

文章编号:1674-2974(2013)05-0018-06

## 桁架结构多目标优化的免疫克隆选择算法\*

唐和生<sup>1,2</sup>, 胡长远<sup>2†</sup>, 薛松涛<sup>1,2,3</sup>

(1. 同济大学 土木工程防灾国家重点实验室, 上海 200092; 2. 同济大学 结构工程与防灾研究所, 上海 200092; 3. 东北理工大学 建筑学科, 日本 仙台 982-8577)

**摘要:**为了解决带有约束的结构多目标优化问题,将免疫克隆选择算法应用于桁架结构的多目标优化设计中.根据免疫学基本原理,采用非支配邻域选择机制、比例克隆和精英策略,使算法很好地保持了所得解的多样性、均匀性和收敛性.在桁架结构优化的数学模型中,采用惩罚函数法处理违反约束的情况.为了验证所提算法的可行性和有效性,对经典桁架进行了优化,并与其它方法作比较,数值结果表明,该算法在收敛速度、时间消耗和求解质量上均具有一定的优势.

**关键词:**多目标优化;桁架结构;精英策略;免疫克隆选择算法

**中图分类号:**TU323.4; TU311

**文献标识码:**A

## Immune Clonal Selection Algorithm for Truss Structure Multi-objective Optimization

TANG He-sheng<sup>1,2</sup>, HU Chang-yuan<sup>2</sup>, XUE Song-tao<sup>1,2,3</sup>

(1. State Key Laboratory of Disaster Prevention in Civil Engineering, Tongji Univ, Shanghai 200092, China;  
2. Research Institute of Structural Engineering and Disaster Reduction, Tongji Univ, Shanghai 200092, China;  
3. Dept of Architecture, Tohoku Institute of Technology, Sendai 982-8577, Japan)

**Abstract:** In order to solve the multi-objective optimization of structures with constrains, the immune clonal selection algorithm was applied. Based on the immunology theory, the non-dominated neighborhood-based selection, proportional cloning and elitism strategy were introduced in the multi-objective immune clonal selection algorithm (MOICSA) to enhance the diversity, the uniformity and the convergence of the solution obtained. Penalty function method was used to deal with violated constraints. Several classical problems were solved to demonstrate the feasibility and effectiveness of the MOICSA algorithm, and the results were compared with other optimization methods. The simulation results show that the algorithm has advantages in convergence speed, time consuming and solution quality.

**Key words:** multi-objective optimization; truss structures; elitism strategy; immune clonal selection algorithm

\* 收稿日期:2012-05-21

基金项目:国家自然科学基金资助项目(51178337,50708076);土木工程防灾国家重点实验室自主课题(SLDRCE11-B-01);同济大学土木工程学院光华基金资助项目

作者简介:唐和生(1973-),男,安徽安庆人,同济大学副教授

† 通讯联系人, E-mail: cyhu527@163.com

大多数的桁架优化在一般情况下都处理成单目标优化问题,但也有一些特殊的应用场合,亦会出现要求一个以上的桁架设计指标同时达到最优,即进行桁架的多目标优化设计的情况.相较于单目标问题,多个目标之间的矛盾性和不可公度性,多目标优化可行解的非唯一性,使得桁架多目标优化问题的处理相对比较复杂.

传统的多目标优化方法往往需要多次重复计算,且易陷入局部最优解.自意大利的经济学家帕累托提出的基于 Pareto 支配关系法则的 Pareto 最优前沿解集的概念之后,发展起来的多目标的优化方法,绝大部分都是基于 Pareto 概念的多目标优化算法<sup>[1-2]</sup>.

近年来,一些新的仿生智能算法被引入多目标优化领域,如遗传算法和人工免疫系统算法<sup>[3-4]</sup>等.2002年,Deb等学者通过对 NSGA 进行改进,提出了非常经典的算法:NSGA-II,但其在搜索过程中会出现单参数劣化的情况<sup>[5]</sup>.2004年,Luh和Chueh提出了利用细胞因子处理约束问题的免疫多目标优化算法(CMOIA)<sup>[6]</sup>.人工免疫系统是通过学习外界物质的自然防御机理,受生物免疫系统启发而提出的一种适应性系统.这一领域出现于20世纪80年代中期,它的应用涵盖了诸多领域,已经成为继神经网络<sup>[7]</sup>、模糊逻辑<sup>[8]</sup>和进化计算<sup>[9]</sup>后,人工智能的又一个研究热点.

