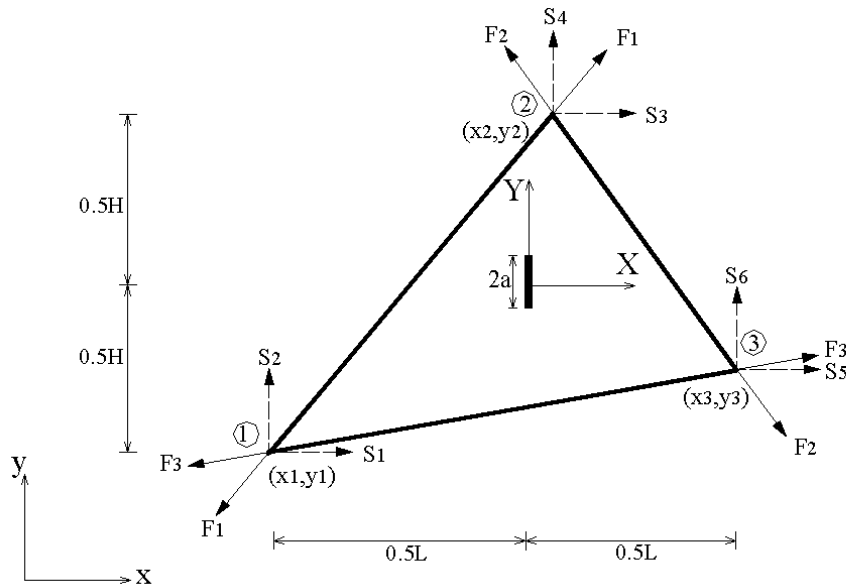
۲- بسامدهای تحلیلی

بر اساس ویژگی درایه‌های ماتریس نرمی جزء‌های ترک‌دار، می‌توان آن‌ها را حساب کرد. سپس، با وارون‌سازی و به کارگیری ماتریس مبدل نیرویی، ماتریس سختی وابسته به دست می‌آید.

ماتریس مبدل نیرویی $[T]$ ، نقش به‌سزایی در تحلیل به روش نرمی دارد. این ماتریس، نیروهای وابسته عضوی را به نیروهای مستقل گرهی پیوند می‌دهد. نیروهای وابسته S_1 تا S_6 می‌باشند. این نیروها به وسیله سه معادله

در اینجا، $[M]$ ماتریس جرم سازه، $[K]$ ماتریس سختی آن و ω_{ai} بسامد تحلیلی سازه در مود i ام می‌باشد.

$$([K] - [M]\omega_{ai}^2) = 0 \quad (6)$$



شکل ۱: جزء سه پهلوی ترکدار

بسامدهای طبیعی، مشخصه‌های بیشتری از سازه را در اختیار می‌گذارد. در سال ۲۰۰۲ میلادی، مسلم و نفس‌پور این تابع هدف را گسترش دادند. بر اساس دیدگاه این تحلیلگران، فقط به کارگیری شکل مود در فرآیند بهینه‌سازی، برای تشخیص خسارت، کافی نمی‌باشد. به سخن دیگر، اگر سختی همه اعضا به یک نسبت افزایش یا کاهش یابد، هیچ تغییری در شکل مودها ایجاد نمی‌شود. برخلاف آن‌ها، بسامدهای طبیعی، به یک نسبت معلوم تغییر می‌کنند. بر این اساس، افزودن جمله‌هایی از تفاوت بین بسامدهای طبیعی تحلیلی و اندازه‌گیری شده، در تابع خطا، مناسب خواهد بود [۱۵]:

$$e = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^n (X_{aij} - X_{mij})^2 + \sum_{j=1}^m \left(1 - \frac{\omega_{aj}}{\omega_{mj}}\right)^2 \quad (8)$$

در رابطه کنونی، ω_j بسامد طبیعی مود j ام است. حساسیت شکل مود به خسارت‌های محلی ناچیز است و به طبیعت سازه نیز بستگی دارد. به عنوان نمونه، در یک خرابای بزرگ و پیچیده، آسیب‌های محلی سبب تغییرهای زیادی در شکل‌های مود می‌گردد. با وجود این،

۳- تابع هدف

بسامدهای طبیعی و شکل مودها از مشخصه‌های دینامیکی مهم سازه‌ها هستند. پژوهشگران از این عامل‌ها برای تشخیص خسارت سازه‌ای استفاده نموده‌اند. بیشتر راهکارها براساس کمینه کردن خطای میان پاسخ‌های تحلیلی و واقعی استوار شده‌اند. تابع هدف (e) پیشنهادی توسط هاجلا برای آسیب‌یابی خراباها، به صورت زیر در دسترس قرار می‌گیرد [۱۴]:

$$e = \sum_{j=1}^m \sum_{i=1}^n (X_{aij} - X_{mij})^2 \quad (7)$$

در اینجا، n شمار درجه‌های آزادی و m تعداد مودهای اندازه‌گیری شده برای تشخیص خسارت سازه‌ای می‌باشد. X_{ij} شکل حالت وابسته درجه آزادی i در مود j ام است. زیرنویس‌های a و m ، به ترتیب، شکل مود تحلیلی و اندازه‌گیری شده را نشان می‌دهند. در آسیب‌یابی بر اساس مشخصه‌های دینامیکی، استفاده از شکل مود، مناسب‌تر از بسامدهای طبیعی می‌باشد. زیرا شکل مود نسبت به

شامل متغیرهای طراحی در فضای جستجو را نشان می‌دهد. هر متغیر طراحی از چند حرف (بیت) تشکیل می‌شود که آن را ژن می‌نامند. برای مثال، اگر مسأله بهینه‌سازی با چهار متغیر طراحی و هر متغیر با هفت بیت مشخص شود، هر کروموزوم ۲۸ بیت خواهد داشت. در این مقاله تعداد متغیرهای طراحی که همان اندازه ترک‌ها می‌باشد با شمار اجزای سازه شبکه‌بندی شده برابر است. طول ترک یک متغیر پیوسته است و برای بهینه‌سازی با الگوریتم ژنتیک، باید این متغیر به چندین متغیر گسسته در بین کران بالا و پایین خود تقسیم گردد. بنابراین، هر چه طول ژن بزرگ‌تر باشد دامنه تغییرات ترک به قطعه‌های ریزتری تقسیم می‌شود و نتایج دقیق‌تری برای تخمین طول ترک قابل دستیابی خواهد بود.

