

硕士学位论文

多目标优化设计的免疫算法研究

(国家自然科学基金项目资助 编号: 50708076)

- 姓 名: 柴林峰
- 学号: 0820020350
- 所在院系: 土木工程学院
- 学科门类: 工学
- 学科专业: 土木工程
- 指导教师: 薛松涛教 授
- 副指导教师: 唐和生 副教授

二O一一年五月



Tongji University in conformity with the requirements for

the degree of Master of Science

Study of Immune Algorithm on Multi-objective Optimal Design

(Supported By the Nationa Natural Science Foundation of China Under Grant No. 50708076)

| Candidate | Linfeng Chai |
|-------------|--------------|
| Calluluale. | Lineng Chai |

Student Number: 0820020350

School/Department: College of Civil Engineering

Discipline: Engineering

Major: Civil Engineering

Supervisor: Prof. Songtao Xue

Associate: Prof. Hesheng Tang



学位论文版权使用授权书

本人完全了解同济大学关于收集、保存、使用学位论文的规定, 同意如下各项内容:按照学校要求提交学位论文的印刷本和电子版 本;学校有权保存学位论文的印刷本和电子版,并采用影印、缩印、 扫描、数字化或其它手段保存论文;学校有权提供目录检索以及提 供本学位论文全文或者部分的阅览服务;学校有权按有关规定向国 家有关部门或者机构送交论文的复印件和电子版;在不以赢利为目 的的前提下,学校可以适当复制论文的部分或全部内容用于学术活 动。

学位论文作者签名:

年 月 日

同济大学学位论文原创性声明

本人郑重声明:所呈交的学位论文,是本人在导师指导下,进 行研究工作所取得的成果。除文中已经注明引用的内容外,本学位 论文的研究成果不包含任何他人创作的、已公开发表或者没有公开 发表的作品的内容。对本论文所涉及的研究工作做出贡献的其他个 人和集体,均已在文中以明确方式标明。本学位论文原创性声明的 法律责任由本人承担。

学位论文作者签名:

年 月 日

摘要

结构优化设计按设计变量的类型可分为连续变量结构优化设计和离散变量 结构优化设计,按照问题所定优化目标函数的个数又可分为单目标优化设计与 多目标优化设计。结构优化设计问题通常是多约束、多自由度的非线性问题, 算法的优劣通常会直接影响优化结果的好坏。因此,研究开发稳健有效的算法 并应用于结构优化设计已成为土木领域的研究热点。

本文在非支配邻域选择的多目标免疫算法(NNIA)的基础上,针对不同类型 的优化设计问题给出了相应的改进措施和补充,并将改进的算法用于离散变量 与连续变量结构的多目标优化设计之中。该方法在求解各种复杂的桁架优化问 题中均有优异的表现。本文的研究工作主要包括以下几点内容:

(1)介绍结构优化问题的基本概念,概述国内外的研究现状。针对传统结构 优化设计中算法通用性差、效率不高、无法进一步有效求解优化等各种问题, 本文将基于非支配邻域选择的多目标免疫算法(NNIA)-----这一新算法,引入到 桁架结构优化设计中。

(2) 采用 NNIA 算法,针对桁架结构设计中连续和离散两种不同的变量类型进行数学建模和编程设计,分别建立基于最小重量(或体积)和控制点最小位移这两个性能指标的桁架双目标优化数学模型。对几种典型桁架算例,在多工况、多约束条件下开展多目标问题的数值优化模拟。

(3)数值模拟的结果与现有文献所提出的算法结果进行比较。由分析可知:本文算法求得的解集不但能够迅速逼近真实的 Pareto 最优前沿,而且能保证在该前沿均匀分布。同时,多目标优化的非支配解集中含有非常接近于相同条件下求得的单目标最优化结果的非支配解。由此验证出本文引入的 NNIA 算法不但能够克服以往算法在求解桁架结构问题中的诸多不足,而且具有更佳的收敛性和优越性,将其运用于复杂桁架连续和离散多目标优化问题中都是可行的和有效的。

关键词:优化设计,桁架结构,多目标优化,离散变量,连续变量, Pareto 最优前沿,免疫算法。

ABSTRACT

According to the type of design variables, optimization design of structure can be divided into continuous variable optimization and discrete variable optimization. With the number of the objective functions, it can also be divided into single-objective optimization and multi-objective optimization. Ordinarily, optimization design of structure is a multi-constrained and multi-DOF nonlinear problem, and the result of optimization is influenced greatly by the quality of algorithm. The study of robust algorithm and the application in structural optimization design have become the hot research topic of civil engineering.

In this thesis, a new truss structural method is proposed to deal with the different kinds of optimization problems, which is based on multi-objective Immune Algorithm with Non-dominated Neighbor-Based selection. Numerical analysis demonstrates that this method yield promising results in various types of truss optimization. The main research work is shown as follows:

(1) The fundamental conceptions and state-of-art of structural optimization are reviewed. Traditional methods often have traits in common that tend to limit their applicability, efficiency, stability and some optimization methods may suffer poor stability, easy trap into local optimum for complex optimization as well. To overcome these problems, the Multi-objective Immune Algorithm with Non-dominated Neighbor-Based selection (NNIA) is proposed for complex structural optimization.

(2) With the improved NNIA algorithm, in this paper, a mathematic model of multi-objective optimization of truss structure is established based on the minimum weight (volume) and the minimum displacement of control points for the continuous and discrete variables. To some kinds of typical truss structures, multi-objective constrained optimization problems can be simulated by numerical optimization under different working conditions.

(3) According to the results of numerical simulations of typical truss optimization and performance comparison with other existing methods, the efficiency and superiority of the proposed method is validated. The analysis shows that the solution set obtained by NNIA is a good approximation of the true Pareto optimal front and have a uniform distribution on it. At the same time, non-dominated solution set contains approximate result of non-dominated solutions which is solved by a single objective optimization with the same constrains. The improved NNIA algorithm can overcome the deficiencies of previous algorithms. It has much better convergence and odds. So the proposed method is feasible and effective for complex structural optimization.

Key Words: optimal design, truss structure, multi-objective optimization, discrete variable, continuous variable, Pareto optimal front , immune algorithm

| | T. |
|---|----------|
| н | A |

| 第1章 绪论1 |
|-----------------------|
| 1.1 引言1 |
| 1.2 结构优化设计的基本概念2 |
| 1.2.1 连续变量和离散变量4 |
| 1.2.2 单目标和多目标4 |
| 1.2.3 确定性与不确定性4 |
| 1.3 结构优化方法与研究进展5 |
| 1.3.1 数学规划法6 |
| 1.3.2 力学准则法6 |
| 1.3.3 现代启发式算法7 |
| 1.4 本文内容安排10 |
| 1.5 本文主要工作内容10 |
| 第2章 免疫学与人工免疫系统概述12 |
| 2.1 免疫系统介绍12 |
| 2.1.1 免疫系统的组成12 |
| 2.1.2 免疫系统的功能13 |
| 2.1.3 免疫系统的工作机制14 |
| 2.1.4 免疫系统的特点15 |
| 2.2 人工免疫系统17 |
| 2.2.1 人工免疫系统的相关基本术语17 |
| 2.2.2 人工免疫系统的发展与现状18 |
| 2.3 本章小结 |
| 第3章 多目标优化设计21 |
| 3.1 引言 |
| 3.2 传统的多目标优化方法25 |
| 3.3 现代多目标优化算法 |
| 3.4 本章小结 |
| 第4章 基于非支配邻域选择的多目标免疫算法 |
| 4.1 相关词汇说明 |
| 4.2 算法的描述 |
| 4.2.1 比例克隆 |

| 4.2.2 重组和突变 | 31 |
|-----------------------|----|
| 4.2.3 适应度分配与种群进化 | 32 |
| 4.2.4 计算的复杂性 | 33 |
| 4.3 采用无约束测试函数的数值测试 | 33 |
| 4.4 本章小结 | 36 |
| 第5章 基于桁架多目标的免疫算法优化设计 | 37 |
| 5.1 有约束桁架结构的多目标优化数学模型 | 37 |
| 5.2 桁架结构多目标优化设计算例 | 39 |
| 5.2.1 连续变量 | 39 |
| 5.2.2 离散变量 | 57 |
| 5.3 本章小结 | 78 |
| 第6章 结论与展望 | 79 |
| 6.1 结论 | 79 |
| 6.2 进一步工作的方向 | 79 |
| 致谢 | 79 |
| 参考文献 | 87 |
| 个人简历 在读期间发表的学术论文与研究成果 | 87 |

第1章 绪论

1.1 引言

近 100 年前, Maxwell 理论和 Michell 桁架的提出标志着结构优化设计的诞 生。而 Schmit 用数学规划来解决结构优化设计到现在也有 40 多年的历史。在 过去的几十年内,结构优化设计不论是在理论、算法还是应用等诸多方面都取 得了长足的发展。然而,结构优化设计在土木工程领域的应用与实际成效却远 远落后于优化理论的发展步伐,因此这方面的研究现在正逐渐成为土木工程领 域的一个热点。

工程结构设计按照发展先后可分为传统设计和优化设计。其中的优化设计 是相对于传统的结构设计而言的。

传统的结构设计是设计者按照设计要求,根据自己的理论知识和丰富的工程实践经验,并参考相关类似工程进行的设计。设计工程师首先针对用户的需要进行概念设计,定出结构的类型和形式,选择适当的材料,按规范要求和标准给出受力情况(包括各种工况及工况组合),拟定出初步设计方案,然后运用力学理论进行结构分析,并根据结构分析结果进行强度、刚度、稳定性(局部和全局稳定)、耐久性、振动频率(避免在动荷载作用下发生共振)等各方面的校核,如果不满足这些方面的要求,则修改初步设计方案,再重新对结构进行分析计算及强度、刚度、稳定性等方面的校核,直到满足为止。它追求的是寻找到满足结构设计要求的一个"可行解"。

当然对于那些重要的工程,往往还要反复研究比较几个方案,从而对结构 布局、材料选择、构件尺寸等进行修改,同时还要考虑那些与结构无关的其他 因素,以求出最为合理的方案。但是由于传统设计重分析、重校核的过程太多, 工作量太大,而设计本身有非常严格的时间限制。显然,传统设计的过程周期 长、费用高、效率低,一般难以找到材料的合理分布,实际得到的设计,只是 个"可行的",未必是"最优的"。另外在传统设计中,初步设计方案至关重要, 这对缺少设计经验的工程师来说比较困难,不同的设计者作出的设计在性能上 往往具有很大的随意性和离散性。

科学技术的发展,工程结构复杂性的增加及其要求的提高,传统的设计方 法已不能满足要求,人们希望一个准确性好又有良好的设计效率的新方法的出 现。计算机的出现使这种愿望成为可能,各种计算机辅助分析,计算机辅助设 计相继出现。其中有限元分析、优化计算是主要的基础方法。现代结构优化,

主要是指数值结构优化或计算机结构优化,其研究内容是把数学规划理论与力 学分析方法结合起来,以计算机为工具,建立一套科学的、系统的、可靠而又 高效的方法和软件,自动地改进和优化受各种条件限制的承载结构设计。

优化设计是设计者根据设计要求,遵循结构的类型和形式、工况、材料和 规范所规定的各种约束条件,利用数学手段,计算出若干个设计方案,按预定 要求从中选择出一个最好的方案。其模式是根据优化设计的理论和方法求解优 化模型,即进行结构分析、优化设计,再分析再优化反复进行,直到收敛为止。 只有这种设计才能使材料的分布达到合理的状态,从而使结构达到经济与安全 的要求^[1]。它突破了传统的结构设计格局,克服了经验、类比、简化计算等局 限,追求的是结构设计问题的"最优解"或者是"近似最优解"。这里所谓的"最 优",是相对于设计者预先规定的要求而言的,随着优化手段的发展和设计条件 的变化,最优的标准也会随之发生变动。

结构优化设计是一种更为现代。科学的设计方法。1960年, Schmit 首先引入数学规划理论并与有限元方法结合求解多种载荷情况下弹性结构的最小重量设计问题,形成了全新的结构优化的基本思想,这意味着现代结构优化技术的开始。与传统的结构设计相比,结构优化设计具有以下几个特点:

(1)设计思想是最优设计,需要建立一个反映设计问题的数学模型(目标 函数,约束条件和设计变量),

(2)设计方法是优化方法,其中的方案的参数调整是由计算机沿着使方案 更好更优的方向自动进行的。

(3)设计手段是计算机,随着计算机运算能力成级数的提高和发展,使得 从大量的计算和方案中选出"最优方案"成为了可能。

结构优化设计的目的在于寻求既满足使用要求又保证安全和经济的最佳结构,随着新型结构的出现和现有结构的日趋复杂,结构优化设计对提高工程结构的经济效益和功能方面有重大的实际意义和广阔的应用前景,但是结构优化设计是一门新兴的学科,其发展还处于初期,尚不完善,有待进一步的研究和实践应用^[2]。

1.2 结构优化设计的基本概念

在结构优化设计中,需要设计人员确定的一些参数以达到理想设计的结构 性能,这些以变量形式参与结构优化设计的参数被称为设计变量,设计者评价 设计"优劣"的标准称为目标函数。通常情况下,一个结构设计问题还必须满 足一些诸如几何、强度、刚度等限制条件,这些限制条件定义了设计变量空间 的可行域,所以被称为约束函数。在一个设计优化问题中,选择设计变量,确 定目标函数,列出约束条件,称为指定优化设计的数学模型。有了优化模型之后,还需要选择合适的优化方法,进行结构的优化设计。目标函数和约束函数 常常表示为设计变量的隐函数形式,而且这些函数的估计常常需要用包括有限 元法在内的数值模拟。

结构优化的数学模型包括目标函数和约束函数两部分,其数学表达式如下 所示:

minimize
$$F(x) = (f_1(x), f_2(x), \dots f_k(x))$$

s u b j e c tg $_i(x_0) \le 0, i = 1, 2, \dots m$ (1.1)

其中k为目标函数的个数, m为约束函数的个数。

对于结构优化问题,设计参数包括几何尺寸、形状或者结构拓扑等结构设 计参数。目标函数一般取结构的总重量、体积、造价、变形、承载能力、自振 频率和振幅等,其中最常用的是结构的重量和造价。采用不同的目标函数,得 出的优化结果自然会不同。所以确定优化问题的目标函数是结构优化设计的关 键环节。约束函数包括了诸如结构强度、刚度、稳定性的性态约束和诸如截面 尺寸、构造要求的几何约束。由于约束条件限制了结构优化问题的解空间,所 以正确和全面的描述约束函数是保证优化最终获得可靠结果的前提。

由于优化算法及其理论,都是数学工作者在脱离实际工程背景条件下发展研究出来的。所以很多算法只有在模型性态良好和特定条件下,才能获得稳定的收敛解,因此大量的相关文献都限于讨论连续型设计变量、单目标和确定性的优化问题上。但是现实客观世界的问题常常含有离散变量(特别是结构优化问题),目标函数不是一个而是多个,模型和相关参数经常是随机和模糊的,不能完全确定。可见模型和实际问题之间存在着非常大的区别,有些差异甚至是根本性的,如果忽略这些差异,过分简化的最优结果也不能为实际工程所采用。这是制约优化设计在时间结构设计中最大的阻碍因素。因此对已工程优化设计人员而言,首要的任务就是如何准确的将实际问题转化为合适的数学模型^[3]。

数学模型的建立是以最有问题的分类为前提的。最优化问题根据其中的变量、约束、目标、问题的性质、时间因素和函数关系等不同情况,可以分为多 种类型。

| 分类标准 | 变量性质 | 目标个数 | 约束情况 | 函数关系 | 问题性质 | 时间 |
|------|------|------|------|------|------|----|
| 米刑 | 连续 | 单目标 | 无约束 | 线性 | 确定性 | 静态 |
| 尖尘 | 离散 | 多目标 | 有约束 | 非线性 | 不确定性 | 动态 |

表 1-1 优化问题的分类

结构优化设计不但需要具备数学理论知识,同时也要熟练的掌握结构优化 方法。开发并利用结构优化设计程序与软件,才能使结构优化设计在工程实际

中普及。

1.2.1 连续变量和离散变量

在优化问题中,设计变量的取值有可能是连续的也可能是离散的。当变量 是在可行域内连续的时候,相对应的优化问题就是连续变量优化问题,反之亦 然。在大多数现有结构优化设计中,可行域一般是连续的,例如桁架尺寸优化 问题中的截面尺寸是在一定连续范围内选取。