早期的免疫克隆选择算法主要集中在解决单目标优化问题,逐渐发展应用到多目标优化问题<sup>[10-11]</sup>.由于传统方法未使用特定的技术来保持种群中抗体的多样性,这样通常会导致早熟收敛;有些方法解决的仅是无约束多目标问题<sup>[4]</sup>,然而在实际应用过程中通常都会遇到多个约束条件.Coello提出了一种模拟只有与抗原具有最高亲和度的抗体才会繁殖的免疫算法并对其进行了改进,但算法过于复杂<sup>[11,12]</sup>.在土木工程领域中,关于免疫克隆选择算法在结构多目标优化方面应用的文献还很少.鉴于此,本文提出的免疫克隆多目标优化算法(MOIC-SA)是受免疫克隆学基本原理启发,采用非支配克隆选择、比例克隆和精英策略实现 Pareto 前沿最优解.在进行启发式搜索之前,这些被选定的个体要按照其对应的拥挤距离按比例进行克隆.通过采用非支配邻域选择和按比例克隆的方法<sup>[4]</sup>,更多地关注于当前折衷前沿不那么拥挤的区域,因此具有更强的搜索能力和更好的收敛性.同时精英策略保证了优秀的抗体所携带的信息不会在突变的过程中丢

失,从而引导抗体群朝着较优的方向进化.

为了验证该方法的有效性,本文以桁架的杆件截面面积为设计变量,以结构总重量最小和关键结点位移最小为目标,在满足一定应力条件下,对桁架结构进行尺寸多目标优化设计,并与其它方法进行比较.

## 1 多目标免疫克隆优化算法

### 1.1 人工免疫系统的基本机理

免疫是指机体对“自己”和“非己”的识别并排除非己的功能.具体地说,免疫是机体识别和排除抗原性异物,以维护自身生理平衡和稳定的功能.这种能够诱导机体免疫反应并能与相应抗体发生特异性反应的物质称为抗原.在人工免疫系统中,抗原一般指问题及其约束.具体地,它是问题目标函数的函数,是人工免疫系统算法的始动因子以及重要的度量标准.对于多目标优化问题,抗原定义如下:

$$\begin{cases} \min f(x) = \{f_1(x), f_2(x), \dots, f_n(x)\}, \\ \text{s. t. } g(x) \leq 0, h(x) = 0, \\ x \in \Omega. \end{cases} \quad (1)$$

式中: $f$ 为含有 $n$ 个目标的参数化的最大化或最小化函数,函数 $g$ 和 $h$ 分别为不等式和等式约束,此处的 $x = \{x_1, x_2, \dots, x_l\}$ 是决策向量, $l$ 和 $n$ 分别为设计变量和目标函数的个数, $\Omega$ 是可行域, $n \geq 2$ .

免疫系统应答是针对某种特定的“非己”物质即抗原而作出的特定的反应.当检测到一个抗原时,抗体就会识别该抗原,并作出是否将该抗体通过克隆来增值的决定,这一过程称为克隆选择.在人工免疫系统中,抗体一般是指问题的候选解,在该问题中,一个规模为 $m$ 的抗体群定义为 $B = \{b_1, b_2, \dots, b_m\}$ .抗体 $b_i = \{b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{il}\}$ 是变量 $x$ 的编码,记为 $b_i = e(x)$ , $1 \leq i \leq m$ . $x$ 被称为抗体 $b_i$ 的解码,表示为 $x = e^{-1}(b_i)$ .