روش‌های ارثی فرایند جستجو را از چندین نقطه در فضای پاسخ آغاز می‌کنند، که هر کدام از این نقطه‌ها یک طرح نخستین و یا یک کروموزوم می‌باشند. نخست، برنامه رایانه‌ای شماری از این کروموزوم‌ها را ایجاد می‌کند که جمعیت آغازین نام دارند. این آفرینش می‌تواند به صورت کاملاً تصادفی و یا با اعمال نظر کاربر صورت پذیرد. پس از ایجاد جمعیت نخستین، الگوریتم ژنتیک به بررسی این کروموزوم‌ها می‌پردازد. در ادامه، متناسب با برازندگی، مقادری را به آن‌ها نسبت می‌دهد. هر چه طرح با شرط‌های مسأله سازگارتر باشد، برازنده‌تر است و مقدار عددی بیشتری را به خود منسوب خواهد کرد. پس از بررسی برازندگی تمام افراد جامعه، برنامه افراد بهتر را برای ایجاد نسل آینده انتخاب می‌کند و افراد ضعیف را حذف می‌نماید. سپس، افراد انتخاب شده برای زایش نسل بعدی، زیر عملگرهای تصادفی پیوند و جهش قرار می‌گیرند. براین اساس، نسلی نو ایجاد می‌گردد که به طور معمول دارای برازندگی بیشتری نسبت به نسل پیش خود (والدین) می‌باشد. در ادامه، فرزندان جانشین والدین خود می‌گردند و این چرخه تا برآورده شدن معیارهای توقف حلقه، ادامه خواهد یافت. برازنده‌ترین فرد آخرین نسل،

در یک تیر ترک خورده، این دگرگونی بسیار ناچیز و غیرقابل اندازه‌گیری می‌باشد. از سوی دیگر، سنجش شکل‌های مود، به حسگرهای فراوانی نیاز دارد که افزایش آن‌ها، خطاهای اندازه‌گیری را بالا می‌برد. در پاره‌ای از موردها، راهکارهای تشخیص خسارت بر اساس دگرگونی مودها، به سبب اندازه‌گیری‌های دشوار در سازه‌های واقعی، که شمار درجه‌های آزادی زیاد دارند، رد می‌شود.

پژوهشگران برای الگوسازی ترک از روش‌های نرمی بهره جسته‌اند. خاطر نشان می‌نمایند، بسامدهای پایین سازه به تغییرات نرمی حساس‌تراند. از سوی دیگر، تعیین بسامدهای طبیعی سازه به آسانی و با دقت بالا امکان‌پذیر می‌باشد. همچنین، بر اساس طبیعت سازه، دگرگونی مودها در هنگام ترک ناچیز است. بر این اساس، نویسندگان برای آسیب‌یابی ترک در سازه‌های مستوی، تابع خطای زیر را پیشنهاد می‌کنند:

$$e = \sum_{j=1}^m \left(1 - \frac{\omega_{aj}}{\omega_{mj}}\right)^2 \quad (9)$$

۴- روش بهینه‌سازی

برای بهینه‌سازی تابع هدف فن‌های بسیاری مانند روش‌های عددی، شمارشی و تصادفی وجود دارند. به طور معمول، راهکارهای محاسباتی به صورت پدیدن از روی تابع هدف و حرکت در راستای کاهش شیب کار می‌کنند. این روش‌ها به مشتق‌های تابع هدف نیاز دارند. از سوی دیگر، بهتر است تابع هدف به صورت صریح یا عامل دار باشد. برای بهینه‌سازی تابع هدف پیشنهادی، با عنایت به پیچیده بودن فضای جستجو، از راهکار تصادفی الگوریتم ژنتیک برای حل این مسأله نامقید بهینه‌سازی استفاده خواهد شد.

در الگوریتم ژنتیک متغیرهای طراحی به وسیله رشته‌هایی با طول ثابت یا متغیر، رمزگذاری می‌شوند که این رشته‌ها را کروموزوم یا فرد می‌نامند. هر رشته، یک نقطه پاسخ

عددی یکم، مسأله را برای عامل های متفاوت، حل و نتیجهها را بررسی کردند. خاطر نشان می‌نماید، پژوهشگران روش‌های گوناگونی را برای تعیین عامل های کنترلی پیشنهاد نموده‌اند. براساس شماری از تحلیل ها، عامل احتمال جهش به صورت زیر در دسترس قرار می‌گیرد [۱۶]:

$$P_m \approx \frac{1.75}{N_{pop} \cdot \sqrt{Lc}} \quad (10)$$

در رابطه کنونی، N_{pop} اندازه جمعیت و Lc طول رشته می‌باشد. عملگر جهش با احتمال بسیار کوچک P_m در حدود $0/001$ تا $0/003$ ، بر روی بیت ها کار می‌کند. بر این اساس، اگر مقدار بیت برابر یک باشد، به صفر تبدیل می‌شود و یا برعکس کار می‌کند. شکل ۳ چگونگی عمل جهش را نشان می‌دهد.

عملگر پیوند با احتمالی برابر P_c رخ می‌دهد. برای هر جفت، عددی تصادفی بین صفر و یک ایجاد می‌شود، اگر این عدد کوچکتر از P_c باشد، پیوند بین دو فرد صورت می‌پذیرد. در غیر این صورت، والدین بدون تغییر به نسل پس از خود راه می‌یابند. شکل ۴ عمل پیوند یک نقطه‌ای بر روی یک جفت کروموزوم را نشان می‌دهد.