但是,由于某些结构自身的性能、制造要求和标准化的规格限制等现实因 素,设计人员往往不能任意确定单元的尺寸,而是需要在一个预先给定的离散 集合之内选择现有的单元尺寸作为优化尺寸。这种设计变量的取值被限定于有 限个离散点的优化问题就是离散变量优化问题。

1.2.2 单目标和多目标

在优化设计中,如果目标函数唯一的话,这类优化问题就被称为是单目标 优化问题。在单目标优化问题中,目标函数和约束函数一般表示为设计变量的 隐函数形式,这一唯一的目标可以是结构的花费、材料的体积或者结构的重量, 还有可能是结构的柔度、节点位移、应力、自振频率和屈曲荷载等结构性能。

在现实中,大部分的优化问题是都需要使多个子目标在给定的区域上尽可 能实现最佳的多目标优化问题(Multi-objective Optimization Problem,MOP)。这些 目标之间往往是相互冲突的,例如优良性能结构可能就意味着总体造价的增加, 而造价的降低又经常是结构性能降低为代价的,因此就需要在这诸多目标之间 寻求一个平衡,找到折衷解。多目标有时候也被称为多准则、多属性或者多指 标、多目标的优化实际就是对多个子目标同时实施最优化。相比于单目标优化, 多目标不单单是目标函数的增加,在求解问题的时候往往难以得到或者根本得 不到问题的"绝对最优解",只能得到若干个"满意折衷解",也就是所谓的 Pareto 解。Pareto 最优这一概念自经济学领域诞生,这一概念十分符合多目标优化问 题的特点,在多目标优化方法的研究中具有里程碑式的意义。近些年发展出来 的多目标优化方法,绝大部分都是基于 Pareto 概念的多目标演化算法。

1.2.3 确定性与不确定性

工程结构设计问题的各项参数,包括材料属性、结构尺寸、外荷载等一般 被取为定值,这种设计就是确定性设计问题。对于确定性优化设计,求解出来 的最优点或者是最佳解,往往在设计变量或者设计参数微小扰动时,会造成违 反某些约束,导致结构质量波动甚至结构功能失效的现象。这些因素必须在设 计阶段就加以考虑。但是工程实际中存在大量的不确定性信息,例如结构本身 参数的离散性和荷载的随机性,如果采用传统的确定性优化模型进行优化,很 容易导致出现重大的结构工程事故。如何合理的处理各种不确定性信息一直是 工程优化设计领域的一个重要的、十分活跃的前沿问题。

1.3 结构优化方法与研究进展

结构优化设计的方法主要有传统的数学规划法、准则法和现代启发式算法, 对于具体的某种类型的问题还有一些特殊的处理方法,如在离散变量优化问题 中离散变量的连续化的处理方法、多目标优化问题中对多个子目标的处理方法 和对不确定性问题因素的处理方法等。传统的优化方法往往通用性差,效率不 高^[2,3]。

1.3.1 数学规划法

数学规划法是较早应用于离散事件动态系统的建模方法之一,其理论基础 是排队论和线性规划。采用排队论和线性规划等理论建立系统的模型可用于分 析系统的生产率、平均生产时间等问题,如 FMS(柔性制造系统)初步的定性分 析。数学规划问题可分为线性和非线性两种,结构优化设计中主要是非线性规 划问题。对于非线性问题,相应发展出的求解方法十分丰富。这些分析法往往 是以诸如稳态、独立性等假设为前提,而这些条件在实际中不一定能得到满足, 因而不能保证其分析结果的正确性。在应用方面有很大局限性。

(1) 直接搜索法

直接搜索法是直接比较按一定规则选择的若干点的目标函数值和约束函数 值来搜索最佳点的方法。适合于求解目标或者约束函数求导有困难的优化问题。 对目标函数和约束函数不必附加可解析性的条件,对于目标函数甚至不需要其 有显示表达式,只需要在计算点提供函数值即可。对于约束变量可以取离散值。 包括网格法、随机实验法、复合型法等都是直接搜索法。虽然这个方法很"原 始",但是在一般情况下,总能求得全局最优解。

(2) 解析规划法

解析规划法是一种利用目标函数和约束函数的导数来进行指导搜索方向和 决定步长的数学规划法。包括各类可行方向法等。利用函数的导数来指导搜索 这一做法可以有效地较少迭代次数,但是由于算法程序比较复杂,所以适用于 求解设计变量较多的问题。

(3) 序列逼近法

序列逼近法是在每次迭代过程中将复杂的一般非线性约束规划问题用已知简单的规划逼近的做法(线性规划的单纯形法、二次规划法或者是梯度投影法)。 其中包括序列线性规划法(SLP),用无约束规划逼近约束规划的序列无约束规划 法(SUMT)和二次规划法(SQP)。因为此法比较简单、适用范围广、易于编制程 序,所以在工程上应用较多。

(4) 特种规划法

指利用某些特殊规划的方法。如几何规划可用于目标函数和约束函数都是 正定多项式(指数为任意实数、系数全为正数的由变量幂的乘积函数组成的多 项式)的优化问题。动态规划适用于某些弱连接的可分段处理的问题。

1.3.2 力学准则法

工程结构优化设计力学准则法基本原则是充分发挥材料的强度潜力和贮能 (应变能)能力,实现等强度或等应变能密度状态,以达到用料最省和结构最 轻的目标。这符合传统的设计思路,其优点就是概念清楚,与过去的设计思想 相衔接,容易为工程设计人员所接受,算法简单,迭代收敛较快,且结构重分 析的次数与设计变量的数目无关,比较适合中小型和大型结构的优化设计。

力学准则法的缺点是有时得不到严格的最优解,而且不能用于具有其他目标函数的结构优化问题。①处理不同类型的结构问题需要导出不同的优化准则; ②处理不同性质约束的结构优化问题较为困难,并且有时也难以保证收敛性。 只能寻求结构的最小体积或者近似最小体积设计,当结构各部分的容重大体一致时,最小体积设计就等于或者接近最轻设计。

结构优化的准则法有:满应力准则法、满约束准则、能量准则法、演化结构优化算法等。

(1) 满应力准则法

满应力设计遵循的是等强度准则,也就是对一个既定的结构布局,通过调整结构构件的截面尺寸,使得各构件承受荷载的能力得以充分发挥。但是在结构受到多种不同荷载的情况下,一般不会出现每个构件在每种荷载下都达到满应力的状况。对静定结构,满应力设计等价于结构最轻设计,即相当于最优解。并且,此时满应力解即是数学不动点理论中的不动点。对于非静定结构,满应力解就不一定是最轻设计了,并且由于杆的内力已是设计变量的函数,随设计变量的变化而变化,故需多次迭代求解,而结果仍然是近似解。

(2) 满应变能准则法

结构在受到荷载的作用时,各部分都储藏了应变能。满应变能的设计思想

就是结构中单位体积的应变能达到材料强度的允许最大值时,结构的重量最轻。 也就是材料的分布和结构各处的应变能是成正比例的。对于桁架结构而言,各 杆的储能能力充分得以发挥,也就意味着得到了最优化的结果。而材料的储能 的能力实际上又和材料的强度和刚度是紧密联系的。所以这个能量准则往往和 满约束准则是相一致的。

(3) 演化结构优化算法

演化结构优化算法(Evolutionary Structural Optimization ESO)ESO 算法是 近年来提出的一种结构优化算法,它可以应用于多个领域。这一算法将无效或 者低效的材料逐步除去,最终实现结构的优化。在土木工程方面,利用 ESO 算 法可以寻找结构最优的拓扑形状,指导结构的设计。不仅可以应用于杆单元, 还能拓展到平面单元和体单元中。但这种算法存在先天的局限性,即无法保证 它所得到的解是最优解。所以通常会和其他算法结合使用。

1.3.3 现代启发式算法

随着算法理论的进一步发展和与其他学科的交叉借鉴,以及现代土木结构 的复杂性增强和相关分析的提高,在传统优化方法之外,近年来还出现了一些 基于物理学、生物学和人工智能理论的算法,这些具有全局优化性能、鲁棒性 强、通用性强且适于并行处理的现代启发式(meta-heuristic)算法得到了发 展,因其高效的优化性能、无需问题特殊信息等优点,已广泛用于计算机科学、 优化调度、运输问题、组合优化、工程优化设计等领域,也被广泛引入到结构 优化设计中。现代启发式算法的各种具体实现方法是相对独立提出的,相互之 间有一定的区别。

与传统的算法相比, 启发式算法有以下主要优势:

- (1) 对函数的解析性质要求很低甚至不作要求
- (2) 在一般情况下,算法能否收敛到全局最优解和初试解无关。
- (3) 算法的全局搜索能力强。
- (4)算法的适用广泛,可以有效地解决不同类型的优化问题。 但是启发式算法也存在着一些不足之处,主要表现在以下几点:
- (1)缺乏普遍适用的算法收敛性理论,完备的计算收缩效率及时空复杂度理论 评价体系。
- (2)没有建立起完备的算法结构框架。算法的理论基础还不能清楚地解释算法 在应用过程中出现的各种问题。
- (3)诸如群体规模、进化代数、重组概率、变异率等算法相关参数的选择凭经验选取,且对算法操作算子的作用机理及作用效果的分析仍不充分。 由于各类算法的研究机制和侧重点不同,使得研究成果相当分散。

从历史上看,现代启发式算法主要有:禁忌搜索算法(TS)、模拟退火算法(SA)、蚁群算法(ACO)、人工神经网络(ANN)、进化算法(EA)、进化规划(EP)、遗传算法(GA)、进化策略(ES)、粒子群算法(PSO)、大爆炸算法(BB-BC)等。



图 1.1 基于方法的现代启发式算法分类^[3] 图 1.2 基于编码方式的现代启发式算法分类^[3]

(1) 模拟退火算法^[4](Simulatied Annealing Algorithm, SA)

模拟退火算法来源于固体退火原理:将固体加温至充分高,再让其徐徐冷却,加温时,固体内部粒子随温升变为无序状,内能增大,而徐徐冷却时粒子渐趋有序,在每个温度都达到平衡态,最后在常温时达到基态,内能减为最小。 算法就是模拟了以上固体的退火过程,根据 Metropolis 准则,采用一组称为冷却进度表 (Cooling Schedule)的参数控制算法过程,从而得到近似最优解。因为 采用梯度和二阶导数矩阵,所以不要求函数的连续性和可微性。这一算法用于 结构优化设计,虽然不能保证得出的是全局最优解,但是可以提供较优的结果。 (2) 蚁群算法^[5,6] (Ant Colony Optimization ,ACO)

蚁群算法又称蚂蚁算法,是一种用来在图中寻找优化路径的机率型算法。 它由意大利学者 Marco Dorigo 模拟真实蚁群,于 1992 年在他的博士论文中提 出,其灵感来源于蚂蚁在寻找食物过程中发现路径的行为。该方法具有正反馈、 分布式计算和富于建设性的贪婪启发式搜索的特点。蚂蚁是一种社会性很强的 昆虫,整个蚁群能表现出高度的复杂性。蚂蚁能在很短的时间内找到食物与蚁 穴的最短距离,蚂蚁信息系统的发达促使了蚂蚁完成觅食的自然优化过程。蚂 蚁能在其经过的食物源和蚁穴之间留下一种信息素,蚁群内部就是依靠这个信 息素来进行路线的相互交流和调整。初步的研究表明该算法具有许多优良的性 质.数值仿真结果表明,蚁群算法具有一种新的模拟进化优化方法的有效性和应 用价值。

(3)免疫算法^[7] (Immune Algorithm, IA) 免疫算法是基于免疫系统的一种学习算法,是人工免疫系统研究的主要内 容之一。免疫算法和免疫系统的理论与应用的研究历史较短。相关理论最早可 追溯到 1958 年澳大利亚学者 Burnet 提出的克隆选择原理。1996 年,在日本举 行了基于免疫系统的国际专题讨论会,首次提出了"人工免疫系统"的概念。 这一算法具有良好的系统应答性和自主性,对干扰具有较强维持系统自平衡的 能力。此外,免疫算法还模拟了免疫系统独有的学习、记忆、识别等功能,具 有较强模式分类能力,尤其对多模态问题的分析、处理和求解表现出较高的智 能性和鲁棒性。

(4) 进化算法^[7] (Evolutionary Algorithm, EA)

进化算法是一类模拟生物进化过程和机制求解问题的自组织、自适应人工 智能技术,是一种具有"生成+检测"(generate-and-test)的迭代过程的搜索算法, 以体现群体搜索和群体间个体之间信息交换的两大策略的交叉和变异算子,为 每个个体提供了优化的机会,从而使这个群体在优胜劣汰(survival of the fittest) 的选择机制下保证进化的趋势。算法包括遗传算法、进化程序设计、进化规划 和进化策略等等,该算法的研究工作起源于 20 世纪 60 年代,Holland 针对机器 学习问题发展的遗传算法(GA),Fogel 对于优化模型系统提出的进化规划(EP), 以及 Rechenberg 和 Schwefel 对于数值优化问题提出的进化策略(ES),普遍应用 和关注始于 20 世纪 80 年代之后。进化算法的基本框架是简单遗传算法所描述 的框架,但在进化的方式上有较大的差异,选择、交叉、变异、种群控制等有 很多变化,较传统的搜索算法使用更为方便、鲁棒性更强,是现代有关智能计 算中的关键技术之一。在实践中,这一算法最明显的缺点就是收敛问题,常出 现收敛速度过慢和未成熟的收敛现象。所以对进化算法的发展运用,主要是对 其自身算子的改进和丰富,还有就是和其他算法的交叉,以形成更优的算法。

(5) 粒子群算法^[8](Particle Swarm Optimization Algorithm, PSO)

粒子群优化算法是 1995 年由 Eberhart 博士和 kennedy 博士提出的一种群 智能算法,源于对鸟群捕食的行为研究。PSO 同遗传算法类似,是一种基于随 机迭代的优化算法。系统初始化为一组随机解,通过演化迭代搜寻最优值。但 是它没有遗传算法用的交叉(crossover)以及变异(mutation),而是称为粒子的可 能解在解空间追随最优的粒子进行搜索。每个粒子都有一个适应值和一个根据 群体的最佳经验得出的速度来调整自身在多维空间的飞行方向,从而搜寻全局 最优解。同遗传算法比较,PSO 的优势在于,具有记忆功能,粒子之间的信息 可以共享,算法简单,容易实现并且没有许多参数需要调整。目前已广泛应用 于函数优化,神经网络训练,模糊系统控制以及其他遗传算法的应用领域。最 大的缺点就是收敛速度慢、耗时较长。

(6) 遗传算法^[7] (Genetic Algorithm,GA)

遗传算法是一类基于达尔文进化论和 Mendal 的遗传学说的启发式全局优

化算法,是由美国的 J.Holland 教授于 1975 年首先提出的。通过对生物界的进 化规律(适者生存,优胜劣汰遗传机制)的借鉴,借用了自然选择、遗传、变 异等原理,实现每个个体适应度的提高,由于仿照基因编码的工作很复杂,所 以往往进行二进制编码简化,最末一代中适应度最高的个体经过解码,就可作 为近似最优解。它其主要特点是直接对结构对象进行操作,不存在求导和函数 连续性的限定;具有内在的隐并行性和更好的全局寻优能力;采用概率化的寻 优方法,能自动获取和指导优化的搜索空间,自适应地调整搜索方向,不需要 确定的规则。此外,遗传算法基于种群这一概念,所以可以实现并行搜索寻优, 具有高效的全局优化能力。自 1993 年后即被应用到结构优化设计领域,相关文 献众多。

1.4 本文内容安排

本文共分6章,各章的内容简介如下:

第一章:绪论。简单回顾了结构优化设计的基本概念和发展。介绍了传统 算法和启发式算法的各自特点与不足。

第二章:免疫理论的生物学基础和人工免疫系统概述。分别简要介绍了免疫系统的组成、功能、工作机制和特点。之后对人工免疫系统相关概念和发展 历程做了简要说明回顾。

第三章:多目标优化。简介传统和现代的多目标优化方法。

第四章:基于非支配邻域选择的多目标免疫算法(NNIA)。引入基于非支配 邻域的免疫算法这一新型的启发式算法。介绍这一算法的原理和运行机制流程。 并且采用无约束测试函数进行数值测试。