### 1.2 非支配克隆选择和比例克隆

根据 Pareto 最优的概念将抗体划分为非支配抗体和支配抗体(用 $D$ 表示支配抗体集),支配抗体是种群 $B$ 中的非支配个体,非支配个体即是问题的 Pareto 最优解.在多目标算法中, $D$ 中的支配抗体按照其对目标函数取值多样性的贡献多少进行排序.这个可以通过拥挤距离进行度量<sup>[5]</sup>.对于多目标而言,一个支配抗体 $d \in D$ 的拥挤距离由式(2)给出:

$$\zeta(d, D) = \sum_{i=1}^n \frac{\zeta_i(d, D)}{f_i^{\max} - f_i^{\min}} \quad (2)$$

式(2)中的  $f_i^{\max}$ ,  $f_i^{\min}$  是第  $i$  个目标的最大值和最小值, 而且

$$\zeta_i(d, D) = \begin{cases} \infty, & \text{if } f_i(d) = \min\{f_i(d') \mid d' \in D\} \\ & \text{or } f_i(d) = \max\{f_i(d') \mid d' \in D\}; \\ \min\{f_i(d') - f_i(d) \mid d' \in D, \\ & f_i(d') < f_i(d) < f_i(d')\}. \end{cases} \quad (3)$$

克隆选择的标准是按照降序排列拥挤距离, 选取前  $n_A$  个个体作为活性种群  $A$ . 通过对  $A$  进行正比例克隆, 获取新的克隆种群  $C$ . 克隆次数  $q_i$  由抗体个体拥挤距离  $\dots q_i$  确定:

$$q_i = \left[ n_c \times \frac{\zeta(a_i, A)}{\sum_{j=1}^{|A|} \zeta(a_j, A)} \right] \quad (4)$$

式中:  $\zeta(a_j, A)$  表示的是活性抗体  $a_j$  的拥挤距离,  $n_c$  是克隆群体规模的预期值.

### 1.3 交叉和变异

交叉和变异操作的目的是使抗体群保持或增加多样性, 本文采用静态超变异<sup>[13]</sup>, 交叉操作在克隆种群  $C$  和活性种群  $A$  的个体之间进行.

### 1.4 精英策略

为防止抗体群劣化, 在克隆前的抗体群中选择对抗原亲和力较高的抗体组成抗体群, 让其直接加入突变后的抗体群组成新的抗体群. 精英策略保证了优秀的抗体所携带的信息不会在突变的过程中丢失, 从而引导抗体群朝着较优的方向进化.

### 1.5 算法描述

第一步 初始化:  $G_{\max}$  为最大迭代次数;  $n_D$  为支配种群的最大规模;  $n_A$  为活性种群的最大规模;  $n_C$  为克隆种群的规模. 形成规模为  $n_D$  的初始抗体群  $B_0$ , 即在截面尺寸上下限之间均匀生成一个  $n_D \times n$  的矩阵,  $n$  为设计变量的个数; 创建  $D_0 = \emptyset$ ,  $A_0 = \emptyset$ ,  $C_0 = \emptyset$ . 令  $t=0$ .

第二步 更新支配种群: 确认  $B_t$  中的支配抗体, 复制所有支配抗体形成暂时的支配种群(表示为  $DT_{t+1}$ ). 若  $DT_{t+1}$  的大小比  $n_D$  小, 则使得  $D_{t+1} = DT_{t+1}$ . 否则, 运用式(2)计算  $DT_{t+1}$  中所有个体的拥挤距离值, 并按照降序排列拥挤距离, 选取前  $n_D$  个个体形成  $D_{t+1}$ .

第三步 终止: 如果满足  $t \geq G_{\max}$ , 将  $D_{t+1}$  作为算法结果输出, 结束; 否则  $t=t+1$ .

第四步 非支配克隆选择: 如果  $D_t$  的规模比  $n_A$  小, 使  $A_t = D_t$ . 否则运用式(2)计算  $D_t$  中所有个体的拥挤距离, 并且按照降序排列拥挤距离, 选取前  $n_A$  个个体作为  $A_t$ .

第五步 比例克隆: 通过对  $A_t$  进行比例克隆, 获取克隆种群  $C_t$ .

第六步 交叉和变异: 对种群集合  $C_t$  执行交叉和变异得到新的种群  $C'_t$ .