پس از محاسبه تابع برازندگی، این مقدار با بهره‌جویی از رابطه زیر اصلاح می‌گردد [۱۷]:

$$F_s = \frac{(N_{allow} - 1)F_{avg}}{F_{max} - F_{avg}} F + \frac{(F_{max} - N_{allow}F_{avg})F_{avg}}{F_{max} - F_{avg}} \quad (11)$$

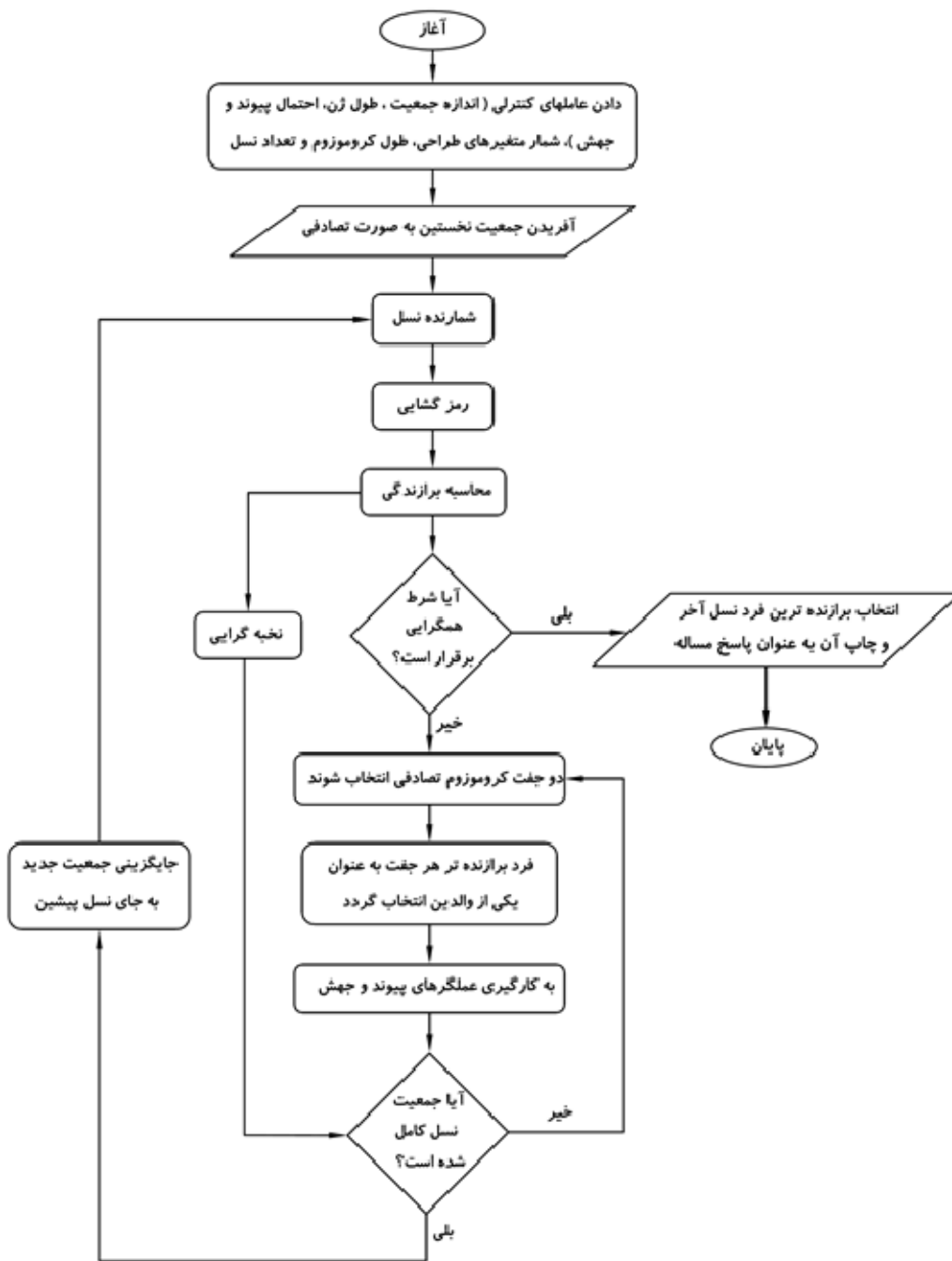
در این رابطه، F_s و F ، به ترتیب، مقدار تابع برازندگی پس از تغییر مقیاس و پیش از آن می‌باشند. شمار نماینده بهترین فرد به N_{allow} محدود می‌شود، تا همگرایی به پاسخ نامناسب رخ ندهد. عامل های F_{max} و F_{avg} ، به ترتیب، میانگین و بیشینه برازندگی پیش از مقیاس‌بندی می‌باشند.

پاسخ مسأله خواهد بود. نمودار جریان فرایند بهینه‌سازی در شکل ۲ به نمایش در می‌آید.

برای نوشتن برنامه آسیب‌یابی ترک، نویسندگان از نرم‌افزار مطلب استفاده کرده‌اند. در الگوریتم ژنتیک ساده، هر نسل به طور کامل، جانشین نسل پیشین می‌شود و فردی از یک نسل به نسل پس از خود انتقال نمی‌یابد. اما در این برنامه از الگوریتم ژنتیک نخبه‌گرا استفاده می‌شود و دو فرد از آنهایی که دارای بیشترین برازندگی هستند، بدون دگرگونی، به نسل بعدی منتقل خواهند شد. نخست، نویسندگان انتخاب چرخ‌گردان^۷ را برای این مسأله به کار بردند، ولی در ادامه با مشکل حساسیت کم مقدارهای برازندگی روبه‌رو شدند. سپس، انتخاب مسابقه‌ای^۸ به کار رفت. در روش انتخاب مسابقه‌ای، برخلاف راهکار چرخ‌گردان، مقیاس نسبی شایستگی، اهمیت ندارد. در این شیوه، فقط رابطه بین مقدارها (بزرگی و یا کوچکی) مهم می‌باشد. خاطر نشان می‌نماید، در انتخاب چرخ‌گردان، چون مقدارهای برازندگی بر مجموع برازندگی‌ها بخش می‌شوند، تفاوت بین برازندگی‌های نو ناچیز می‌گردد و حساسیت آنها نسبت به هم کاهش می‌یابد.