第五章: 基于桁架多目标的免疫算法优化设计。采用 NNIA 算法, 针对桁架结构设计中连续和离散两种不同的变量类型进行数学建模和编程设计, 分别建立基于最小重量(或体积)和控制点最小位移这两个性能指标的桁架双目标优化数学模型。对几种典型桁架进行数值优化模拟,结果与现有文献所提出的算法结果进行比较,证明运用于复杂桁架连续和离散多目标优化问题中都是可行的和有效的。

第六章:结论与展望。

1.5 本文主要工作内容

本文的主要研究工作可以概述如下:

(1)介绍结构优化问题的基本概念,概述国内外的研究现状。针对传统结

构优化设计中算法通用性差、效率不高、无法进一步有效求解优化等各种问题,本文将基于非支配邻域选择的多目标免疫算法(NNIA)这一新算法,引入到桁架结构优化设计中。

(2)采用 NNIA 算法,针对桁架结构设计中连续和离散两种不同的变量类型进行数学建模和编程设计,分别建立基于最小重量(或体积)和控制点最小 位移这两个性能指标的桁架双目标优化数学模型。对几种典型桁架算例,在多 工况、多约束条件下开展多目标问题的数值优化模拟。

(3)数值模拟的结果与现有文献所提出的算法结果进行比较。由分析可知: 本文算法求得的解集不但能够迅速逼近真实的 Pareto 最优前沿,而且能保证在 该前沿均匀分布。同时,多目标优化的非支配解集中含有非常接近于相同条件 下求得的单目标最优化结果的非支配解。由此验证出本文引入的 NNIA 算法不 但能够克服以往算法在求解桁架结构问题中的诸多不足,而且具有更佳的收敛 性和优越性,将其运用于复杂桁架连续和离散多目标优化问题中都是可行的和 有效的。

第2章 免疫学与人工免疫系统概述

生物免疫系统是人们免疫系统的结构与工作原理的思想来源和机理基础, 为了更深入理解人工免疫系统,需要对生物免疫学的相关概念有一定的了解。 本章简要介绍一下生物免疫系统的原理。

2.1 免疫系统介绍

生物体是一个复杂的巨大系统,其信息处理功能是由时间和空间差异极大的三个子系统共同协作完成的,即:脑神经系统、免疫系统和内分泌系统。其中的免疫系统是动物抵御有害外来物质侵害的防御系统,动物一生都始终处于复杂多变的、充满挑战和伤害的自然环境中,个体和种群能够进行正常的生命活动,存活延续下来,免疫系统起着非常重要的作用。免疫系统利用自身非常有限的资源,能够十分有效的对付数量惊人到几乎无限的不同种类的病毒侵害,这一特性引起人们特别的重视。免疫系统是一个极其复杂的自适应系统,其复杂功能堪比人体的大脑,它具有诸如模式识别(抗体识别抗原)、学习(初次响应并记住抗原)、记忆获取(再次响应,提取首次响应的信息)、多样性(抗原的多样性以对应种类更多的抗体)等多种功能^[10]。

近代免疫(IMMUNE)这一概念是指机体对"自己"和"非己"的识别并 排除异己的功能。具体的说,免疫就是机体识别和排除抗原性物质,以维持自 身生理平衡和稳定的功能。

2.1.1 免疫系统的组成

免疫系统是人体抵御病原菌侵犯最重要的保卫系统,它是一套完整的主宰 和执行机体免疫功能的体系,是机体发生免疫应答的物质基础。这一系统是由 免疫器官和组织、免疫细胞和免疫分子三部分组成^[7]。免疫系统分为固有免疫 和适应免疫,其中适应免疫又分为体液免疫和细胞免疫。

免疫器官是由中枢免疫器官和外周免疫器官组成。中枢免疫器官由骨髓和 胸腺组成,鸟类还包括其特有的法氏囊结构,执行的功能为生成免疫细胞并使 其分化和成熟。骨髓是主要的造血器官,也是生成多能干细胞的生成地,其中 的淋巴系干细胞在骨髓中分化为功能性 B 细胞,而在胸腺中分化为可进行免疫 应答的 T 细胞。外周免疫器官由脾、淋巴结、黏膜系统等组成,成熟的淋巴细胞和 B 淋巴细胞在此发生免疫应答过程。

免疫细胞指的是所有参与免疫应答或相关的各类细胞。免疫细胞主要有两 大类,一类是淋巴细胞,主要是T淋巴细胞和B淋巴细胞,这类细胞对抗原的 反应有明显的专一性,所以是主要细胞,分别发挥细胞免疫和体液免疫的效应; 第二类细胞是单核巨噬细胞,它具有摄取抗原、处理抗原、并且将处理后的抗 原以一定方式呈递给淋巴细胞的功能,这一类细胞可以发挥非特异性免疫效应。

免疫分子在免疫系统的发育、免疫细胞的活化和免疫应答中都起着非常重要的作用。免疫分子主要包括免疫细胞膜分子,例如抗原识别受体分子、分化抗原分子、主要组织相容性分子及一些其他受体分子等;也包括由免疫细胞和非免疫细胞合成和分泌分子,如免疫球蛋白分子、补体分子和细胞因子等。它们在诱导和调节免疫方面也发挥着非常重要的作用^[11]。



图 2.1 免疫系统的组成^[7]

2.1.2 免疫系统的功能

机体在长期进化的过程中,受到病原生物的压力,适应性的生成了两套免疫机制:天然免疫(innate immunity)和获得性免疫(adaptive immunity)。天然免疫也就是非特异性免疫,是机体在接触外来侵染物之前就已经存在的免疫性,是机体先天就有的,而且始终存在的防御机制。获得性免疫,即特异性免疫,是机体与外来侵害物接触(称为免疫作用)之后才获得的免疫。从生物进化来看,只有脊椎动物才有获得性免疫,而且是随着进化日趋完善的,而天然免疫的机制在无脊椎动物和脊椎动物中都有^[12-13]。

免疫实际上是一种特异性的生理反应,通过识别和排除抗原性异物维持机体内环境的稳定。机体的免疫功能是在淋巴细胞、单核细胞和其他有关细胞及 其产物的相互作下完成的。免疫系统主要三种功能如下:

| 功能 | 正常表现 | 异常表现 | |
|-----------------------|---------------|-------------------------------------|--|
| 免疫防御 | 抵御和消除病原微生物和其他 | 初御后应(过度) | |
| (immune defense) | 抗原的侵袭 | 旭敏区应(包皮) | |
| 免疫自稳 | 清除损伤或者衰老的细胞,免 | 免疫缺陷病(不足) | |
| (immune homeostasis) | 疫网络调节免疫应答 | 自身免疫疾病 | |
| 免疫监视 | 防止、清除突变或者畸变的恶 | 肺病尖出 共速定表成为 | |
| (immune surveillance) | 性细胞或者持续性病毒感染 | / / / / / / / / / / / / / / / / / / | |

表 2.1 免疫功能的分类及生理和病理反应

现代免疫学认为,机体免疫功能是对抗原刺激的应答,免疫应答(immune response,IR)其实就是指机体免疫系统受到抗原刺激之后,淋巴细胞特异性识别抗原分子发生活化、增生、分化或者无能、凋亡,进而表现出一定生物学效应的全过程。淋巴细胞对抗原的特异性识别能力受到遗传基因的控制,并且在个体发育的过程中形成。免疫耐受和免疫记忆都属于免疫应答的范畴。

免疫应答最基本的生物学意义是识别"自己"和"非己",并清除"非己" 的抗原性物质,以保护机体免受抗原异物的侵袭。但是在某种情况下,免疫应 答也可能对机体造成伤害,并且引起超敏反应性疾病或者其他免疫相关性疾病。

机体免疫应答的类型取决于抗原的质与量,以及机体的免疫功能状态和反 应性。正常情况下,机体对"非己"抗原产生正应答,以免遭到外源性抗原的 侵害;机体对自身抗原则产生负应答(即免疫耐受),以保护组织器官不受到自 身免疫系统的攻击而受到损伤。上述二者均属于生理性免疫应答(免疫保护)。 但是在异常情况下,机体对"非己"抗原可以产生过强应答、过弱应答或者负 应答,前者导致超敏反应的发生,后者导致免疫功能低下或者缺失,从而造成 严重的微生物感染或肿瘤的发生;若对自身抗原产生正应答,则导致自身免疫 疾病的发生。此均为病理性免疫应答(免疫损伤)。

2.1.3 免疫系统的工作机制

免疫系统是高等动物机体内最为复杂的系统之一。虽然目前对这一系统的 研究已经取得了不少可喜的成果,并且对其基本的工作原理和机制有了一定的 了解,但是仍然有许多没有解决和认识到的领域需要进一步研究和探索^[7,10-13]。

以下就是免疫系统一些基本工作机制的简单介绍:

(1) 抗原识别: 抗原识别也就是免疫系统区分"自我"和"非我"的过程。

B 细胞通过阴性选择具有了自体耐受能力,因此就具备了这一能力,通过和抗原接触,来匹配抗原上面的抗原决定基,产生回馈信息,以激发免疫应答。在抗原识别过程中,受体和抗原决定基之间的结合不需要实现完全匹配,只要亲和度超过一定水平就可以激活应答,这种识别被称为非精确识别(Imperfect Recognition, IR)。免疫系统的这一特性使得其具备非常高的识别效率和良好的泛化识别能力。免疫系统中的 B 细胞种类只能维持在10⁵ 左右的水平上,但是却可以识别10¹⁶种以上的不同潜在抗原,非精确识别是主要原因。

(2)初次应答: 在受体识别抗体之后, 免疫系统进入细胞的分化和活化阶段, 系统选择适应度高的 B 细胞进行克隆分化。T 细胞的抑制作用、B 细胞之间的排斥作用和低适应度的 B 细胞自动消亡共同维持了免疫体系的平衡。在这个动态的平衡中, B 细胞通过高频变异不断进行自我调整, 产生更多的新 B 细胞群, 以进一步产生适应度高的抗体。免疫系统的效率极高, 可以以 1000 万/ 每天的速度生成新的 B 细胞, 只需要 10 天就可以产生全新的指令系统, B 细胞的高频变异, 以及抗体的非精确识别和细胞产生之前的基因重排, 都造就了免疫系统的超级识别能力。

(3) 二次免疫应答: 在抗体识别的过程中,记忆 B 细胞也参与其中,如若某些记忆 B 细胞可以和抗原匹配,产生较高的亲和度,则免疫系统直接进入 克隆选择阶段,不再复制其他无关的 B 细胞,只允许引起应答刺激的 B 细胞大 量复制,直接产生高亲和度的抗体,这被称为二次免疫。

(4)克隆选择过程:经过初次应答之后,免疫系统恢复到动态平衡中。当 某种 B 细胞的适应度达到更高的水平时,系统就开始克隆选择过程,被选中的 B 细胞大量繁殖,并伴随着 B 细胞的突变达到新的平衡状态。之后这些高适应 度的细胞一部分分化为记忆细胞,起到储存记忆的功能,以针对二次免疫应答, 其余的分化为浆细胞,产生抗体行使免疫的功能。

2.1.4 免疫系统的特点

免疫系统是目前所知的最为复杂的机体系统之一,像一支精密的军队,24 小时昼夜不停地保护着生物体的健康。如果没有免疫系统的保护,即使是一粒 灰尘就足以置人于死地。根据医学研究显示,人体百分之九十以上的疾病与免疫 系统失调有关。而人体免疫系统的结构繁多而复杂的,并不在某一个特定的位 置或是器官,相反它是由人体多个器官共同协调运作完成的。这一系统具备很 多特性,而也正是这些特性才吸引并启发着研究人员得出新的原理,开发相应 的人工免疫系统模型和算法,进行信息处理和求解各领域的问题。

生物免疫系统的特性有:

(1) 自适应性:免疫系统具有识别新型病毒或首次入侵机体病毒的能力, 这是免疫系统在生物进化过程中有效对抗外部环境变化的保证。免疫系统识别 新型抗原是免疫的第一阶段响应,这是一个自我识别的过程,体现了免疫系统 的智能性。

(2)记忆性:免疫记忆是免疫系统一个非常特别的特点,当机体接触过某种抗原之后再次接触相同抗原的时候,抗体出现的潜伏期较初次应答明显缩短,引起比初次免疫更强的、高亲和度的抗体产生的现象。免疫系统检测到新抗原时,B细胞的免疫记忆能力就得以充分发挥,以实现再次遇见时的迅速识别。

(3)多样性:由于免疫细胞在增值过程中发生基因突变,所以形成了免疫 细胞的多样性。这一特性保证了任意一种抗原入侵机体时,免疫系统都可以找 到可识别和消灭此种抗原的免疫细胞,并且使其激活、分化和迅速增值,进行 相应的免疫应答,最终清除抗原。此外,每个个体都有一个独一无二的免疫系统,这使得生物群体中的免疫系统表现为多样性。这有效的保证了整个种群在 受到某抗原的攻击时,只会出现某些个体的溃败死亡,而不会出现整个种群的 生存危机。可见多样性可以大大增强个体和群体的鲁棒性。

(4)分布性:免疫系统不是一个单独存在的组织或者器官,它是由广泛分 布在机体各部分的细胞、组织和器官共同构成的集合体,通过局部相互作用的 基本单元实现对全局的保护,并没有像神经系统那样明显的集中控制。这一特 性也是针对抗原分布性的特性发展出来的,而且这一分布特性也有效的保证了 免疫体系在局部受损的情况下,不会出现整体功能失效的问题。由于免疫应答 机制是通过局部细胞的交互产生作用,不存在集中控制,所以也强化了其自适 应性。

(5)动态性: 生物体并不是静态的,淋巴细胞在人和高等动物体内不断循 环和再生,这使得免疫保护体现出动态的特性。因为免疫细胞的生存期和生物 体相比非常短暂,所以旧有的细胞会被新产生的细胞所取代,这使得免疫细胞 具有多样性,这也扩展了免疫系统的免疫范围。

(6)多重性: 生物免疫系统是通过多层保护的方法来抵御外来侵害的。例 如人体的免疫系统就有三道防线来保护人体免受外界侵害。第一道防线是由皮 肤和黏膜构成的,他们不仅能够阻挡病原体侵入人体,而且它们的分泌物(如 乳酸、脂肪酸、胃酸和酶等)还有杀菌的作用。第二道防线是体液中的杀菌物 质和吞噬细胞 这两道防线是人类在进化过程中逐渐建立起来的天然防御功能, 生来就有。多数情况下,这两道防线可以防止病原体对机体的侵袭。第三道防 线主要由免疫器官(胸腺、淋巴结和脾脏等)和免疫细胞(淋巴细胞)组成, 是人体在出生以后逐渐建立起来的后天防御功能,特点是出生后才产生的,只 针对某一特定的病原体或异物起作用。

2.2 人工免疫系统

2.2.1 人工免疫系统的相关基本术语

人工免疫系统主要借鉴了生物免疫系统的信息处理机制,发展出新的算法, 从而为复杂问题的解决提供了新的思路;因此在人工免疫系统中完全套用了生 物学的定义,照搬生物学过程,是不可能也不必要的。为了更好的描述人工免 疫系统算法,以下介绍并阐述常用的几个免疫学术语及其在人工免疫系统中的 含义^[7,14]:

定义 2.1. 抗原: 在人工免疫系统中,一般是指问题及其约束,与进化算法中的适应度函数相似。具体是问题目标函数的函数,是人工免疫系统算法的使动因子和重要的度量标准。

定义 2.2. 抗体:在人工免疫系统中一般指问题的候选解,与进化计算中的 个体相似,抗体的集合是抗体群。在实践中,抗体一般是以编码的形式出现的, 常用的编码有二进制和十进制两种。

定义 2.3. 抗体-抗原的亲和力: 抗体对抗原结合力的大小常用亲和力表示, 以反映抗体的单个结合部位和单价抗原(或者表位)的结合力。在人工免疫系 统中,用这一概念来表示抗体不同位置(编码)对抗原(或者目标函数)的影 响。