第七步 运用精英主义策略, 选取克隆前的部分亲和度高的抗体, 将其加入突变后的抗体群  $C'_t$ .

第八步 结合  $C'_t$  和  $D_t$ , 获得抗体群  $B_t$ ; 返回到第二步.

## 2 桁架结构多目标优化

考虑一个桁架结构多目标优化设计, 目的是满足所有约束条件的同时实现有最小的重量以及最小的变形. 以  $n$  杆桁架结构系统为研究对象, 基本参数已知, 优化目标是在给定的荷载条件下找出  $n$  杆桁架的最优截面面积使结构质量最轻同时使节点变形达到最小. 因此, 其数学模型可表示为:

$$\text{求 } \mathbf{A} = [A_1, A_2, \dots, A_n]^T.$$

$$\min f_1 = W = \sum_{i=1}^n \rho_i A_i L_i + \lambda M, \quad (5)$$

$$\min f_2 = u_{jl}, \quad (6)$$

$$\text{s. t. } g_i^{\sigma}(A) = [\sigma_i] - \sigma_i \geq 0, i = 1, 2, \dots, K. \quad (7)$$

$$\mathbf{A} \in \{q_1, q_2, \dots, q_n\}. \quad (8)$$

式中:  $\mathbf{A} = [A_1, A_2, \dots, A_n]^T$  为设计变量,  $n$  为变量连接后杆件的组数;  $W$  为结构的质量,  $L_i, A_i, \rho_i$  分别为第  $i$  组杆件的长度、截面面积及密度;  $g_i^{\sigma}(A)$  为应力约束;  $[\sigma_i], \sigma_i$  分别为第  $i$  组杆件的应力允许值和各种工况下的最不利应力值;  $u_{jl}$  为各工况下节点  $j$  在给定方向  $l$  上的位移值;  $K$  为杆件数;  $\{q_1, q_2, \dots, q_n\}$  为杆件截面可选择的截面集合;  $f_1, f_2$  为子目标函数;  $M$  为预先定义的一个足够大的正数, 取为  $10^{10}$ ;  $\lambda$  为罚函数因子, 当结构设计变量满足约束条件时  $\lambda=0$ , 否则  $\lambda=1$ .

## 3 数值分析

为验证 MOICSA 算法对桁架结构进行多目标优化设计的有效性, 以下对一典型的桁架结构进行分析, 同

时与 NSGA-II, CMOIA 等方法进行比较. MOICSA 算法的参数选择如下:活性种群规模  $NA=20$ ;克隆倍数为  $NC=100$ ;支配种群规模  $NM=100$ ;变异概率  $p_m=0.1$ ;最大迭代次数  $G_{max}$  取 500.

图 1 所示为 25 杆空间桁架,材料的弹性模量  $E=68\ 950\text{ MPa}$ ,密度  $\rho=2\ 768\text{ kg/m}^3$ ,应力约束为  $\pm 275.8\text{ MPa}$ , $l=635\text{ mm}$ .设计变量为离散变量, $D=645.16 \times \{0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1.0, 1.1, 1.2, 1.3, 1.4, 1.5, 1.6, 1.7, 1.8, 1.9, 2.0, 2.1, 2.2, 2.3, 2.4, 2.5, 2.6, 2.7, 2.8, 2.9, 3.0, 3.1, 3.2, 3.3, 3.4\}$ , $\text{mm}^2$ .节点荷载见表 1,杆件分组见表 2.本例以杆件截面面积为设计变量,同时最小化结构的质量和①节点最大位移这两个目标.