اندازه جمعیت، احتمال پیوند^۹ و جهش^{۱۰}، عامل های کنترلی الگوریتم ژنتیک هستند. این عامل ها می‌توانند به بهترین شکل با هم ترکیب شوند و در سرعت همگرایی تأثیرگذار باشند. می‌توان با زیاد کردن احتمال پیوند، ترکیب بلوک های سازنده را افزایش داد. با این حال، گسیختن بلوک های سازنده نیز محتمل تر می‌گردد. افزایش احتمال جهش، احتمال از بین بردن بلوک های سازنده را زیاد می‌کند. جمعیت زیاد نیز سبب افزایش گوناگونی و کاهش احتمال همگرایی زودرس می‌گردد. از سویی دیگر، زمان همگرایی فرآیند را زیاد می‌کند.

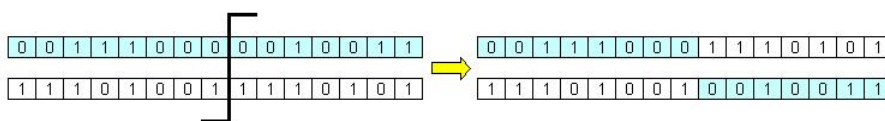
تعیین عامل های کنترلی پیش از سنجش تابع هدف، کاردرستی نخواهد بود. بر این اساس، نویسندگان در نمونه



شکل ۲: فراروش بهینه‌سازی تابع خطا



شکل ۳: عملگر جهش



شکل ۴: پیوند یک نقطه‌ای

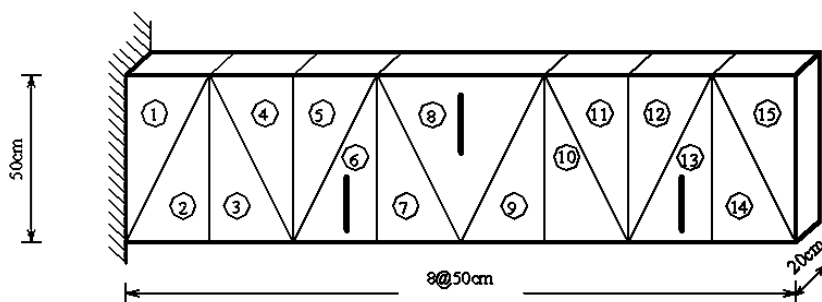
۵- نمونه‌های عددی

تعداد نسل‌ها و اندازه جمعیت، به ترتیب، شمار تکرارهای فرایند جستجو و تعداد نقاط جستجو را در فضای پاسخ نشان می‌دهند. نتایج آزمون‌های (۱۲) و (۱۳) در جدول (۲) نشان می‌دهند که با افزایش شمار نسل‌ها، پاسخ‌های دقیق‌تری از اندازه و موقعیت ترک‌ها به دست می‌آید. باید دانست که موقعیت ترک‌ها از روی موقعیت جزء ترک خورده قابل دستیابی است و در جزء‌های سالم طول ترک صفر می‌باشد. بنابراین، هر چه شبکه‌بندی ریزتر باشد موقعیت ترک دقیق‌تر پیدا خواهد شد.

نتایج آزمون (۲) با احتمال پیوند یک بهتر از نتایج آزمون (۴) با احتمال پیوند $0/7$ بوده است. این به خاطر استفاده از الگوریتم ژنتیک نخبه‌گرا می‌باشد. در این برنامه به علت انتقال افراد برازنده‌تر به نسل بعد، حتی اگر عمل پیوند روی تمام افراد جامعه صورت گیرد احتمال حذف بلوک‌های سازنده وجود نخواهد داشت. همچنین، از مقایسه نتایج آزمون‌های گوناگون نتیجه می‌شود که انتخاب مسابقه‌ای نتایج بهتری نسبت به انتخاب چرخ گردان در دسترس قرار می‌دهد. نتایج آزمون‌های (۷) و (۱۰) نشان می‌دهند که افزایش اندازه جمعیت و طول ژن به خاطر افزایش شمار نقاط جستجو و ریزتر شدن گسسته‌سازی متغیرهای طراحی در آزمون (۱۰) پاسخ‌های دقیق‌تری داشته است.

آسیب‌یابی سازه‌های مستوی برای نخستین بار توسط نویسندگان انجام شده است. بنابراین، مثال‌های عددی از مرجعی انتخاب نشده‌اند. در این مثال‌ها، نخست با دانستن موقعیت و طول ترک مساله تحلیل شده است و بسامد طبیعی آن به عنوان پاسخ آزمایشگاهی انتخاب می‌شود. سپس، با قراردادن این پاسخ‌ها در فرایند بهینه‌سازی موقعیت و طول ترک تعیین می‌شود. در کارهای عملی می‌توان با استفاده از منحنی‌های پاسخ بسامدی (FRF) به دست آمده از آزمایش مودال، بسامدهای آزمایشگاهی را پیدا نمود و با به کارگیری آنها در این برنامه، محدوده نامعلوم ترک‌خوردگی را پیدا کرد.

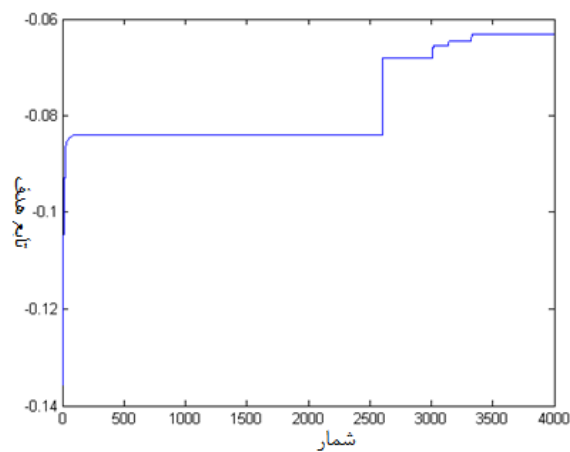
مثال ۱: شکل ۵، تیر طره‌ای به طول ۴ متر، ارتفاع $0/5$ متر و ضخامت $0/2$ متر، را نشان می‌دهد. در این مساله، ضریب کشسانی 210000 نیوتن بر متر مربع، نسبت پواسون $0/3$ و چگالی 98100 نیوتن بر متر مکعب می‌باشد. مشخصه‌های آزمون‌های انجام شده برای ترک‌یابی، در جدول (۱) درج شده‌اند. بر اساس مشخصه‌های کنونی، این مثال آسیب‌یابی می‌گردد. اندازه واقعی ترک‌ها و نتیجه‌های تحلیل، در جدول (۲) درج شده‌اند. همچنین، نمودارهای ۶ و ۷ چگونگی همگرایی مساله، در آزمون‌های گوناگون را در دسترس قرار می‌دهند.