定义 2.4. 抗体-抗原的亲合力:反映整分子抗体与抗原之间的总的结合力。 在人工免疫系统中,一般是指候选解对应的目标函数的值或者候选解对问题的 适应性度量。

定义 2.5. 抗体-抗体亲合度:反应抗体和抗体间的结合能力。在人工免疫 系统中,一般指候选解之间的距离,对于二进制编码一般采用海明距离,而实 数编码一般采用范数,而多数是欧几里得距离。

定义 2.6. 疫苗: 是根据进化环境或者待求问题的先验知识,所得到的对最 佳个体基因的估计。

定义 2.7. 免疫优势点: 抗原决定簇的基因不是同等重要的, 其中主要起作用的被称为免疫优势(immune dominance)位点。免疫优势位点是抗体与抗原相互作用中产生的, 免疫优势位点决定了在自然选择中哪一种抗原将面临更大的压力, 免疫优势点的产生和作用都是一个动态的过程。具体的, 对人工免疫系统而言, 确定免疫优势位点就是利用先验知识获取关于抗体编码的信息。

定义 2.8. 记忆单元:在人工免疫系统中,记忆单元是指由特定抗体组成的 抗体群,用于保持物种多样性,一求解过程中的最优解。

定义 2.9. 克隆: 生物的增生过程。在人工免疫系统中的克隆算子是基于克

隆选择学说,充分结合了选择、扩展、变异和交叉的综合算子。

定义 2.10. 单克隆抗体:单克隆的杂交瘤细胞产生的只针对某一特定的抗 原决定簇的抗体,具有特异性、产量高、纯度高等特点,被称为单克隆抗体 (monoclonal antibody, McAb)。在人工免疫系统中,将不含抗体交叉(重组) 操作的克隆算子称为单克隆算子。

定义 2.11. 多克隆抗体: 抗原组分具有高度的异质性, 传统上通过接种动物获得的免疫血清或者抗血清是多种抗体的混合物, 称为多克隆抗体 (polyclonal antibody, PcAb)。它是由多株 B 细胞及其子代在多种抗原决定簇的刺激下产生的。这种多克隆抗体存在着特异性差、效价低、数量有限、动物间 个体差异大、难以重复制备等固有缺陷, 许多场合下难以尽如人意。在人工免疫系统中, 将含有抗体交叉(重组)操作的克隆算子称为多克隆算子。

2.2.2 人工免疫系统的发展与现状

人工免疫系统作为一种模仿自然免疫系统功能的智能方法,实现了一种受 生物免疫启发,通过学习外界物质的自然防御机理的学习技术,提供了噪音忍 耐、无教师学习、自组织、记忆等进化学习机理,是生物计算的新领域。由于 免疫学的理论发展、生物仿生学的成功,计算机科学研究界掀起了对智能计算 的研究热潮。作为智能计算的一个重要分支,近几年来对免疫原理深入研究。 人工免疫系统已经被成功的应用于多个领域。许多的研究工作表明,人工免疫 系统是一个有效的计算模式,能够对许多问题提供合理、有效的解决办法,并 得出可以接受的结果。

相较于具有 300 年以上历史的免疫学,人工免疫系统还十分年轻。20 世纪 70 年代,Jerne^[15]首先提出了人工免疫系统的网络假说,并以此开创了独特型网 络理论。独特型网络理论为人工免疫系统之后的应用和发展提供了理论指导, 并随后发展为人工免疫的基础理论之一。Famer 等人(1986 年)率先基于免疫 网络学说给出了免疫系统的动态模型,并且讨论了免疫系统与其他人工智能方 法的联系,开始了人工免疫系统的研究^[16],为人工免疫系统的实际应用指明了 方向。直到 1996 年 12 月,在日本首次举行了基于免疫性系统的国际专题讨论 会,首次提出了"人工免疫系统"的概念。这一领域才进入到迅速发展阶段。

由于免疫系统本身比较复杂,因此人工免疫系统模型的研究相对较少。 Jang-Sung Chu(1998)等介绍了免疫算法的数学模型和基本步骤,阐述了它与其 他优化算法相比的优点,指出免疫算法在求解某些特定优化问题方面优于其他 优化算法,有广阔的应用前景^[17]。A Tarakanov(2000)等建立了一个比较系统的 人工免疫系统模型,并且改进之后用于解决加里宁格勒生态学地图集的复杂计 算^[18]。目前,两个比较有影响 ide 人工免疫网络模型是 Timmis 等的资源受限人

工免疫系统^[19]和 De Castro 等人的 aiNet^[20,21]。De Castro 和 Timmis(2002)提出被 称为 opt-aiNet 的人工免疫网络算法以解决多模态优化问题。在 opt-aiNet 中, 抗 体作为免疫网络的一部分,个体被克隆还是被限制或者是被维持原状,都取决 于免疫网络的交互作用。Garrett(2004)曾试图将所有参数都从克隆选择算法中移 除。这种算法,被缩写为 ACS,即试图在单独迭代中实现变量参数的自我进化。 Cutello 和 Nicosia 为解决优化问题,提出了一种被称为 opt-IA 的免疫算法(Cutello 等, 2004; Cutello, Narzisi, Nicosia 等, 2005)。opt-IA 采用了三种免疫算子, 即克 隆、突变和老化。突变算子中,变异的个数取决于变异的潜在可能性。老化算 子限制了老化个体的存在,从而避免了早熟。Opt-IA 同时也采用了标准的进化 算子,即(μ + λ)选择算子。对于多目标优化而言,MISA(Coello 和 Cortes, 2002, 2005)也许就是第一个试图通过人工免疫算法解决一般多目标的优化问题。 MISA 解决决策变量是通过二进制字符串编码、克隆 Pareto 最优解和可行解, 并且分别对克隆个体和其他个体采用了不同的两种变异方法。此后 Forrest^[22] 又提出了阴性选择算法,他的工作对人工免疫系统在信息安全领域的应用具有 十分重要的意义。随后的研究者不断受到免疫学基本原理的启发,在提出新算 法和新模型的同时,改进已有算法并将算法引入到实际工程中,这极大促进了 人工免疫系统的发展。

近期, Freschi 和 Repetto(2005)提出一种基于 opt-aiNet 的向量人工免疫系 统(VAIS)以解决多目标优化。VAIS 应用的是 opt-aiNet 的流程图,简化了 SPEA2 算法之中适应度的分配方法,即将非支配个体的适应度是 SPEA2 中定义的强度,而被支配个体的适应度就是支配其个体的支配个体的数目。Cutello, Narzisi 和 Nicosia(2005)通过采用两种免疫激励算子、克隆和变异,调整了(1+1)-PAES,并且使用改进得了 PAES 解决了蛋白质结构的预测问题。

焦李成等人(2005)提出一种解决多目标问题的算法,被称为免疫优势克隆 多目标算法(IDCMA),IDCMA 将当前支配个体的适应度值作为自定义的距离测 度值,也就是支配个体和现有的一个非支配个体之间的距离,称其为抗体-抗体 间的亲和力。根据抗体-抗体之间的亲和力取值,所有的支配个体(抗体)被划分 为子支配抗体和隐秘抗体两类。启发式搜索只适用于亚优势抗体,此时的隐秘 抗体不但是冗余的,而且在搜索过程中不起作用,但是在随后的演变进化转变 为亚优势抗体(活性抗体)。但是最近发现采用了二进制表示和具备基于支配个 体选择的抗体——抗体亲和度的 IDCMA,不能有效收敛于真实的 Pareto 最优 前沿,而对于一些例如 DTLZ(Deb,Thiele 等,2002)比较复杂的问题,难以获得 良好分布的解。所以通过采用实值表示、新型选择技术和种群获取策略修正了 现有的 IDCMA 之后,相应获得了 NNIA 算法。

早期的人工免疫系统都是多学科合作的方法开发的,主要受到免疫学理论

的启发。近些年,人工免疫系统在形式上越来越多样化,在方法上越来越新颖, 在应用范围上也越来越广泛;但是他们的设计方式已经与早期的研究有很大的 差别,在理论上也没有突破,与生物学即免疫系统机制和免疫学理论渐行渐远, 较少在深入理解关键的免疫系统生物学性质上进行开发设计。借助隐喻开展研 究和设计是当前多数人工免疫系统的基本特征。也有少数工作理解隐含的免疫 性质,使用建模技术建立人工免疫系统^[23]。

| 算法 | 适应度分配 | Z度分配 关键组成部分 | | |
|-----------|------------------|-------------------------------|--------------|--|
| CLONALG | 优化目标函数 | 精英选择、克隆、变异和死亡 | 单目标优化问题 | |
| Opt-aiNet | 优化目标函数,两个体间的欧 | 精英选择、克隆、变异、网络抑制 | 单目标优化问题 | |
| | 几里得距离。 | 和死亡 | | |
| ACS | 优化目标函数 | 精英选择、克隆、变异和死亡 | 单目标优化问题 | |
| opt-IA | 优化日标函数 | $(\mu + \lambda)$ 选择、克隆、突变、宏观 | 前日た代化词题 | |
| | 加化自你函数 | 突变、老化 | 平口你优化问题 | |
| | 目标函数和帕累托支配关系, | 基于适应度和多样性的精英选择、 | | |
| MISA | 两个体间的欧几里得距离。 | 克隆、均匀变异、非均匀变异、存 | 多目标优化问题 | |
| | | 档更新 | | |
| VAIS | 帕累托优化个体的适应度为 | 古隆 变显 古隆选择 抑制 死 | 多目标优化问题 | |
| | SPEA2 定义的强度,被支配个 | 广和友 档 再新 | | |
| | 体的适应度是支配个体数。 | 山和行妇丈利 | | |
| I-PAES | 前更长去配关系 | 克隆、变异、克隆选择、(1+1)选择 | 译 多目标优化问题 | |
| | 帕系兀乂乱大尔 | 和存档更新 | | |

表 2.2 由免疫系统启发而产生的主要优化算法[24]

正是由于对免疫激励的认识不足,所以有关免疫算法的研究主要集中在利 用免疫机理对其他算法进行改进,以生成新算法的工作上,如免疫-遗传算法、 免疫-神经网络等等,关于人工免疫系统本身的算法研究并不多。一方面,由于 人工免疫系统的研究还处在起步阶段;另一方面,由于免疫机理本身的认识有 限,甚至免疫学家对一些免疫现象的认识和描述仍存在困难和分歧,这样给人 工免疫系统的借鉴并不多,所以导致了在模型建立,算法等方面都还存在一系 列的问题,这导致了人工免疫系统现在还没有统一的基本框架。目前对人工免 疫系统的理论研究,主要集中在人工免疫网络模型和人工免疫算法两个方面。

客观的说,人工免疫系统的相关算法是在 1997 年之后才提出的,而且这些 算法几乎都是针对特定问题而言的,对算法计量估计、收敛性证明等深刻而具 有普遍意义的研究成果还很少,所以仍有待发掘。随着人们对免疫系统的认识 不断深入,会有更多的免疫机制得到应用。2008 年召开的第七届人工免疫系统 国际会议收录的一些文章已经体现出这一趋势。

2.3 本章小结

本章分别简要介绍了免疫系统的组成、工作机制、功能和特点,对人工免疫系统的相关基本术语和发展也做了比较简要的说明。

第3章 多目标优化设计

3.1 引言

在单目标优化问题中,往往只需使结构达到某一个特定目标就可以了,比 如在结构优化设计中,人们经常关注的结构一次性投资问题,所以结构的单目 标优化过程,实际上是围绕着结构材料总的消耗量或者结构体总重量作为优化 目标进行的。而在现实生活应用中,人们实际会遇到试用多个目标在给定区域 上尽可能实现最佳的优化问题。例如在桁架设计过程中,不但要考虑到结构体 系要具有较好的性能,还要保证造价在可承受范围之内足够低,同时还要顾及 到结构的可建造性、可靠性和可维修性等方面。但是实际上这些设计目标大多 数是相互抵触的,性能好的结构往往造价不会低廉,而造价较低的结构通常结 构性能不会好到哪里去,因此,不存在一个可以使得诸多目标全都满足的最优 结构,必须在这些结构设计目标之间获取一个折衷的结果。而比如投资问题, 投资者都希望投入的资金量小,风险尽可能小,而获得的收益最大化。这种多 于一个的数值目标在给定区域上的最优化问题就被称为多目标优化问题 (multi-objective Optimization Problem, MOP)。多目标也被称为多准则、多属性 或者多指标,目标还分为总目标和子目标,多目标优化就是对多个子目标同时 采取最优化。

通常多目标优化问题,要比单目标问题(Single-objective Optimization Problem, SOP)困难。因为单目标优化问题的最优解一般可以清楚的定义,而对于多目标优化问题,由于存在潜在的相互冲突的多个子目标,通常不存在一个对所有目标都是最优的解,而是一组均衡解,也就是所谓的 Pareto 最优解集。Pareto 最优的概念最早是由意大利的经济学家帕累托(Vilfredo Pareto)于 1897年在研究资源配置时提出的,他认为最优状态标准应该是:在某种既定的资源配置状态,任何改变都不可能使至少一个人的状态变好,而又不使任何一方的状况变坏。

对于单目标的优化问题,很多传统的算法都可以有效解决,但是却很难解 决多目标的优化设计问题。采用传统的思想求解多目标优化问题的方法主要有 两种:一种是设定权重因子将所有的目标加权求和;另外一种方法就是每次只 考虑一个目标,而将其他的目标转换为约束条件。上述方法明显的缺点是,当 各个相互矛盾的目标所占的比重不同时,为了得到每种情况下的最优设计结果, 需要多次重复计算。另外,传统的算法多利用的是梯度信息指导搜索过程,因
此容易陷入局部最优解。对于带有离散设计变量的优化问题则很难用传统的算法有效的求解。然而利用数值算法求解多目标优化问题,并不存在上述的困难。

在过去的几十年中,土木结构系统的优化设计研究主要集中在单目标优化 问题上,目标函数主要是结构材料的用量(体积、重量或者费用)^[25]。近来,研 究利用有效的数值算法来求解结构多目标优化设计问题,得出考虑多个目标函 数优化问题,得出考虑多个目标且符合设计要求的优化设计解集,成为了结构 优化设计领域的一个热门方向。本文拟将基于非支配邻域选择的算法(NNIA)应 用于桁架结构的多目标优化,通过典型桁架结构的优化并与其他算法进行比较, 以评价该算法用于桁架结构多目标优化设计的效果。

1 多目标优化问题中的一些基本定义

通常在多目标优化领域广泛采用、被普遍接受的 MOP 相关定义如下:

定义1. 全局最优解(Global Minimum)

给定一个函数 $f: X \subseteq R^n \to R, X \neq 0$,对于 $x \in X, f^* \triangleq f(x^*) > -\infty$ 被称为全局最小值,当且仅当 $\forall x \in X: f(x) \leq f(x^*)$,则 x^* 为全局最小解(集),f为目标函数,而集合X为可行域($X \in S$),其中S代表全体搜索空间。

定义 2. 一般多目标优化问题(MOP)

不失一般性,考虑下列多目标优化问题模型:

minimize
$$y = F(x) = (f(x), f_2(x), \dots, f_k(x))$$
 (3-1)

subject to
$$g_i(x) \le 0, \ i = 1, 2, ..., m$$
 (3-2)

其中,

$$x = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in \mathbf{X}$$
, (3-3)

$$y = (y_1, y_2, \dots, y_n) \in Y$$
, (3-4)

$$\mathbf{X} = \{ (x_1, x_2, \dots, x_n) \mid l_i \le x_i \le u_i, i = 1, 2, \dots, n \},$$
(3-5)

$$\mathbf{L} = (l_1, l_2, \dots, l_n) \tag{3-6}$$

$$\mathbf{U} = (u_1, u_2, \dots, u_n) \tag{3-8}$$

一般的 MOP 由*n*个决策变量参数,*k*个目标函数,*m*个约束条件组成。其中X表示决策空间,*x*表示决策变量向量。L和U分别为变量取值的下界和上界,Y表示目标函数空间。由于有多个目标函数,"最优"的概念发生了变化,因为 MOP 算法的目的是要得到一个最佳折衷解集,而不是寻找一个唯一的全局最优解。最一般的"最优"概念是由 Francis Ysidro Edgeworth^[26]首先提出的,后来又被 Vilfredo Pareto^[27]所推广。尽管与写作者称为这个概念为Edgeworth-Paret 最优^[28],而人们通常称其为 Pareto 最优。本文的所有讨论都是基于上述多目标优化问题模型展开的。