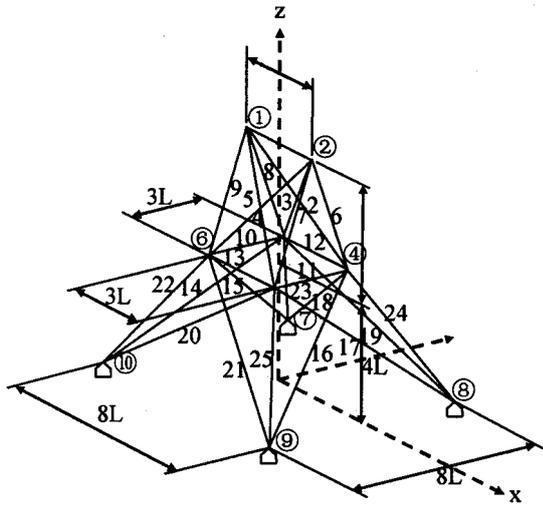


图 1 25 杆空间桁架  
Fig. 1 25 bar space truss

表 1 25 杆桁架节点荷载

Tah 1 Loading conditions of the 25-bar space truss

节点号	$F_x/\text{kN}$	$F_y/\text{kN}$	$F_z/\text{kN}$
1	4.445	-44.452	-44.452
2	0	-44.452	-44.452
3	2.223	0	0
6	2.667	0	0

表 2 25 杆件分组表

Tah 2 Group members of the 25-bar space truss

组号	杆件号	组号	杆件号
X1	1	X5	12, 13
X2	2, 3, 4, 5	X6	14, 15, 16, 17
X3	6, 7, 8, 9	X7	18, 19, 20, 21
X4	10, 11	X8	22, 23, 24, 25

为了验证 MOICSA 方法的优越性,同时也与 NSGA-II 方法进行比较,NSGA-II 的种群数也取 100.图 2 给出了两种方法的 Pareto 最优前沿比较,结果显示经过相同的代数迭代后 MOICSA 的 Pareto 前沿比 NSGA-II 算法的 Pareto 前沿要明显趋于最优,而且前者的非支配解的分布也更加均匀有致.两种方法的收敛曲线如图 3 所示.从图 3 可以看出:MOICSA 收敛速度明显比 NSGA-II 快.不同迭代次数下的极端点坐标和运算时间比较结果列于表 3.从表 3 可以看出,与 NSGA-II 和 CMOIA 相比,MOICSA 的竖向和水平向极端点都扩展得更远,且耗时较少.500 代 MOICSA Pareto 最优前沿与文献 [14-16] 的比较见图 4,特殊点 A 点处杆件的截面面积与文献 [14,16] 结果的对照见表 4.

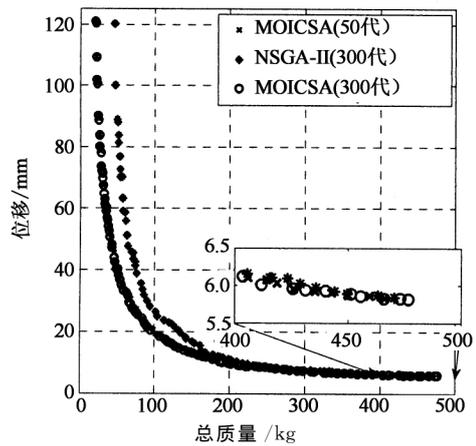


图 2 25 杆桁架 MOICSA 和 NSGA II 的 Pareto 最优前沿比较

Fig. 2 The comparison of Pareto optimal front between MOICSA and NSGA II

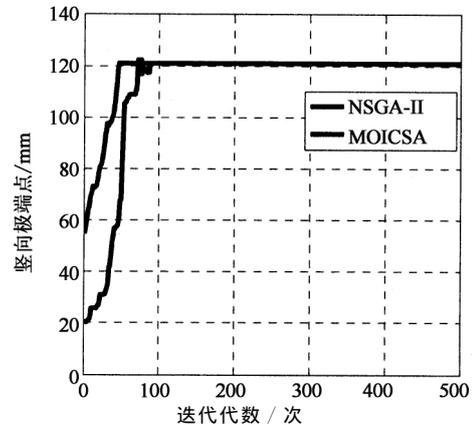


图 3 25 杆桁架极大位移点位移的收敛曲线  
Fig. 3 The displacement convergence curves of vast displacement point for 25 bar truss

图 1 所示桁架中,在应力约束为 $[-275.8, 275.8]$  MPa,1 和 2 节点的最大竖向位移不能超过 8.889 mm 的情况下,文献[14—16]的单目标最优解结果如表 4 和图 4 所示.在应力约束相同,而把位移作为另一目标函数的情况下,文献[14—16]的解处在 MOICSA 的 Pareto 最优前沿上,且与特殊点 A(总质量为 221.88 kg,位移为 8.889 mm)相近似,由此可以证明单目标最优解是 MOICSA 非支配解的一个子集.与单目标优化不同的是,MOICSA 多目标 Pareto 最优前沿包含有更多的解,能为结构设计提供更多的方案.