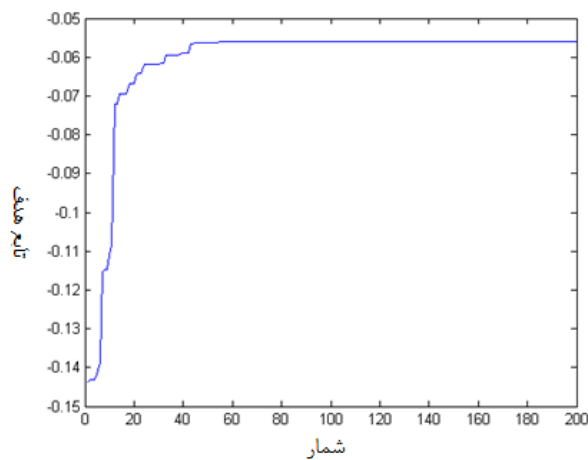
شکل ۵: شبکه‌بندی تیر طره‌ای

جدول ۱: مشخصه‌های آزمون‌ها

شماره آزمون	تعداد نسله‌ها	نوع انتخاب	احتمال پیوند	احتمال جهش	اندازه جمعیت	طول ژن	مقیاس بندی برازندگیها
۱	۱۵۰۰	چرخ گردان	۱	۰/۰۱	۱۵	۴	-
۲	۱۵۰۰	چرخ گردان	۱	۰/۰۱۵	۱۵	۴	-
۳	۲۵۰۰	چرخ گردان	۱	۰/۰۱	۱۵	۵	-
۴	۱۵۰۰	چرخ گردان	۰/۷	۰/۰۱۵	۱۵	۴	-
۵	۱۵۰۰	چرخ گردان	۰/۷	۰/۰۳	۱۵	۴	-
۶	۱۵۰۰	چرخ گردان	۰/۷	۰/۰۳	۱۵	۵	-
۷	۱۵۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۳۰	۵	-
۸	۱۵۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۳۰	۵	خطی
۹	۳۰۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۳۰	۵	-
۱۰	۱۵۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۴۰	۶	-
۱۱	۱۵۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۴۰	۶	خطی
۱۲	۴۰۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۴۰	۱۰	-
۱۳	۵۰۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۴۰	۱۰	-
۱۴	۲۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۴۰	۵	خطی



شکل ۶: تاریخچه آزمون (۱۲)

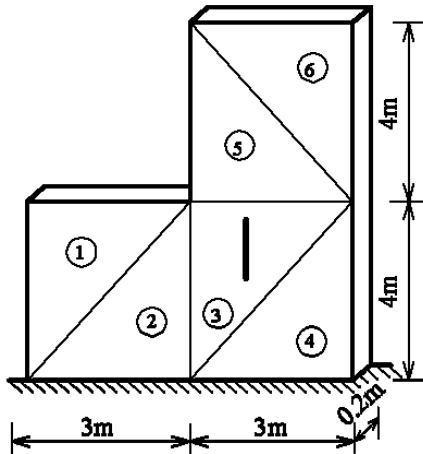


شکل ۷: تاریخچه آزمون (۱۴)

جدول ۲: اندازه ترک‌های سازه

شماره جزء	اندازه واقعی	شماره آزمون													
		۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴
۱	۰/۰۰۸۱	۰/۰۸۸۷	۰/۰۱۶۱	.	۰/۰۵۹۵
۲	۰/۰۳۳۳	۰/۰۵۶۵
۳	.	۰/۰۶۶۷	۰/۰۳۳۳	.	۰/۰۵	۰/۰۲۴۲	.	.	.	۰/۰۳۱۷	
۴	.	.	.	۰/۰۱۶۷	۰/۰۳۳	
۵	.	۰/۰۱۶۷	۰/۰۵	۰/۰۶۶۷	۰/۰۵	۰/۰۴۸۴	
۶	۰/۱۲	۰/۱۶۷	۰/۱۶۷	۰/۱۶۷	۰/۱۶۷	۰/۱۲۱	۰/۱۲۱	۰/۱۲۹	۰/۱۲۹	۰/۱۲۳	۰/۳۳۰۲	۰/۰۹۲۶	۰/۱۱۹۵	۰/۳۱۷۷	
۷	.	.	۰/۰۵	.	.	۰/۰۱۶۱	
۸	۰/۲	۰/۲	۰/۲۰۹۷	۰/۲	۰/۲	۰/۲۰۹۷	۰/۱۷۷۴	۰/۱۱۲۹	۰/۱۱۲۹	۰/۱۷۴۶	۰/۱۹۸۴	۰/۳۲۰۷	۰/۲۱۵۱	.	
۹	.	.	۰/۰۴۸۴	.	.	۰/۰۰۸۱	۰/۱۲۹	.	.	.	۰/۰۹۵۲	.	.	.	
۱۰	.	.	.	۰/۱	.	.	۰/۰۸۸۷	۰/۱۳۱	۰/۱۳۱	۰/۰۷۹۴	۰/۰۵۹۵	.	.	۰/۱۳۷۱	
۱۱	.	.	.	۰/۲۳۳	۰/۰۱۶۷	۰/۰۶۴۵	۰/۰۶۴۵	۰/۳۳۳۹	۰/۳۳۳۹	۰/۰۰۷۹	
۱۲	.	.	۰/۰۵۶۵	۰/۰۶۶۷	۰/۰۱۶۷	۰/۰۴۰۳	۰/۱۲۱	.	.	.	۰/۱۲۷	.	.	۰/۱۲۹	
۱۳	۰/۱۸	۰/۱۸۳۳	۰/۱۸۳۳	۰/۱۸۳۳	۰/۱۸۳۳	۰/۱۷۷۴	۰/۱۲۱	۰/۱۸۸۵	۰/۱۸۸۵	۰/۲۱۸۳	۰/۱۲۳	۰/۱۳۴۹	۰/۱۸۵۵	.	
۱۴	.	.	۰/۰۴۰۳	۰/۰۶۶۷	۰/۰۱۶۷	.	۰/۰۵۶۵	.	.	۰/۰۴۰۳	۰/۰۹۱۳	.	.	۰/۱۶۱۳	
۱۵	.	.	.	۰/۰۳۳۳	.	.	.	۰/۱۲۱	۰/۱۲۱	