定义 3. Pareto 最优性(Pareto Optimality)

点 x^* ∈ X 被称为 Pareto 最优,如果对于任意的 $x \in X$ 和 $I = \{1, 2, ..., k\}$ 都有:

$$\forall_{i \in I} \left(f_i(x) = f_i(x^*) \right) \tag{3-9}$$

或者,至少存在一个 $i \in I$ 使得 $f_i(x) > f_i(x^*)$ 。

此定义可以描述为: 在不同时增加任何一个其他指标的情况下,不可能存 在可行的向量 *x* 使得某些指标变小,即称 *x*^{*} 为 Pareto 最优^[29]。如果没有明确说 明, "Pareto 最优"均指的是对于全体决策变量空间而言的。

定义 4. Pareto 支配 (Pareto Dominance)

对于向量 $u = (u_1, u_2, ..., u_k)$ 和被称为支配向量的 $v = (v_1, v_2, ..., v_k)$,如果有下 列条件成立:

$$\forall i \in \{1, 2, ..., k\} \ u_i \leq v_i$$

$$\exists i \in \{1, 2, ..., k\} \ u_i < v_i$$
 (3-10)

则称向量u支配(Dominance)向量 $v(表示为u \prec v)$

定义 5. Pareto 最优解(Pareto Optimal Solution)

 $x^* \in X$,如果当且仅当不存在 $x \in X$,使得v = F(x)优于 $u = F(x^*)$,则称 x^* 为决策空间 X 上的一个 Pareto 最优解,也称为非支配解(Non-dominated Solution)。

定义 6. Pareto 最优集(Pareto Optimal Set)

对于给定的 MOP
$$f(x)$$
, Pareto 最优集 p 可定义为:

$$p = \left\{ x \in \mathbf{X} | \overline{A}\overline{P}\overline{e}x^* \in \mathbf{X}, \overline{e}\overline{P}F(x^*) \prec F(x) \right\}$$
(3-11)

定义 7. Pareto 前沿(Pareto Front)

Pareto 最优集相应的目标函数集合

$$F(p) = \{ u = y = f = (f_1(x), f_2(x), \dots, f_k(x)) | x \in p \}$$
(3-12)
就被称为是 Pareto 前沿。

根据以上定义可知,求解多目标优化问题的目的就是求出 Pareto 最优集, 然后由决策者根据相关信息、要求或者偏好确定一个折衷解(也被称为妥协解, Compromise Solution)。

总的来说,包含 Pareto 前沿(点、线或面)的解析表达式,通常是不可能得到的。生成 Pareto 前沿的常规程序是计算 Pareto 最优解以及它们在目标空间中的对应关系,当具备足够多的这种点时,就可以生成近似的 Pareto 前沿。Pareto 最优解集也被称为是非支配集、容许集或者是有效集^[30],它们所对应的目标空间的向量被称为非支配向量。当然,专家设计的一些特殊的多目标测试函数在

理论上是存在解析解的,它们常常被用来测试某些多目标算法的性能。

过去的几十年里,多目标优化问题取得了丰硕的成果。与单目标优化问题 具有一个最优解不同,多目标优化问题不能同时得到每个目标函数的最优解, 这些优化目标之间往往是相互抵触的。因此多目标优化问题的求解思想与单目 标问题的不同,很多原本能求解单目标优化问题的算法在多目标优化问题中并 不适用。因此,关于能有效求解多目标优化问题的优化技术的开发成了多目标 优化领域的基本工作。

一个成功的多目标优化算法应当能实现以下几点:

(1) 可以获得一个尽量接近 Pareto 前沿的非支配解集;

(2) 可以使得该解集尽可能分散,这样可以避免解聚拢现象的出现。

3.2 传统的多目标优化方法

传统的优化技术一般应用数学规划法来解决结构优化设计问题^[25,31]。优化 准则法则通过拉格朗日乘子来考虑相关设计的约束条件,并应用 Kuhn-Tucker 条件来完成优化。在线性规划法中,目标函数和约束条件应当是设计变量的线 性函数。相反,非线性规划法则处理目标函数或约束条件为设计变量的非线性 可微函数的问题。然而,传统方法常常在本质上存在缺陷,例如一种方法求解 某一问题特别有效,但是该方法却对其他问题束手无策。所以有必要寻找一种 对多目标优化问题更加有效特殊的优化算法。另外,在传统的优化算法中,设 计变量常常被假定为连续的。但是在实际优化问题中,常常需要其他数值技术 来处理离散设计变量或连续一离散混合设计变量的情况,包括分支定界法、整 数规划法、连续线性化、数值修约等^[32]。在传统方法中,优化过程一般为:在 设计空间的可行域中确定一个初始设计变量,然后应用基于灵敏度分析的搜索 和更新方法来提高优化设计的成果。这种逐点搜索过程很可能会陷入局部最优 解。

由于大部分传统优化方法只能得到一个最优解,所以这些优化方法本身只 能处理单目标优化问题。为了解决多目标(有可能相互矛盾的)问题,不得不 将原始的多目标问题转化为一系列等价的单目标优化问题,最终得到一组各个 优化目标之间相对折衷的优化解。这类优化技术中,*ε*-约束法和加权法是两种 最具代表性的方法。

(1) ε-约束法:这是一种不限于 Pareto 最优前沿凸部的方法,对于具有 k个子目标的多目标函数,每次只任意选择一个目标作为优化目标,而同时将剩余的 k-1个设计目标转化为约束条件;然后就等于是求解不同约束条件下的单

目标问题,最终得到一组各自情况下的最优解。采用这一方法的困难在于如何确定约束值,尤其是约束的上下限。Fu和Frangopol^[33,34]应用这种技术进行了桁架与框架结构的优化设计。

其模型如下:

minimize
$$y = f(x) = f_h(x)$$
 (3-13)

subject to $e_i(x) = f_i(x) \ge \varepsilon_i$, $(1 \le i \le k, i \ne h)$ $x \in X_f$ (3-14)

其中 ε_i 作为下界可在优化设计过程中取不同值,以发现多个 Pareto 最优解。

(2)加权法:首先设定各个优化目标的权重系数,然后将各个优化目标的 加权总合作为一个合成的优化目标函数。这样处理后,多目标优化问题也就变 成一个单目标优化问题,设定不同的权重组合系数,可以得到多个不同的最优 解。Sarma 和 Adeli^[35]进行了钢结构的造价优化设计。这种方法需要考虑各种权 重组合的情况,以便得到这些折衷解的完全分布。传统的优化技术常常基于逐 点搜索来寻找优化解,所以就需要进行多次的优化计算,每次运算产生一个所 考虑的多目标优化问题的一个折衷解。

实际上就是通过线性组合将 MOP 转换成单目标问题:

minimize
$$y = f(x) = w_1 f_1(x) + w_2 f_2(x) + \dots + w_k f_k(x)$$
 (3-15)

subject to
$$x \in X_f$$
 (3-16)

其中 w_i 为权重,不失一般性,通常可以正则化为 $\sum w_i = 1$,求解不同权重后输出一组解。

采用上述两种方法求解多目标优化问题时,为了尽可能多的得到问题的可 行解,需要花费巨大的运算量。然而,如果新的一组折衷解比初始的折衷解好, 就应该将新的解作为现阶段的最优解。

古典方法的优点在于继承了求解单目标优化的一些成熟算法的机理。但是 对于大规模问题,这些多目标方法很少真正被用到。原因在于:为了获得 Pareto 最优解集必须独立进行多次优化,每次得到的结果往往离散性较大,而且要花 费很多时间。

一些古典方法,如加权法求解多目标问题时,对 Pareto 最优前端的形状很 敏感,不能处理前端的凹部。求解问题所需的与应用背景相关的启发式知识往 往不能获得,导致无法正常实施优化。

最近十多年来,一些进化算法在多目标优化求解方面取得了非常丰硕的结果。其优点在于基于种群的并行计算可以处理大规模的搜索空间、在单轮优化 期间可以产生多个非支配解,克服了古典算法的局限性。

3.3 现代多目标优化算法

相对于传统方法求解多目标优化问题的不足,进化算法则可以有效地进行 多目标优化问题的求解。进化多目标优化算法大致包括以下几种:以 Goldberg^[36] 的非支配排序思想为基础的第一代进化多目标优化算法,如 MOGA^[37]、NSGA^[38] 和 NPGA^[39]等;以及以 SPEA^[40]、SPEA2^[41]、PAES^[42]、PESA^[43]、PESA-II^[44]、 NSGA-II^[45]等引入了精英保留机制为代表的第二代进化多目标算法。其中 NSGA-II 是迄今为止较为优秀的进化多目标优化算法之一^[46],该算法提出了拥 挤距离的概念,并引入了精英保留机制,经选择后参加繁殖的个体所产生的后 代与其父代个体共同竞争来产生下一代种群,因此有利于保持优良的个体,提 高种群的整体进化水平。

近年来,一些新的智能算法被引入多目标优化领域。如粒子群优化、蚁群 优化算法、人工免疫系统、微分演化算法和大爆炸算法等被用于求解多目标优 化问题。还出现了许多交叉智能算法以求解多目标优化进化算法,如 Coello Coello 等人提出的 MOPSO^[47]、MISA^[48]、焦李成和公茂果等人提出的免疫优势 克隆多目标算法(IDCMA)^[49]和非支配邻域免疫算法(NNIA)^[24]。

3.4 本章小结

本章对多目标优化问题进行了简要的说明。同时也简要说明了传统和现代 多目标优化问题所采用的策略和方法。

第4章 基于非支配邻域选择的多目标免疫算法

4.1 相关词汇说明

非支配邻域免疫算法(NNIA)是一种采用了基于非支配邻域选择的新算法, 包括免疫启发算子、两种启发式搜索算子和精英主义策略。NNIA 的独一无二 的选择方法即在种群中选择少数分离的非支配个体。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,NNIA 更多关注于当前折衷前沿不那么拥挤的 区域。

本文中,免疫学方面的命名和定义如下所示。 (1) 抗体和抗体群

对于多目标优化问题(MOP)

$$\begin{cases} \max F(x) = (f_1(x), f_2(x), \dots, f_k(x))^T \\ subject \quad to \quad x \in \Omega \end{cases}$$

$$(4.1)$$

此处的 $x = (x_1, x_2, ..., x_m)$ 是决策向量, Ω 是可行域, $k \ge 2$, 抗体 $b = (b_1, b_2, ..., b_l)$ 是变量 x 的编码, 记为b = e(x), x 被称为是抗体b 的解码, 表示 为 $x = e^{-1}(b)$ 。在 NNIA 中, 采用的是实值表示, 也就是b = e(x) = x, 所以l = m, $b \in \Omega$ 。一个抗体种群表示为:

$$\mathbf{B} = (b_1, b_2, \dots, b_l), \quad b_i \in \Omega, \quad 1 \le i \le n$$

$$(4.2)$$

抗体b是一个n维的集,此处的正整数n是抗体群B的大小。 (2) 支配抗体

对于多目标(MOP)的公式,抗体 b_i 是抗体群 $B = (b_1, b_2, ..., b_l)$ 中的支配抗体, 有且仅有,不存在抗体 $b_i \in B$ 满足以下公式:

$$\forall p = 1, 2, \dots, k \quad f_p\left(e^{-1}\left(b_j\right)\right) \ge f_p\left(e^{-1}\left(b_i\right)\right) \land$$

$$\exists q = 1, 2, \dots, k \quad f_q\left(e^{-1}\left(b_j\right)\right) \ge f_q\left(e^{-1}\left(b_i\right)\right)$$

$$(4.3)$$

所以支配抗体是种群B中的非支配个体。在本文中,我们将支配抗体集表 示为D,并且用具有不同后缀的d表示支配抗体。

为了说明抗体、抗体群和优势抗体的概念,我们如下给出了一个简单的例

子。对于一个多目标问题,如果具有一个属于可行域 Ω 的向量 $x_1 = (0.5, 0.2, 4.5)$, x_1 是 MOP 的一个备选解,相应的抗体被表示为 $b_1 = (0.5, 0.2, 4.5)$ 。如果 $b_1 = (0.5, 0.2, 4.5)$, $b_2 = (0.7, 0.6, 4.7)$, $b_3 = (0.2, 0.6, 6.1)$ 是三个抗体,则集合 $\mathbf{B} = \{\mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2, \mathbf{b}_3\}$ 是一个大小为3的抗体群。在抗体群 $\mathbf{B} = \{\mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2, \mathbf{b}_3\}$ 中,如果 b_2 和 b_3 都不支配 b_1 ,那么 b_1 则是抗体群 B的支配抗体。

(3) 拥挤距离

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(Deb,Pratap 等,2002)^[53]。对于多 目标而言,一个支配抗体d∈D的拥挤距离按照如下给出:

$$\zeta(\mathbf{d}, \mathbf{D}) \stackrel{\circ}{=} \sum_{i=1}^{k} \frac{\zeta_i(\mathbf{d}, \mathbf{D})}{f_i^{\max} - f_i^{\min}}$$
(4.4)

此处的 $f_i^{\text{max}}, f_i^{\text{min}}$ 是第 i 个目标的最大值和最小值,而且

$$\zeta_{i}(\mathbf{d}, \mathbf{D}) = \begin{cases} \infty, \text{if } f_{i}(d) = \min\{f_{i}(d')| d' \in \mathbf{D}\} & \text{or } f_{i}(d') = \max\{f_{i}(d')| d' \in \mathbf{D}\}\\ \min\{f_{i}(d') - f_{i}(d'')| d', d'' \in \mathbf{D} : f_{i}(d') < f_{i}(d) < f_{i}(d'')\} \end{cases}$$
(4.5)

否则基于拥挤距离 $\zeta(d,D)$,可以估计种群D中优势抗体d周围的密度,如果 $\zeta(d,D) > \zeta(d',D)$, $d,d' \in D$,则d是不太拥挤的个体,d相比于d'位于折衷前沿不太拥挤的区域。

4.2 算法的描述

本部分了描述一种新型的多目标优化算法---- NNIA 算法。NNIA 算法将已 搜索到的非支配个体都储存在被称为支配种群的外部群集之中。只有一部分被 称为活性抗体的拥挤度较低的非支配个体才会被选中进行成比例的克隆、重组 和静态突变(Cutello 等,2004)^[50]。此外,被储存用以克隆的种群被称为是克隆种 群。支配种群、活性种群和克隆种群在时间*t* 时分别用随时间变化的变量矩阵 D_t、A_t和C_t表示。NNIA 的主循环如下所示:

算法1: 非邻域免疫算法

输入: G_{max} 最大迭代次数; n_D 支配种群的最大规模; n_A 活性种群的最大规模; n_C 克隆种群的最大规模。

输出: D_{Gmax+1} Pareto 最优集的最终近似解。

第一步:初始化形成规模为 n_D 的初始抗体群 B_0 ,创建 $D_0 = \phi, A_0 = \phi, C_0 = \phi$ 。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})。如果 DT_{t+1} 的大小比 n_D 小,使得 $D_{t+1}=DT_{t+1}$ 。否则,计算 DT_{t+1} 中所有个体的拥挤距离值,并且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 $t \ge G \max$,将 D_{t+1} 作为算法结果输出,结束;否则t = t+1。

第四步:基于非支配邻域的选择:如果 D_t 的规模比 n_A 小,使 $A_t=D_t$ 。 否则计算 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,按比例正比克隆,获取克隆种群C,。