表 3 不同迭代次数下的极端点坐标和运算时间比较  
Tab 3 The comparison of extreme point coordinates and operation time under different iterations

迭代方法 (代数)	位置	总质量 /kg	位移 /mm	耗时 /s
MOICSA (10 代)	极大质量点	452.453 6	6.226 454	0.79
	极大位移点	35.344 27	63.072 09	
NSGA-II (50 代)	极大质量点	466.252	5.911 012	4.35
	极大位移点	49.878 98	86.055 99	
MOICSA (50 代)	极大质量点	467.512 5	5.8178 95	3.97
	极大位移点	19.360 33	120.953 4	
NSGA-II (100 代)	极大质量点	470.576 9	5.8269 89	8.71
	极大位移点	30.255	120.953	
MOICSA (100 代)	极大质量点	476.357 5	5.81187 6	7.97
	极大位移点	19.360 33	120.953 4	
NSGA-II (300 代)	极大质量点	476.147	5.812 003	25.83
	极大位移点	30.255	120.953	
CMOIA (300 代)	极大质量点	443.334 3	6.002 02	—
	极大位移点	45.300 03	51.513 74	
MOICSA (300 代)	极大质量点	478.058 5	5.809 285	23.70
	极大位移点	19.360 33	120.953 4	

表 4 不同方法的截面变量值比较表  
Tab 4 Comparison of design variable values among different methods mm<sup>2</sup>

单元编号	MOICSA (300 代)	文献[14]	文献[16]
X1	64.516	64.516	64.516
X2	64.516	774.190	1 161.290
X3	2 129.030	2 064.510	1 483.870
X4	64.516	64.516	129.030
X5	1 548.380	709.680	64.516
X6	645.160	580.640	516.130
X7	451.610	258.060	1 161.290
X8	2 193.540	2 193.540	1 935.480
质量 /kg	221.880	223.980	247.660
位移 /mm	8.889	8.889	8.827

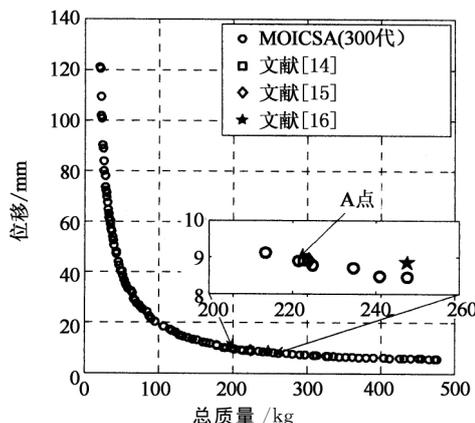


图 4 500 代 Pareto 最优前沿与单目标优化结果的比较

Fig. 4 Pareto solutions after 500 iterations and comparison with single-objective optimization methods

### 4 结 论

1) 基于非支配克隆选择、比例克隆和精英主义策略的免疫克隆多目标优化算法,算法简单,收敛迅速,耗时较少,易于实现,且更好地保证了在演化过程中,种群的多样性,使得解集能够从可行域内部和不可行域的边界向着最优解逼近,从而更好地保证了所得最优解的多样性以及很好的逼近性.

2) 本文对典型桁架结构多目标优化进行了数值分析,并且与 NSGA II, CMOIA 及相关文献的优化结果进行了比较讨论.数值结果表明,MOICSA 算法在极端点扩展、解的均匀性以及收敛速度上要优于其他算法,所得解集能够包含单目标优化的最优解,验证了 MOICSA 算法很好地保持了所得最优解的多样性、均匀性以及较强的收敛性,说明了该算法适合于结构多目标尺寸优化设计分析.