و (۳) در جدول (۴) مشاهده می‌شود که افزایش طول ژن سبب افزایش دقت پاسخ‌ها می‌گردد. همچنین، از مقایسه آزمون‌های (۱) و (۳) مشاهده می‌شود که اگر طول ژن کوچک انتخاب گردد، الزاماً با افزایش شمار نسل‌ها، پاسخ‌ها بهبود نمی‌یابند.



شکل ۸: شبکه بندی دیواربرشگیر

مثال ۲: در این نمونه، دیوار برش گیر شکل (۸)، ترکیابی می‌شود. مشخصه‌های هندسی سازه در شکل نمایان است. طول ترک در جزء سوم، یک متر و در سایر اجزای سازه صفر می‌باشد. در این دیوار، ضریب کشسانی 2.06×10^{10} نیوتن بر متر مربع، نسبت پواسون 0.3 و چگالی 23544 نیوتن بر متر مکعب می‌باشد. مشخصه‌ها و نتایج آزمون‌های انجام شده برای ترکیابی، در جدول‌های (۳) و (۴) درج شده‌اند.

تعداد اجزای سازه در این مثال، نسبت به نمونه پیشین کمتر است. در نگاه نخست، چنین بر می‌آید که با شمار کمتری از نسل‌ها، پاسخ بهینه در دسترس قرار می‌گیرد. اما با توجه به بزرگتر بودن اندازه اجزای سازه، دامنه تغییرات متغیرهای طراحی بالا می‌رود. به سخن دیگر، با بزرگتر شدن فضای جستجوی مسأله، شمار نسل‌های لازم برای رسیدن به نقطه بهینه افزایش می‌یابند.

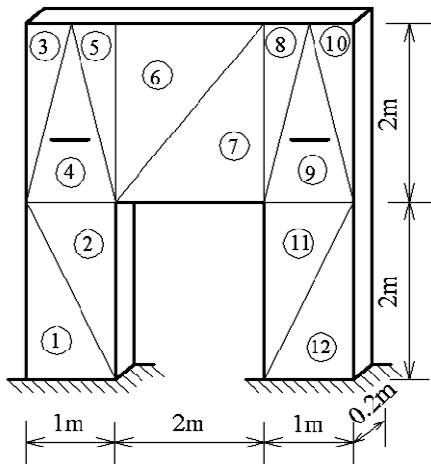
طول ژن با دقت پاسخ‌های محاسبه شده در فرایند ترکیابی رابطه مستقیم دارد. از مقایسه نتایج آزمون (۲)

جدول ۳: مشخصه‌های آزمون‌ها

شماره آزمون	تعداد نسلها	نوع انتخاب	احتمال پیوند	احتمال جهش	اندازه جمعیت	طول ژن
۱	۱۵۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۵۰	۱۰
۲	۵۰۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۵۰	۱۰
۳	۵۰۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۵۰	۵
۴	۱۰۰۰۰	مسابقه ای	۱	رابطه (۱۰)	۳۰	۵

جدول ۴: اندازه ترک‌ها در سازه

شماره جزء	اندازه واقعی	شماره آزمون			
		۱	۲	۳	۴
۱	۰	۰/۱۶۰۳	۰/۱۶۲۳	۰/۳۸۷	۰
۲	۰	۰/۲۵۰۲	۰/۲۳۰۷	۰/۵۱۶۱	۰
۳	۱	۰/۹۹۹	۰/۹۹۹	۰/۹۶۷۷	۱/۰۳۲
۴	۰	۰	۰	۰	۰
۵	۰	۰/۲۱۵۱	۰/۲۱۷	۰/۴۵۱۶	۰
۶	۰	۰	۰	۰	۰



شکل ۹: شبکه دیوار برشی دوتایی

جدول ۵: مشخصه‌های آزمون‌ها

شماره آزمون	تعداد نسل‌ها	اندازه جمعیت	طول ژن
۱	۱۰۰۰	۳۰	۵
۲	۱۵۰۰	۳۰	۵
۳	۲۰۰۰	۵۰	۶
۴	۳۰۰۰	۵۰	۶
۵	۳۰۰۰	۵۰	۱۰
۶	۴۰۰۰	۵۰	۱۰

جدول ۶: اندازه ترک‌ها در سازه

شماره جزء	اندازه واقعی	شماره آزمون				
		۱	۲	۳	۴	۵
۱	۰	۰/۲۴۱۹	۰/۱۱۲۹	۰	۰	۰
۲	۰	۰/۱۱۲۹	۰/۱۱۲۹	۰/۲۴۶	۰/۳۶۵۱	۰
۳	۰	۰	۰/۰۴۸۴	۰	۰	۰
۴	۰/۲	۰	۰/۲۴۱۹	۰/۲۱۸۳	۰	۰/۳۱۲۸
۵	۰	۰	۰/۰۷۲۶	۰	۰	۰
۶	۰	۰	۰/۱۹۳۵	۰/۹۵۲۴	۰/۶۳۴۹	۰
۷	۰	۰/۴۱۹۴	۰/۱۹۳۵	۰/۶۱۹	۰	۰
۸	۰	۰/۰۶۴۵	۰/۲۳۳۹	۰	۰/۰۸۳۳	۰
۹	۰/۲	۰/۱۷۷۴	۰/۱۱۲۹	۰/۲۴۶	۰/۱۹۸۴	۰/۲۳۳۹
۱۰	۰	۰	۰/۱۳۷۱	۰	۰	۰/۰۴۷۷
۱۱	۰	۰/۱۱۲۹	۰/۰۴۸۴	۰/۱۸۲۵	۰/۲۷۷۸	۰
۱۲	۰	۰/۴۶۷۷	۰	۰	۰/۱۱۹	۰/۱۲۵۱