第六步:重组与变异:在集合C_t和C'_t中执行重组和变异,到结果种群中。 第七步:通过结合C'_t和D_t,获得抗体群B_t;回到第二步。

当支配抗体个数多于限值,并且支配种群的规模大于活性种群时,采用基 于截断选择的拥挤距离,减少支配种群和活性种群的规模。比例克隆、重组和 变异算子分别如下所述。

4.2.1 比例克隆

在免疫学中,克隆意味着无性繁殖,一个完整的细胞群可以由一个单一的 共同祖先生成,例如细菌群落,其所有成员都是一个单一的原始细胞有丝分裂 之后的结果。本文中,作用在活性种群 $A = \{a_1, a_2, ..., a_{|A|}\}$ 的比例克隆 T^c ,被定 义为:

$$T^{C} = \left\{ a_{1} + a_{2} + \dots + a_{|A|} \right\} = T^{C} \left(a_{1} \right) + T^{C} \left(a_{2} \right) + \dots + T^{C} \left(a_{|A|} \right)$$

$$= \left\{ a_{1}^{1} + a_{1}^{2} + \dots + a_{1}^{q1} \right\} + \left\{ a_{1}^{1} + a_{1}^{2} + \dots + a_{1}^{q2} \right\}$$

$$+ \dots + \left\{ a_{|A|}^{1} + a_{|A|}^{2} + \dots + a_{|A|}^{q|A|} \right\}$$

(4.6)

此处**T**^C(a_i)={ $a_i^1 + a_i^2 + ... + a_i^{q_i}$ }, $a_i^j = a_i$, i = 1, 2, ..., |A|, $j = 1, 2, ..., q_i$, q_i 是自适应参数,表示+不是算术运算符,只是在此分隔开每个抗体。 $q_i = 1$ 表示的是对抗体 a_i 没有克隆。

在本文中,对于拥挤距离更大的个体,复制的次数也相应更多,因此具有 更大拥挤距离的个体的q_i也更大。因为边界解的拥挤距离趋近于正无穷,所以 在计算每个活性个体的q_i值之前,事先设定目标空间中边界个体的拥挤距离等



图 4.1 比例克隆示意图

同于除了边界个体之外活性抗体拥挤距离最大值的两倍。因此*q_i*的取值计算如下:

$$q_{i} = \left[n_{c} \times \frac{\zeta(a_{i}, \mathbf{A})}{\sum_{j=1}^{|\mathbf{A}|} \zeta(a_{j}, \mathbf{A})} \right]$$
(4.7)

此处 $\zeta(a_j, \mathbf{A})$ 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。 例如,问了解决一个两目标优化问题,活性种群中有五个抗体,相应的目标函数值是(1.0,0),(0.9,0.2),(0.6,0.4),(0.2,0.7),(0,1.0)。所以五个个体的拥挤距离分别为2.4,0.8,1.2,1.2,2.4,如果 $n_c = 40$,那么 $q_1 = \left[40 \times \frac{2.4}{2.4 + 0.8 + 1.2 + 1.2 + 2.4} \right] = 12$,那么 $q_2 = 4$, $q_3 = 6$, $q_4 = 6$, $q_5 = 12$ 。 要注意的是此处采用了正向取整的函数(ceil),所以克隆种群规模 $\sum_{j=1}^{|\mathbf{A}|} q_i$ 有时候比 n_c 的预期值要大。但是随着优势种群和非支配领域选择的后续更新,确保了优势种群和活性种群分别不大于 n_D 和 n_A 。

图 4.1 是比例克隆的示意图。所有处于亚群 {*a*_i¹,*a*_i²,...,*a*_i^{*a*_i}}的抗体都是对抗体 *a*_i的克隆结果,并且与*a*_i具有相同的属性。事实上,对抗体 *a*_i的克隆是对 *a*_i的 多次复制。这意味着,个体拥挤距离越大,个体复制次数更多。因此,在折衷 前沿的非拥挤区域还存在着更多的搜索机会。

4.2.2 重组和突变

如果 $C = (c_1, c_2, c_3, ..., c_{|C|})$ 是采用比例克隆 $A = (a_1, a_2, a_3, ..., a_{|A|})$ 之后获得的 种群,对克隆种群C的重组 T^R ,如下定义表示:

$$T^{R}\left(c_{1}+c_{2}+c_{3}+\ldots+c_{|C|}\right) = T^{R}\left(c_{1}\right)+T^{R}\left(c_{2}\right)+\ldots+T^{R}\left(c_{|C|}\right)$$

= crossover(c₁, A)+crossover(c₂, A)+\cdots+crossover(c_{|C|}, A) (4.8)

此处 crossover(c_i , A), i = 1, 2, ..., |C|说明,不论是从通过一般交叉算子克隆 c_i 形成的子代,还是从A中随机选择活跃抗体生成的子代,这两个子代种群中对某一个体的选择具有相同的可能性。

本文在重组后第克隆种群采用了静态突变算子(Cutello 等,2004)^[50]。Cutello 等人于 2004 年设计了三种突变方法,即静态突变(突变个数与适应度取值相互独 立),比例突变(突变个数与适应度取值成比例),反比突变(突变个数与适应度取 值成反比)。选择静态变突变理由如下:

1. 重组之后对克隆种群使用突变算子,如果选择了比例突变和反比突变, 需要计算克隆种群中所有个体的适应度值。在 NNIA 的各个不同阶段,支配个 体并非都具有适应度,因此,除非采用与适应度无关的变异算子,否则就需要 在突变算子下给支配个体设定一个适应度分配策略。

 为降低复杂性,需要估算的适应度应该越少越好。假设已定义一个适合 于比例突变或者是反比例突变的适应度分配策略,那就意味着在变异之前,需 要计算所有重组克隆的适应度值。

3. Cutello 等人(2004)的实验性研究表明,在解决陷阱函数问题时,发比例 突变仅仅比静态突变和比例突变的结果稍好一点。但是如果不考虑多个算子的 组合问题,静态突变在解决蛋白质结构预测问题时,可以获得这三种突变算子 中最好的解。

因为以上原因, NNIA 采用了静态突变算子。如果 $\mathbf{R} = (\mathbf{r}_1, \mathbf{r}_2, \mathbf{r}_3, ..., \mathbf{r}_{|\mathbf{R}|})$ 是重组 之后的克隆种群, 那么种群 \mathbf{R} 的静态突变算子 \mathbf{T}^{H} 可定义为:

$$T^{H}\left(\mathbf{r}_{1}+\mathbf{r}_{2}+\mathbf{r}_{3}+\ldots+\mathbf{r}_{|\mathsf{R}|}\right) = T^{H}\left(r_{1}\right)+T^{H}\left(r_{2}\right)+\ldots+T^{H}\left(\mathbf{r}_{|\mathsf{R}|}\right)$$

$$= mutate\left(r_{1}\right)+mutate\left(r_{2}\right)+\ldots+mutate\left(\mathbf{r}_{|\mathsf{R}|}\right)$$
(4.9)

此处 $mutate(r_i)$, $i=1,2,...,|\mathbf{R}|$,表示用一般变异算子,以突变概率为 p_m 对变矢量 r_i 每个元素进行变异。所以克隆种群 R 中的每一个个体在每一步都要经受 $m \times p_m$ 的变异。此处的m是变矢量的维数。

4.2.3 适应度分配与种群进化

NNIA 采用了一些众所周知的技术:诸如将先前搜寻到的非支配个体储存 在外部集合中,或者是在不破坏折衷前沿特性的前提下减少储存的非支配个体 数目。此外,NNIA 采用了一种新型的选择技术。在 NNIA 中,为了精英主义 策略,支配种群集被作为外部种群。优势种群个体的适应度值被指定为是拥挤 距离的值。这是对目标空间顶点附近最近邻域形成的矩形周长的估计值。因此 选择偏向于那些具有更高隔离值的个体。只挑选部分具有较高拥挤距离的非支 配个体(远远少于已知的非支配个体个数)。克隆、重组和突变只适用于那些被 选中的个体(活性抗体)。所以在一次迭代中,只有那些拥挤距离较小的个体才 采用启发式搜索,从而在折衷前沿拥挤度较低的区域获得更多解。相反的, NSGA-II^[45]中基于非支配邻域选择和比例克隆使得不那么拥挤的个体具有更多 的重组和突变机会。在时间t内,一次迭代进化的种群如图 4.2 所示。

4.2.4 计算复杂性

通过对 NNIA 的分析可以揭示算法的计算复杂性。假设优势种群的最大数 目为 n_D ,活性种群的最大个数为 n_A ,克隆种群规模 n_C ,算法一次迭代的时间复 杂度如下计算所示:

种群中对非支配个体识别的时间复杂性为 $O((n_D + n_C)^2)$;支配种群更新的 最劣时间复杂度表示为 $O((n_D + n_C)\log(n_D + n_C))$;基于非支配邻域选择的最劣时 间复杂度是 $O(n_D\log(n_D))$;克隆的时间复杂性为 $O(n_C)$;重组和突变的时间复杂 度为 $O(n_C)$ 。所以最差时间复杂性之和为

 $O((n_D + n_C)^2) + O((n_D + n_C)\log(n_D + n_C)) + O(n_D\log(n_D)) + 2O(n_C)$ (4.10) 根据符号 *Q* 的运算规则, NNIA 的一次迭代最差时间复杂度可以简化为:

 $O((n_D + n_C)^2)$ 。所以对种群中非支配解个体的识别的难度控制着 NNIA 算法的复杂性。



图 4.2 NNIA 种群进化

4.3 采用无约束测试函数的数值测试

Deb(1999)^[51]介绍了设计多目标测试函数的系统方法。Zitzler(2000)^[52] 遵循这些步骤设计了六个非常著名的无约束测试函数,其中的五个(ZDT1, ZDT2,ZDT3,ZDT4和ZDT6)已经成为文献中的经典算例^[53]。这五个测试函 数分别代表了不同类型的优化问题,且均为求最小值的双目标函数。具体描述 见下表:

| 名称 | 维数 <i>n</i> | 边界 | 目标函数 | 最优解 | 问题类别 |
|------|-------------|---|--|---|------------|
| ZDT1 | 30 | [0,1] | $f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{\frac{x_1}{g(x)}} \right]$ $g(x) = 1 + \frac{9}{n-1} \sum_{i=1}^{n} x_i$ | $x_1 \in [0,1]$ $x_i \in 0$ i = 2,,n | д |
| ZDT2 | 30 | [0,1] | $f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \left(\frac{x_1}{g(x)}\right)^2 \right]$ $g(x) = 1 + \frac{9}{n-1} \sum_{i=1}^{n} x_i$ | $x_1 \in [0,1]$ $x_i \in 0$ i = 2,,n | 非凸 |
| ZDT3 | 30 | [0,1] | $f_{1}(x) = x_{1}$ $f_{2}(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{\frac{x_{1}}{g(x)}} - \frac{x_{1}}{g(x)} \sin(10\pi x_{1}) \right]$ $g(x) = 1 + \frac{9}{n-1} \sum_{2}^{n} x_{i}$ | $x_1 \in [0,1]$ $x_i \in 0$ i = 2,,n | 凸, 不连续 |
| ZDT4 | 10 | $x_1 \in [0,1]$ $x_i \in [-5,5]$ i = 2,,n | $f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{\frac{x_1}{g(x)}} \right]$ $g(x) = 1 + 10(n-1) + \sum_{2}^{n} \left(x_i^2 - 10\cos(4\pi x_1) \right)$ | $x_1 \in [0,1]$ $x_i \in 0$ i = 2,,n | 非凸 |
| ZDT6 | 10 | [0,1] | $f_{1}(x) = x_{1}$ $f_{2}(x) = g(x) \left[1 - \left(\frac{f_{1}(x)}{g(x)}\right)^{2} \right]$ $g(x) = 1 + \frac{9}{n-1} \sum_{2}^{n} x_{i}$ | $x_1 \in [0,1]$ $x_i \in 0$ $i = 2, \dots, n$ | 非凸, 不均匀 |

表 4.1 无约束多目标测试函数[54]

各自分别独立迭代 500 代之后,以上五种测试函数得出在目标空间中种群 收敛的 pareto 前沿。收敛的图形如图 4.3 到 4.7 所示。 可以从这些图直观的看出:各个无约束测试函数中,NNIA 所得的解均可以均匀的收敛在 Pareto 最优 前沿上。



图 4.5 测试函数 ZDT3 收敛图示



4.4 本童小结

本章对基于非支配邻域选择的多目标算法(NNIA)进行了算法的说明和相 关无约束测试函数的数值检测。这一算法采用了免疫启发算子、两种启发式搜 索算子和精英策略。在 NNIA 中,非支配个体的适应度值被作为拥挤距离进行 处理。选择作用于非支配个体,仅选择少数相互独立的个体按照拥挤距离的大 小按比例克隆、重组和变异。

NNIA 通过仅选择少数具有更大拥挤距离的非支配个体作为活性抗体和进行比例克隆、重组与只限活性抗体的突变,模拟了免疫学的这一机制。加强了在活性抗体附近的局部搜索能力,而这些活性抗体都是目标空间中拥挤度比较小的个体。数值测试结果体现了这一算法对搜索能力具有明显提高。

第5章 基于桁架多目标的免疫算法优化设计

5.1 有约束桁架结构的多目标优化数学模型

以n杆桁架结构系统为研究对象,该系统基本参数(包括弹性模量、材料、 密度、最大允许应力、最大允许位移等)已知,在给定的工况下,在一定面积 区域内找出合理的截面面积,比如优化结构总重量最轻的同时,也使其他目标 尽量达到最优,则该问题就变成了多目标优化设计问题。如果取结构总重量最 轻与控制节点的位移最小,则该优化问题就变成了二目标优化问题。

基于非支配邻域选择的多目标算法(NNIA)只能解决无约束的多目标问题。 为了解决有约束的问题,这里采用了罚函数法,也就是在程序中加入称为罚函 数的*F*(*x*,*M*)。其中*M* 为足够大的正数,起"惩罚"作用,称之为罚因子,它可以 将有约束最优化问题转化为求解无约束最优化问题。

在优化问题中,设计变量的取值有可能是连续的也可能是离散的。当变量 是在可行域内连续的时候,相对应的优化问题就是连续变量优化问题,反之亦 然。在大多数现有结构优化设计中,可行域一般是连续的,例如桁架尺寸优化 问题中的截面尺寸是在一定连续范围内选取。设计变量是连续的情况,其数学 模型可以由以下的一系列数学公式所表示出来:

 $\overline{\mathfrak{R}} A = [A_1, A_2, \cdots, A_n]^T$

min
$$f_1 = W = \sum_{i=1}^n \rho_i A_i L_i$$
 (5.1)

$$\min \quad f_2 = u_{jl} \tag{5.2}$$

s.t.
$$g_i^{\sigma}(A) = [\sigma_i] - \sigma_i \ge 0$$
 $(i = 1, 2, \dots, K)$ (5.3)

$$A_{\rm m \, i \, n} \leq A \leq A_{\rm m \, a} \tag{5.4}$$

式中: $A = [A_i, A_2, \dots, A_n]^T$ 为设计变量, n为变量连接后杆件的组数, W为结构的重量, $L \, \cdot \, A_i \, \cdot \, \rho_i$ 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, $[\sigma] \, \cdot \, \sigma_i$ 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为各工况下节点 j在给定方向l上的位移值; K为杆件数, $A_{min} \, \cdot \, A_{max}$ 为杆件截面尺寸约束的下限与上限。

但是,由于某些结构自身的性能、制造要求和标准化的规格限制等现实因

素,设计人员往往不能任意确定单元的尺寸,而是需要在一个预先给定的离散 集合之内选择现有的单元尺寸作为优化尺寸。这种设计变量的取值被限定于有 限个离散点的优化问题就是离散变量优化问题。

针对于桁架结构优化问题中截面积的可行域是离散的情况,本文引入一个 函数 h(a),采用的数学模型也可以如下表示出来:

 $\overline{\mathfrak{R}} A = [A_1, A_2, \cdots, A_n]^T$

min
$$f_1 = W = \sum_{i=1}^n \rho_i A_i L_i$$
 (5.5)

 $\min \quad f_2 = u_{jl} \tag{5.6}$

s.t.
$$g_i^{\sigma}(A) = [\sigma_i] - \sigma_i \ge 0$$
 $(i = 1, 2, \dots, K)$ (5.7)

$$A = [h(a_1), h(a_2), \cdots, h(a_N)]$$
(5.8)

$$h(1) = A_1, h(2) = A_2, h(N) = A_N, a \to A$$
 (5.9)

$$a_i = [a_1, a_2, \cdots, a_N]$$
 (5.10)

$a_i \in [1,2,\dots,N]$ N 是集合的最大值 (5.11)

公式 5.5 到 5.7 和连续变量的表达式是完全相同的, $A = [A_1, A_2, \dots, A_N]^T$ 仍是设 计变量, A_{min} 、 A_{max} 为杆件截面尺寸约束的下限与上限。n 为变量连接后杆件 的组数, W 为结构的重量, $L \ A_i \ \rho_i$ 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, $[\sigma] \ \sigma_i$ 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 为各工况下节点 j 在给定方向l上的位移值; K 为杆 件数.