### 参考文献

[1] COELLO C, CORTES N. Solving multi-objective optimization problems using an artificial immune system[J]. Genetic Programming and Evolvable Machines, 2005, 6(2): 163—190.  
 [2] 吴亮红,王耀南,袁小芳,等. 多目标优化问题的差分进化算法研究[J]. 湖南大学学报:自然科学版,2009,36(2):53—57.  
 WU Liang-hong, WANG Yao-nan, YUAN Xiao-fang, et al. Research on differential evolution algorithm for MOPs [J]. Journal of Hunan University: Natural Sciences, 2009, 36(2): 53—57. (In Chinese)  
 [3] JIAO L, GONG M, R H, et al. Clonal selection with immune dominance and energy based multi-objective optimization[C]// Proceedings of the Third International Conference on Evolu-

- tionary Multi-criterion Optimization. Berlin: Springer-Verlag, 2005: 474–489.
- [4] GONG M, JIAO L, DU H, *et al.* Multi-objective immune algorithm with non-dominated neighbor-based selection[J]. *Evolutionary Computation*, 2008, 16(2):225–255.
- [5] DEB K, AGARWAL S, PRATAP A, *et al.* A fast elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2002, 6(2): 182–197.
- [6] LUH G C, CHUEH C H. Multi-objective optimal design of truss structure with immune algorithm [J]. *Computers & Structures*, 2004, 82: 829–844.
- [7] KOHONEN T. Self-organizing maps[M]. Berlin: Springer Series in Information Sciences, 1995.
- [8] 申晓宁, 李涛, 张敏. 一种基于模糊逻辑引入偏好信息的多目标遗传算法[J]. *南京理工大学学报*, 2011, 35(2):245–251. SHEN Xiao-ning, LI Tao, ZHANG Min. Multi-objective optimization genetic algorithm incorporating preference information based on fuzzy logic[J]. *Journal of Nanjing University of Science and Technology*, 2011, 35(2):245–251. (In Chinese)
- [9] 唐和生, 范德伟, 王兆亮, 等. 桁架尺寸优化微分演化算法[J]. *湖南大学学报:自然科学版*, 2011, 38(11):13–18. TANG He-sheng, FAN De-wei, WANG Zhao-liang, *et al.* Differential evolution algorithm to size the optimization of truss structures [J]. *Journal of Hunan University: Natural Sciences*, 2011, 38(11):13–18. (In Chinese)
- [10] YOO J, HAJELA P. Immune network simulations in multicriterion design[J]. *Structural Optimization*, 1999, 18:85–94.
- [11] ANCHOR K, ZYDALLIS J, GUNSCH G, *et al.* Extending the computer defense immune system: Network intrusion detection with a multiobjective evolutionary programming approach[C]//TIMMIS J, BENTLEY P J. First International Conference on Artificial Immune Systems. Canterbury, UK: University of Kent, 2002:12–21.
- [12] CARLOS A, COELLO C, CORTÉ S N. An approach to solve multiobjective optimization problems based on an artificial immune system[C]//TIMMIS J, BENTLEY P J. First International Conference on Artificial Immune Systems. Canterbury, UK: University of Kent, 2002:212–221.
- [13] CUTELLO V, NICOSIA G, PAVONE M. Exploring the capability of immune algorithms: A characterization of hypermutation operators[C]// Proceedings of Third International Conference on Artificial Immune Systems. Catania, Italy: Lecture Notes in Computer Science, 2004:263–276.
- [14] ERBATUR F, OHASANCEBI O, TÜTÜNCÜ I, *et al.* Optimal design of planar and space structures with genetic algorithms [J]. *Computers and Structures*, 2000, 75: 209–224.
- [15] PONTEROSSO P, FOX DSJ. Heuristically seeded genetic algorithms applied to truss optimization [J]. *Engineering with Computers*, 1999, 15:345–355.
- [16] RAJEEV S, KRISHNAMOORTHY C S. Discrete optimization of structures using genetic algorithms [J]. *Journal of Structural Engineering*, 1992, 118(5):1233–1250.