مثال ۳: اینک مسأله دیوار برشی دوتایی، ترکیبی می‌شود. مشخصه‌های هندسی سازه در شکل ۹، نشان داده شده است. طول ترک در جزء چهارم و نهم، $۰/۲$ متر و در سایر اجزای سازه صفر می‌باشد. در اینجا، ضریب کشسانی 2.06×10^{10} نیوتن بر متر مربع، نسبت پواسون $۰/۳$ و چگالی ۲۳۵۴۴ نیوتن بر متر مکعب می‌باشد. مشخصه‌ها و نتایج آزمون‌های انجام شده برای ترکیبی، در جدول‌های (۵) و (۶) درج شده‌اند.

به خاطر استفاده از فن نخبه گرا، بهتر است که عمل پیوند بر روی تمام افراد جمعیت صورت گیرد. نتیجه‌های مثال یکم، این ویژگی را نشان می‌دهند. از این پس، احتمال پیوند یک انتخاب می‌گردد. خاطر نشان می‌نماید، برای شمار متغیرهای طراحی و دامنه تغییر آن‌ها، احتمال جهش متفاوت است. بر این اساس، از رابطه (۱۰) بهره‌جویی می‌گردد. همچنین، به خاطر جلوگیری از کم شدن حساسیت برآزندگی‌ها، انتخاب مسابقه‌ای به کار می‌رود.

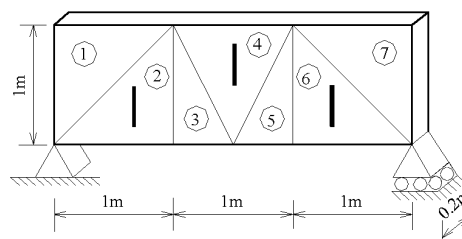
نتایج آزمون‌های انجام شده برای ترکیابی، در جدول‌های (۷) و (۸) درج شده‌اند.

نتایج آزمون (۷) در جدول (۸) نشان می‌دهد که با افزایش تعداد تکرار و فضای جستجو می‌توان به پاسخ دقیق دست یافت.

جدول ۷: مشخصه‌های آزمون‌ها

شماره آزمون	تعداد نسله‌ها	اندازه جمعیت	طول ژن
۱	۲۰۰۰	۳۰	۵
۲	۳۰۰۰	۳۰	۵
۳	۵۰۰۰	۳۰	۵
۴	۱۰۰۰۰	۳۰	۵
۵	۱۰۰۰۰	۵۰	۵
۶	۱۵۰۰۰	۵۰	۵
۷	۱۵۰۰۰	۵۰	۱۰

مثال ۴: تیر ساده‌ای به طول ۳ متر، ارتفاع یک متر و ضخامت ۲/۰ متر ترکیابی می‌گردد. مشخصه‌های هندسی سازه در شکل ۱۰، می‌آید. ضریب کشسانی، نسبت پواسون و چگالی آن همانند مثال پیشین می‌باشد. مشخصه‌ها و



شکل ۱۰: شبکه تیر ساده

جدول ۸: اندازه ترکها در سازه

شماره جزء	اندازه واقعی	شماره آزمون						
		۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷
۱	۰	۰/۰۸۰۶	۰/۱۷۷۴	۰	۰/۰۸۰۶	۰/۰۸۰۶	۰/۰۸۰۶	۰
۲	۰/۱	۰	۰/۴۶۷۷	۰/۲۵۸۱	۰/۰۹۶۸	۰	۰/۰۹۶۸	۰/۰۹۶۸
۳	۰	۰	۰	۰/۱۶۱۳	۰	۰	۰	۰
۴	۰/۲	۰/۱۹۳۵	۰/۱۹۳۵	۰/۱۹۳۵	۰/۱۹۳۵	۰/۱۹۳۵	۰/۱۹۳۵	۰/۱۹۹۴
۵	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰	۰
۶	۰/۱	۰/۱۲۹	۰/۲۵۸۱	۰/۴۶۷۷	۰/۱۱۲۹	۰/۱۱۲۹	۰/۱۱۲۹	۰/۱۲۵۱
۷	۰	۰/۰۶۴۵	۰	۰/۱۶۱۳	۰/۰۸۰۶	۰/۰۴۸۴	۰/۰۸۰۶	۰

است که تفاوت بسامدهای تحلیلی و تجربی کمینه شود. بر پایه آزمون‌های عددی صورت گرفته نتایج زیر در مورد چگونگی انتخاب عامل‌های کنترلی به دست آمده‌اند:

۱- افزایش شمار نسل‌ها، اندازه جمعیت و طول ژن دقت پاسخ‌ها را بالا می‌برد.

۲- اگر طول ژن خیلی کم انتخاب گردد پس از چندین تکرار پاسخ‌ها بهبود نخواهند یافت.

۳- از آنجا که از الگوریتم ژنتیک نخبه‌گرا استفاده شده است، افزایش احتمال پیوند و جهش سبب بهبود پاسخ‌ها خواهند شد.