不同之处就在于 5.8 到 5.11 式。这里的函数 h(a)的作用,即在于将设计变 量 A_i 和 a_i 联系起来。原本的 A_i 指向的是可行域中截面积的连续尺寸取值,但是 在解决变量离散问题时,截面积 A_i 变成一个函数 h(a),而函数 h(a)又指向索引 号 a_i ,索引号 a_i 所对应的就是离散化的可行域取值。这样实际上可以表示为:

$$A_i \to h(a) \to a_i \tag{5.13}$$

这就是本文中解决离散变量问题的一种处理方法。在进行适应度的计算时 采用的是截面积 A_i,而在进行算法的相关操作时(比例克隆。重组和突变等) 采用的是则是索引号 a_i。

5.2 桁架结构多目标优化设计算例

为验证本文所引入算法的有效性和可行性,采用 NNIA 算法,针对桁架结构设计中连续和离散两种不同的变量类型进行数学建模和编程设计,分别建立基于最小重量(或体积)和控制点最小位移这两个性能指标的桁架双目标优化数学模型。对三种常用的典型桁架算例,在多工况、多约束条件下采用本文中算法开展桁架多目标问题的数值优化模拟。采用 MATLAB 分别针对连续变量和离散变量桁架结构多目标优化问题编程计算。

5.2.1 连续变量

1. 10 杆桁架结构采用连续变量优化

为了能和文献^[56-60]的结果进行比较,结构的布置及杆件、节点的编号如图 5.1。各杆的使用材料相同,弹性模量 *E* = 10⁷ *psi* (磅/平方英寸),允许应力 ±25*ksi*(千磅/平方英寸);荷载 *p* = 100 *kips* (千磅); *l* = 360*in* (英尺)。本例中截 面设计变量设为连续,取值范围是从 0.1*in*² 到 30 *in*² (平方英寸)。本例优化问题 以 10 杆截面面积为设计变量,使结构的体积和节点 2 的垂直位移同时达到最小 的两个目标优化。这两个目标之间本质上是相互冲突的,因为减少变形位移就 意味着需要增加截面的面积,进而增大结构的体积。

NNIA 算法的参数选择如下:活性种群规模 NA = 20; 克隆倍数为 CS = 100; 优势种群规模 NM = 100; 突变概率 pm = 0.1,最大迭代数 g max = 500。



图 5.1 10 杆平面桁架

分别从求解的收敛过程、边界值以及对应的杆件面积几项内容进行分析。 (1) 收敛过程 实时跟踪种群目标空间中各点的位置有利于分析出迭代的收敛过程。现分 别迭代到 50 代,100 代,300 代和 500 代后,当前抗体群的目标向量在目标空间中 收敛形成的 Pareto 前沿形状用下图 5.2 加以直观表示。由图可见,迭代 50 代之 后种群中就基本都是非支配个体,其数量为 100,但是没有完全收敛到真实的 Pareto 最优前沿;虽然具备了一定的多样性,但是覆盖的区域内的解,不是十 分均匀,同时边界点的拓展也不够。随着迭代次数的增加,种群目标向量更加 逼近于 Pareto 最优前沿,同时边界不断拓展,而且分布也更加均匀有致。从图 5.3 不难看出,到第 500 代时目标空间中的点均为非支配解,分布十分均匀,达 到了多目标优化的效果。需要说明的是,文献^[54]中采用的这几种方法都是利用 了均匀分布的权重系数计算了 21 次得到的 21 个固定点。这些点中,权重系数 的极端点为(0.0,1.0)和(1.0,0.0),变化间距为 0.05。显然采用改进的 NNIA 算法求解 10 杆桁架问题,一次计算便可以得到更多更均匀的非支配解,能够迅 速的显示出真实 Pareto 前沿的形状,很好的表达出了多目标优化的要求,而文 献^[54,55]的方法得到的有限个非支配解不如本文算法那样均匀分布,难以显示出 真实 Pareto 前沿的形状。



图 5.2 10 杆平面桁架连续变量不同迭代次数 Pareto 前沿

(2) 极端点比较

本文将 NNIA 求得的极端点与文献^[54,55]结果进行对比(见表 5.1 和 5.2), 极端点处杆件的截面积与文献结果对照(见表 5.3)。文献^[54]中的几种算法都采 用了加权法(权重呈 0:0.05:1 分布)对桁架进行了 21 次加权计算,因此得到的 是理论上能够覆盖整个真实 Pareto 最优前沿的一些点。权重所取得的极端点定 义出了理论上目标空间中的真实极端边界点。任何进化的多目标算法求得的解 应该均在这个极端边界点之间的区域中,而且应当尽可能的逼近它。





图 5.3 10 杆平面桁架连续变量不同迭代次数 Pareto 前沿极值

由表 5.1 可得,算法随机计算一次迭代到第 500 代时,当前 pareto 最优前 沿的最大位移为 6.8000 *in*,最大体积为 115130.0253 *in*³。随着迭代次数的增加, 极端点取值呈现出收敛的趋势。而由表 5.2 可得出,采用 NNIA 算法各自独立 计算 10 次,每次都分别迭代到 500 代时,求得的极大体积点的平均体积为 115130.0225 *in*³,位移为 1.3034 *in*,平均极大体积略微超出文献^[54]算法定义的边 界,这与文献^[54]中一些未明确说明的单位设置以及计算时中间变量的取值精度 误差有关。

| 迭代次数 | 位置 | 体积(<i>in</i> ³) | 位移(in) |
|---------|-------|------------------------------|--------|
| 50 伊 | 极大体积点 | 112175.0476 | 1.3111 |
| 501人 | 极大位移点 | 21946.1682 | 4.9492 |
| 100 伊 | 极大体积点 | 115109.1253 | 1.3035 |
| 100 1 4 | 极大位移点 | 19017.4915 | 5.4935 |
| 300代 | 极大体积点 | 115130.0200 | 1.3034 |
| | 极大位移点 | 15898.5986 | 6.4996 |
| 500 伊 | 极大体积点 | 115130.0253 | 1.3034 |
| 500 1 4 | 极大位移点 | 15221.7559 | 6.8000 |

表 5.1 10 杆桁架多目标优化 NNIA 不同迭代次数极端点坐标比较

表 5.2 10 杆桁架多目标优化 NNIA 迭代 10 次 500 代极端点坐标汇总

| 迭代次数 | 位置 | 体积(<i>in³</i>) | 位移(in) |
|------|-------|-----------------------------|----------|
| 1 | 极大体积点 | 115130.02490 | 1.303364 |
| 1 | 极大位移点 | 15175.17815 | 6.79997 |

| 2 | 极大体积点 | 115130.02740 | 1.303364 |
|-----|-------|--------------|-------------|
| 2 | 极大位移点 | 15194.42020 | 6.79923 |
| 2 | 极大体积点 | 115130.02800 | 1.303364 |
| 3 | 极大位移点 | 15180.65470 | 6.79997 |
| 4 | 极大体积点 | 115130.01300 | 1.303364 |
| 4 | 极大位移点 | 15167.80771 | 6.79999 |
| 5 | 极大体积点 | 115130.02600 | 1.303364 |
| 5 | 极大位移点 | 15180.65284 | 6.79999 |
| 6 | 极大体积点 | 115130.02370 | 1.303364 |
| 0 | 极大位移点 | 15155.96119 | 6.799417 |
| 7 | 极大体积点 | 115129.99930 | 1.303364 |
| 1 | 极大位移点 | 15184.52536 | 6.799906 |
| 0 | 极大体积点 | 115130.02710 | 1.303364 |
| 8 | 极大位移点 | 15195.21710 | 6.799734 |
| 0 | 极大体积点 | 115130.02750 | 1.303364 |
| 9 | 极大位移点 | 15246.95004 | 6.799813 |
| 10 | 极大体积点 | 115130.02800 | 1.303364 |
| 10 | 极大位移点 | 15221.36946 | 6.799130991 |
| 亚均估 | 极大体积点 | 115130.0225 | 1.3034 |
| 平均值 | 极大位移点 | 15190.2700 | 6.7997 |

第5章 基于桁架多目标的免疫算法优化设计

由表 5.3 可见,采用 NNIA 算法得到的最大体积与控制点最大位移的两个极端点都能够很好的逼近文献^[54]三种算法得到的结果。而与文献^[51,53]的结果也相差微小。NNIA 算法实际上在迭代到 300 代时极大体积点就已经完全收敛了。

| 迭代次数 | 位置 | 体积(<i>in³</i>) | 位移(in) |
|-------------------------------------|-------|-----------------------------|----------|
| | 极大体积点 | 115130.0225 | 1.3034 |
| $\mathbf{NNIA} (500 1 \text{C})$ | 极大位移点 | 15190.2700 | 6.7997 |
| DEMO ^[51] (500 (4)) | 极大体积点 | 115120.800 | 1.3034 |
| $DEMO^{e^{-1}}(500 \uparrow \zeta)$ | 极大位移点 | 17292.9970 | 6.5505 |
| 100 | 极大体积点 | 115130.2153 | 1.3034 |
| $ICSA^{(3)}(500 + 1)$ | 极大位移点 | 16031.6322 | 7.1486 |
| Weighting | 极大体积点 | 115114.7524 | 1.3034 |
| Method | 极大位移点 | 15936.5626 | 7.1969 |
| Tchebycheff | 极大体积点 | 114858.8405 | 1.3037 |
| Method | 极大位移点 | 15945.5321 | 7.1913 |
| \mathcal{E} -constraint | 极大体积点 | 115114.7513 | 1.3034 |
| Method | 极大位移点 | 15930.3384 | 7.1995 |

表 5.3 10 杆桁架多目标优化 NNIA 不同算法极端点坐标比较

| | NNIA | (50代) | NNIA (| (100代) | NNIA(| 300代) | NNIA(| 500代) |
|------|---------|---------|---------|---------|-------|---------|--------|---------|
| 前元编号 | 极大位 | 极大体 | 极大位 | 极大体 | 极大位 | 极大体 | 极大位 | 极大体 |
| 中川明 | 移点截 | 积点截 | 移点截 | 积点截 | 移点截 | 积点截 | 移点截 | 积点截 |
| | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 |
| X1 | 11.4674 | 29.9898 | 11.5155 | 29.9989 | 8.57 | 29.9989 | 9.6604 | 30.0000 |
| X2 | 0.7228 | 29.5814 | 0.1178 | 29.9668 | 0.10 | 29.9668 | 0.1000 | 29.9999 |
| X3 | 13.5581 | 29.9999 | 10.9287 | 29.9993 | 7.63 | 29.9993 | 7.9551 | 29.9999 |
| X4 | 6.9119 | 29.9157 | 5.7347 | 29.9926 | 4.42 | 29.9926 | 4.3540 | 30.0000 |
| X5 | 0.1757 | 0.1490 | 0.1026 | 0.1059 | 0.10 | 0.1059 | 0.1000 | 0.1000 |
| X6 | 0.3372 | 25.0336 | 0.1085 | 29.9983 | 0.10 | 29.9983 | 0.1000 | 29.9999 |
| X7 | 3.5470 | 29.7836 | 2.8333 | 29.9994 | 2.33 | 29.9994 | 2.3178 | 30.0000 |
| X8 | 7.9597 | 29.8101 | 7.5978 | 29.9986 | 6.25 | 29.9986 | 6.6401 | 30.0000 |
| X9 | 7.8282 | 29.9229 | 6.6636 | 29.9952 | 6.38 | 29.9952 | 6.4210 | 30.0000 |
| X10 | 0.3145 | 28.5193 | 0.1012 | 29.9927 | 0.10 | 29.9927 | 0.1011 | 29.9999 |

表 5.4a 极端点处的截面变量值比较表

注: 单位为*in*²

表 5.4b 极端点处的截面变量值比较表

| | NNIA(| 500代) | ICSA ^[53] | (500代) | DEMO ^{[51} | []] (500 代) | Weightin | g Method |
|----------------|-------|-------|----------------------|--------|---------------------|----------------------|----------|----------|
| 尚 示 疟 早 | 极大位 | 极大体 | 极大位 | 极大体 | 极大位 | 极大体 | 极大位 | 极大体 |
| 平九姍 5 | 移点截 | 积点截 | 移点截 | 积点截 | 移点截 | 积点截 | 移点截 | 积点截 |
| | 面积/ | 面积/ | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 |
| X1 | 8.57 | 30.00 | 8.02 | 30.00 | 8.00 | 30.00 | 7.94 | 30.00 |
| X2 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 |
| X3 | 7.63 | 30.00 | 8.06 | 30.00 | 8.20 | 30.00 | 8.06 | 30.00 |
| X4 | 4.42 | 30.00 | 3.99 | 30.00 | 5.02 | 30.00 | 3.95 | 30.00 |
| X5 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.25 | 0.10 | 0.10 | 0.10 |
| X6 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 |
| X7 | 2.33 | 30.00 | 5.77 | 30.00 | 6.03 | 30.00 | 5.74 | 30.00 |
| X8 | 6.25 | 30.00 | 5.64 | 30.00 | 5.76 | 30.00 | 5.57 | 30.00 |
| X9 | 6.38 | 30.00 | 5.57 | 30.00 | 6.75 | 30.00 | 5.57 | 30.00 |
| X10 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 | 0.10 | 30.00 |

注: 单位为*in*²

表 5.4a,b 是采用 NNIA 算法所得极大体积点与极大位移点这两个极端点相 对应的杆件截面积大小,所得的结果与文献^[51,53]的结果也进行了比较。可以明 显看出极大体积点处的截面积收敛值和相关文献结果完全相同。而极大位移点 处的截面差异相对比较大,这和本文算法罚函数的取值有关。因为罚函数依靠 的是经验取值,所以由于个体取值差异,导致了最后结果的这个差异。 2. 25 杆桁架结构采用连续变量优化

图 5.4 中的 25 杆输电塔为一个空间桁架结构,该结构被广泛用于测试不同 的数值优化技术的性能。在此之前一些学者已经采用了不同的优化算法对 25 杆 空间桁架进行优化研究,如 Venkayya 等^[61]与 Gellatly 等^[62]提出了一种最小结构 重量的优化准则法(optimal criteria, OC), Chao 等^[63]采用了二次规划(quadratic programming, QP), Adeli 与 Kamal ^[64]使用了一般几何规划(general geometric programming, GGP), Rajeev 与 Krishnamoorthy ^[65]、Cao ^[66]采用了 GA, Fourie 与 Groenwold ^[67]、Schutte 与 Groenwold^[68]、唐和生与李峰等人采用了粒子群优 化算法(particle swarm optimization, PSO) ^[58], Camp 与 Bichon^[60]采用了蚁群 优化算法(ant colony optimization, ACO)。

各杆使用相同的材料,密度 $\rho = 0.1lb/in^3$,弹性模量 $E = 10^7 psi$,允许应力 [σ]=±40ksi。设计为连续变量,取值范围为[0.01,3.4] in^2 ,各节点水平或竖向允 许的最大位移为0.35in。结构的单元与节点编号见图 5.4。



图 5.4 25 杆空间桁架

25 杆输电塔的单元被分为8组,每组的单元具有相同的截面与材料。各节 点的坐标见表 5.5,杆件分组见表 5.6。结构受到两种不同的荷载作用,各工况 大小和节点分布见表 5.7。

之前 10 杆算例采用连续变量桁架优化时,算法的收敛速度较快,而且优化的结果较好,而 25 杆空间桁架单元的截面进行分组之后,变量的杆数虽然比之前算例多出 2 倍以上,但实际上维数要更少,所以运算收敛速度依旧迅速。

45

| 节点号 | x(mm) | y(mm) | z(mm) |
|-----|--------|--------|-------|
| 1 | -952.5 | 0 | 5080 |
| 2 | 952.5 | 0 | 5080 |
| 3 | -952.5 | 952.5 | 2540 |
| 4 | 952.5 | 952.5 | 2540 |
| 5 | 952.5 | -952.5 | 2540 |
| 6 | -952.5 | -952.5 | 2540 |
| 7 | -2540 | 2540 | 0 |
| 8 | 2540 | 2540 | 0 |
| 9 | 2540 | -2540 | 0 |
| 10 | -2540 | -2540 | 0 |