۶- نتیجه گیری

هنگامی که ترک ایجاد می‌شود، بخشی از کارمایه کرنشی رها می‌گردد. نویسندگان رابطه میان نرخ رهایی کارمایه کرنشی و ضرایب شدت تنش را به کار گرفتند تا مقدار نرمی اضافه شده در اثر ترک خوردگی را محاسبه کنند. بر این اساس، ماتریس نرمی و سختی یک جزء سه پهلوی ترک‌دار رابطه‌سازی و در فرایند ترکیابی استفاده شده است. در این فرایند، با استفاده از جستجوی تصادفی، طول ترک‌ها و موقعیت آن‌ها به گونه‌ای تخمین زده شده

طراحی افزایش می‌یابند و برای ترک‌یابی به زمان بیشتر و رایانه‌ای با حافظه بزرگتر نیاز می‌باشد. برای بالا بردن کارایی فرایند ترک‌یابی پیشنهاد می‌شود که نخست، سازه با شمار جزء کم ترک‌یابی شود تا محدوده ترک پیدا شود. به دنبال آن، در محدوده ترک پیدا شده، شبکه بندی سازه ریز شود و دوباره فرایند آسیب‌یابی انجام پذیرد.

۴- به کارگیری انتخاب مسابقه‌ای در فرایند ترک‌یابی موثرتر از انتخاب چرخ گردان می‌باشد. در یافتن ترک‌های مورب، شبکه‌بندی سازه اهمیت زیادی پیدا می‌کند. الگوی تحلیلی پیشنهادی، برای ترک‌های میانی می‌باشد. به سخن دیگر، هر چه شمار اجزای سازه بیشتر انتخاب گردد، توانایی یافتن ترک مورب بیشتر خواهد شد. با وجود این، به همان نسبت، متغیرهای

مراجع

1. Sinha, J.K., Friswell, M. I., and Edwards, S., (2002), "Simplified Models for the Location of Cracks in Beam Structures using Measured Vibration Data", Journal of Sound and Vibration, Vol. 251, pp.13-38.
2. Ren, W.X., and De Roeck, G., (2002), "Structural Damage Identification using Modal Data", Journal of Structural Engineering , Vol. 128, pp. 96-104.
3. Palacz, M., and Krawczuk, M., (2002), "Vibration Parameters for Damage Detection in Structures", Journal of Sound and Vibration , Vol. 249, pp.999-1010.
4. Kim, J.T., and Stubbs, N., (2003), "Crack Detection in Beam-Type Structures using Frequency Data", Journal of Sound and Vibration, Vol. 259, pp. 145-160.
5. Kim, J.T., and Stubbs, N., (2003), " Nondestructive Crack Detection Algorithm for Full-Scale Bridges", Journal of Structural Engineering , Vol. 129, pp. 1358-1366.
6. Krawczuk, M., (2002), "Application of Spectral Beam Finite Element with a Crack and Iterative Search Technique for Damage Detection", Finite Element in Analysis and Design, Vol. 38, pp. 537-548.
7. Chou, J.H., and Ghaboussi, J., (2001), "Genetic Algorithm in Structural Damage Detection ", Computers and Structures ,Vol . 79, pp. 1335-1353.
8. Goldfeld, Y., (2007), "Identification of the Stiffness Distribution in Statically Indeterminate Beams", Journal of Sound and Vibration, Vol. 304, pp. 918-931.
9. Hearndon, J. L., and et al., (2008), "Monitoring Structural Damage of Components Using an Effective Modulus Approach", Theoretical and Applied Fracture Mechanics, Vol. 50, pp. 23-29.
10. Shih, H. W., Thambiratnam, D. P., and Chan, T. H. T., (2009), "Vibration Based Structural Damage Detection in Flexural Members Using Multi-Criteria Approach", Journal of Sound and Vibration, Vol. 323, pp. 645-661.
11. Ren, W.X., and Chen, H. B., (2010), "Finite Element Model Updating in Structural Dynamics by Using the Response Surface Method", Engineering Structures, Vol. 32, pp. 2455-2465.
12. Przemieniecki, J. S., (1968), "Theory of Matrix Structural Analysis", McGraw-Hill N.Y., pp. 166-192.
13. Krawczuk, M. , Zak, A., and Ostachowicz, W., (2001), "Finite Element Model of Plate with Elasto – Plastic Through Crack", Computers and Structures, Vol. 79, pp. 519-532.
14. Hajela, P., and Soeiro, F.J., (1990), "Structural Damage Detection Based on Static and Modal Analysis", AIAA Journal, Vol.28, pp.1110-1115.
15. Moslem, K., and Nafaspour, R., (2002), "Structural Damage Detection by Genetic Algorithm", AIAA Journal, Vol.40, pp.1395-1401.
16. Goldberg, D.E., (1989), "Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning", MA:Addison –Wesley.
17. Sudarshan, R. , (2000), "Genetic Algorithms and Application to the Optimization of Space Trusses", Ph.D. Thesis, University of Madras.

نشانه‌ها

$[M]$ ماتریس جرم سازه	$[C]$ ماتریس نرمی کل
N_{allow} شمارنماینده بهترین فرد هر نسل در نسل بعدی	$[C]^0$ ماتریس نرمی جزء پیش از ایجاد ترک
N_{pop} اندازه جمعیت	$[C]^l$ ماتریس نرمی اضافه شده در اثر ایجاد ترک
P_c احتمال پیوند	e تابع خطا
P_m احتمال جهش	F برازندگی پیش از مقیاس بندی
$\{S\}$ بردار نیروهای وابسته عضوی	F_{avg} میانگین برازندگی پیش از مقیاس بندی
$[T]$ ماتریس مبدل نیرویی	F_{max} بیشینه برازندگی پیش از مقیاس بندی
u^l کار مایه کرنشی رها شده در هنگام ترک خوردگی	F_s برازندگی اصلاح شده
X_{ij} شکل حالت درجه آزادی i در مود j ام	$\{F\}$ بردار نیروهای مستقل گرهی
ω_i بسامد طبیعی مود i ام	$[K]$ ماتریس سختی سازه
	Lc طول رشته کروموزوم

واژه نامه

- | | |
|----------------------------|------------------------|
| 1.Frequency | 2.Energy |
| 3.Damage Index | 4. Discrete Crack |
| 5. Smearred Crack | 6. Interface Element |
| 7.Roulette Wheel Selection | 8.Tournament Selection |
| 9.Crossover | 10.Mutation |