表 5.5 25 杆桁架节点的坐标

表 5.6 杆件分组表

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

表 5.7 25 杆空间桁架荷载多工况

| 工况 | 节点号 | Fx(kips) | Fy(kips) | Fz(kips) |
|----|-----|----------|----------|----------|
| | 1 | 1.0 | 10.0 | -5.0 |
| 1 | 2 | 0 | 10.0 | -5.0 |
| 1 | 3 | 0.5 | 0 | 0 |
| | 6 | 0.5 | 0 | 0 |
| 2 | 1 | 0 | 20.0 | -5.0 |
| 2 | 2 | 0 | -20.0 | -5.0 |

以下分别从求解的收敛过程、边界值以及对应的杆件面积几项内容进行具 体分析。

(1) 收敛过程

实时跟踪种群目标空间中各点的位置有利于分析出迭代的收敛过程。现分 别在不同工况下将程序迭代到 50 代,100 代,200 代和 500 代。当前抗体群的目标 向量在目标空间中收敛形成的 Pareto 前沿形状用图 5.5 加以直观表示。由图可



见,迭代 50 代之后种群中就都是非支配个体,其数量为 100,但是没有完全收

图 5.5 25 杆空间桁架多目标连续工况一

敛到真实的 Pareto 最优前沿;同样也具备了一定的多样性,但是在覆盖区域内的解还不是十分均匀,而且边界点的拓展也不够。随着迭代次数的增加,种群目标向量更加逼近于 Pareto 最优前沿,同时边界不断拓展,分布也更加均匀。 不难看出到 200 代时,目标空间中的点为 100 个非支配解,均匀拓展在 Pareto 最优前沿上,达到了多目标优化的效果。

图 5.6 所表现的是在工况二条件下 25 杆桁架优化迭代的收敛过程。与图 5.5 一样具有相同的结论。显然,采用改进的 NNIA 算法求解桁架连续变量多目标 优化问题,一次独立计算便可以在短时间内得到更多更均匀的非支配解,迅速 显示出真实 Pareto 前沿的大致形状,表达出了多目标优化的要求。

47



图 5.6 25 杆空间桁架多目标连续工况二

(2) 极端点比较

本文根据不同工况求得的 Pareto 前沿极端点的质量与位移取值见表 5.8 和 表 5.9,极端点处对应杆件截面积见表 5.10 和表 5.11。

由表 5.8 和表 5.9 可知,优化程序迭代 50 代之后,目标空间中的所有点均为非支配解,种群所有个体的目标向量均迅速收敛到当前 Pareto 最优前沿附近, 且在该前沿的大部分区域都能够保存比较均匀的分布,只有边界点的拓展略显

表 5.8 25 杆桁架多目标优化连续工况一极端点坐标

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|---------|-------|----------|----------|
| 50 伊 | 极大质量点 | 4072.133 | 0.228771 |
| 3014 | 极大位移点 | 72.61961 | 8.888544 |
| 100 伊 | 极大质量点 | 4074.314 | 0.228702 |
| 100 1 5 | 极大位移点 | 72.05991 | 8.888734 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 4090.154 | 0.228587 |
| 200 1 4 | 极大位移点 | 72.45454 | 8.888957 |
| 500 伊 | 极大质量点 | 4090.152 | 0.228587 |
| 500 1 4 | 极大位移点 | 71.33172 | 8.888991 |
| 1000 伊 | 极大质量点 | 4090.152 | 0.228587 |
| 1000 15 | 极大位移点 | 71.36022 | 8.888995 |

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|---------|-------|----------|----------|
| 50 伊 | 极大质量点 | 4013.648 | 0.223637 |
| 3014 | 极大位移点 | 65.04388 | 8.884464 |
| 100 伊 | 极大质量点 | 3990.239 | 0.223631 |
| 100 1 5 | 极大位移点 | 63.93619 | 8.888116 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 3988.768 | 0.223631 |
| 200 1 4 | 极大位移点 | 63.0357 | 8.888758 |
| 500 伊 | 极大质量点 | 3988.452 | 0.223631 |
| 500 14 | 极大位移点 | 63.18346 | 8.888944 |
| 1000 伊 | 极大质量点 | 3988.452 | 0.223631 |
| 1000 15 | 极大位移点 | 62.9547 | 8.888968 |

表 5.9 25 杆桁架多目标优化连续工况二极端点坐标

不够。随着迭代次数的增加,种群目标向量更加逼近于 Pareto 最优前沿,同时 边界不断拓展,分布也更加均匀。至 500 代时,已经很均匀的分布收敛到最优 前沿,边界点的拓展趋于停滞,在工况一条件下,极大质量点的重量为 4090.152 lb,最轻设计重量为 71.33172lb;在工况二条件下,极大质量点的重量为 3988.452 lb,最轻设计重量为 63.18346lb。

表 5.10 25 杆桁架多目标连续变量工况一迭代极端点坐标比较

| | 50代 | | 100 | 0代 | 200代 | | 500代 | | 1000代 | |
|----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 单元 | 极大位 | 极大质 |
| 编号 | 移点截 | 量点截 |
| | 面积 |
| X1 | 0.0584 | 0.3557 | 0.0100 | 0.0528 | 0.0100 | 0.0101 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 | 0.010 |
| X2 | 0.0101 | 3.3999 | 0.0148 | 3.4000 | 0.0101 | 3.4000 | 0.0102 | 3.4000 | 0.0100 | 3.4000 |
| X3 | 0.1530 | 3.3999 | 0.1212 | 3.4000 | 0.1202 | 3.4000 | 0.1297 | 3.4000 | 0.1276 | 3.4000 |
| X4 | 0.0102 | 0.0177 | 0.1000 | 0.0541 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 |
| X5 | 0.0732 | 2.7901 | 0.1132 | 2.8617 | 0.1036 | 3.4000 | 0.1051 | 3.4000 | 0.1046 | 3.4000 |
| X6 | 0.0248 | 3.3972 | 0.0286 | 3.3968 | 0.0245 | 3.4000 | 0.0303 | 3.4000 | 0.0298 | 3.4000 |
| X7 | 0.1013 | 3.3944 | 0.0107 | 3.3986 | 0.0100 | 3.4000 | 0.0100 | 3.4000 | 0.0100 | 3.4000 |
| X8 | 0.1466 | 3.3996 | 0.1551 | 3.3999 | 0.1700 | 3.4000 | 0.1490 | 3.4000 | 0.1519 | 3.4000 |

注: 单位为*in*²

| 表 5.11 | 25 杆桁架多目标连续变量工况二迭代极端点坐标比较 |
|--------|---------------------------|
|--------|---------------------------|

| | 50 | 代 | 100 |)代 | 200 |)代 | 50 | 0代 | 100 | 0代 |
|----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 单元 | 极大位 | 极大质 |
| 编号 | 移点截 | 量点截 |
| | 面积 |
| X1 | 0.0453 | 0.0239 | 0.0124 | 0.0265 | 0.0100 | 0.0107 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 |
| X2 | 0.0739 | 3.3999 | 0.0981 | 3.4000 | 0.0842 | 3.4000 | 0.0876 | 3.4000 | 0.0856 | 3.4000 |

同济大学 硕士学位论文 多目标优化设计的免疫算法研究

| X3 | 0.1141 | 3.3999 | 0.1229 | 3.4000 | 0.1223 | 3.4000 | 0.1240 | 3.4000 | 0.1095 | 3.4000 |
|----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| X4 | 0.0341 | 0.6705 | 0.0100 | 0.0158 | 0.0100 | 0.0203 | 0.0100 | 0.010 | 0.0100 | 0.0100 |
| X5 | 0.0148 | 0.2896 | 0.0101 | 0.0659 | 0.1000 | 0.0101 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 | 0.0100 |
| X6 | 0.0110 | 3.3999 | 0.0105 | 3.3993 | 0.0100 | 3.4000 | 0.0101 | 3.4000 | 0.0100 | 3.4000 |
| X7 | 0.0792 | 3.3999 | 0.0570 | 3.3999 | 0.0650 | 3.4000 | 0.0620 | 3.4000 | 0.0898 | 3.4000 |
| X8 | 0.0100 | 3.3855 | 0.0103 | 3.3999 | 0.1000 | 3.4000 | 0.0100 | 3.4000 | 0.0100 | 3.4000 |

注: 单位为*in*²

表 5.10 和表 5.11 是极值点对应的截面积大小,虽然缺乏相关文献的横向比较,但是由纵向不同迭代次数对应的结果,也可以观察比较出 NNIA 算法的桁架优化收敛是非常迅速的。下图 5.7 和图 5.8 则直观的表现出当前 Pareto 最优前沿形态以及极值点拓展的数值收敛情况。



图 5.7 工况一条件下 1000 代 Pareto 最优前沿



图 5.8 工况二条件下 1000 代 Pareto 最优前沿

3. 72 杆空间桁架采用连续变量优化

72 杆空间桁架结构被广泛用于测试不同数值优化技术的性能。之前一些学者也采用了不同的优化技术对 72 杆空间桁架进行相应的优化研究,如 Schmit和 Miura (1976)采用了约束函数最小化, Chao 等人 (1984)采用了缩减的二次规划 (quadratic programming, QP)^[63], Adeli 与 Kamal 使用了一般几何规划 (general geometric programming, GGP)^[64], Rajeev 与 Krishnamoorthy^[65]、Cao (1996)和 Erbatur 等人 (2000)^[66]采用了 GA, Camp 与 Bichon (2004)采用 了蚁群优化算法 (ant colony optimization, ACO)^[60]。

图 5.9 是 72 杆空间桁架结构示意图,包括对杆件的安排和结点的标注情况。



图 5.9 72 杆空间桁架

72 杆空间桁架结构根据结构的对称性,将所有单元分为 16 组,每组的单元 具有相同的截面与材料。各节点的坐标见表 5.12,杆件分组见表 5.13。结构受 到两种不同工况的荷载作用,各工况大小和分布见表 5.14。各杆使用相同的材 料,密度 $\rho = 0.1 lb/in^3$,弹性模量 $E = 10^7 psi$,允许应力 $[\sigma] = \pm 25 ksi$ 。设计为 连续变量,取值范围为[0.1,3.0] in^2 。

| 节点号 | x(in) | y(in) | z(in) |
|-----|-------|-------|-------|
| 1 | 60 | -60 | 0 |
| 2 | 60 | 60 | 0 |
| 3 | -60 | 60 | 0 |
| 4 | -60 | -60 | 0 |
| 5 | 60 | -60 | 60 |

表 5.12 72 杆桁架节点的坐标

| 同济大学 硕士学位论文 | 1 多目标优化设计的免疫算法研究 |
|-------------|------------------|
|-------------|------------------|

| 6 | 60 | | 60 | 60 |
|----|-------------|----------|----------|----------|
| 7 | -60 | | 60 | 60 |
| 8 | -60 | | -60 | 60 |
| 9 | 60 | | -60 | 120 |
| 10 | 60 | | 60 | 120 |
| 11 | -60 | | 60 | 120 |
| 12 | -60 | | -60 | 120 |
| 13 | 60 | | -60 | 180 |
| 14 | 60 | | 60 | 180 |
| 15 | -60 | | -60 | 180 |
| 16 | -60 | | 60 | 180 |
| 17 | 60 | | -60 | 240 |
| 18 | 60 | | 60 | 240 |
| 19 | -60 | | 60 | 240 |
| 20 | -60 | | -60 | 240 |
| | 表 5. | 13 杆件分 | 组表 | |
| 组号 | 杆件号 | | 组号 | 杆件号 |
| X1 | 1-4 | | X9 | 37-40 |
| X2 | 5.12 | | X10 | 41-48 |
| X3 | 13-16 | | X11 | 49-52 |
| X4 | 17,18 | | X12 | 53,54 |
| X5 | 19-22 | | X13 | 55.58 |
| X6 | 23-30 | | X14 | 59-66 |
| X7 | 31-34 | | X15 | 67-70 |
| X8 | 35,36 | | X16 | 71,72 |
| | 表 5.14 72 柞 | 干空间桁架 | 荷载多工况 | |
| 况 | 节点号 | Fx(kips) | Fy(kips) | Fz(kips) |
| | 17 | 0.0 | 0.0 | -5.0 |
| 1 | 18 | 0.0 | 0.0 | -5.0 |
| T | 19 | 0.0 | 0.0 | -5.0 |
| | 20 | 0.0 | 0.0 | -5.0 |
| 2 | 17 | 5.0 | 5.0 | 5.0 |

以下从分别求解的收敛过程、边界取值以及对应的杆件面积这三个内容进 行分析说明。

(1) 收敛过程

实时跟踪种群目标空间中非支配点的位置,现分别迭代到 50 代,100 代, 300 代、500 代、700 代和 1000 代,进行 700 代和 1000 代的迭代工作是为了进 行进一步细致的比较说明。在不同工况条件下,当前抗体群的目标向量在目标 空间中收敛形成的 Pareto 前沿形状用下图 5.10 和 5.11 加以直观表示。由图可见, 迭代 50 代之后种群中虽然都是非支配个体,其数量为 100,但是实际上并没有 完全收敛到真实的 Pareto 最优前沿。具备了一定的多样性,虽然非支配解形成 的图像在水平方向分布较为均匀,但是覆盖区域内的解在垂直方向十分不均匀, 同时边界点的拓展也明显不够。



图 5.10 工况一条件下不同代 Pareto 最优前沿

随着迭代次数的增加,种群目标向量逼近于 Pareto 最优前沿,边界不断拓展的同时,图像分布不论是水平方向还是垂直方向都更加均匀。不难从图中看出,迭代到 500 代时目标空间中的点已经达到了多目标优化的效果,很好的表达出了多目标优化的要求。



图 5.11 工况二条件下不同代 Pareto 最优前沿

(2) 极端点比较

本文根据不同工况求得的极端点见表 5.15,表 5.16,极端点处杆件的截面 积见表 5.17 和表 5.18。

| 表 5.15 | 72 杆桁架多目标优化连续变量工况一极端点坐标比较 |
|--------|---------------------------|

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|--------|-------|----------|----------|
| 50 伊 | 极大质量点 | 1104.961 | 0.038429 |
| 30 10 | 极大位移点 | 206.4105 | 0.139988 |
| 100 伊 | 极大质量点 | 1656.433 | 0.037454 |
| 100 10 | 极大位移点 | 85.80006 | 1.062446 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 2443.502 | 0.036338 |
| 300 14 | 极大位移点 | 85.30971 | 1.083219 |

极大质量点 2558.209 0.036109 500代 极大位移点 85.30905 1.083223 极大质量点 0.036108 2559.153 700代 极大位移点 85.30896 1.083223 极大质量点 2559.269 0.036107 1000代 极大位移点 85.30896 1.083223

第5章 基于桁架多目标的免疫算法优化设计

表 5.16 72 杆桁架多目标优化连续工况二极端点坐标比较

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|---------|-------|-----------|----------|
| 50 伊 | 极大质量点 | 1692.8197 | 0.144789 |
| 501人 | 极大位移点 | 115.0171 | 2.49539 |
| 100 伊 | 极大质量点 | 1822.167 | 0.133501 |
| 100 1 5 | 极大位移点 | 86.13904 | 3.856869 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 1926.917 | 0.132573 |
| 500 1 4 | 极大位移点 | 85.38688 | 3.899135 |
| 500 伊 | 极大质量点 | 2259.876 | 0.129846 |
| 500 1 4 | 极大位移点 | 85.30975 | 3.902136 |
| 700 伊 | 极大质量点 | 2263.981 | 0.129837 |
| 700 1 5 | 极大位移点 | 85.30896 | 3.902158 |
| 1000 伊 | 极大质量点 | 2263.981 | 0.129837 |
| 1000 15 | 极大位移点 | 85.30896 | 3.902158 |

迭代 50 代之后目标空间中的所有点就均为非支配解,图 5.12 直观表现出目标 向量在当前 Pareto 最优前沿收敛过程中形成的图像。



图 5.12 工况一条件下 50 代和 1000 代的 Pareto 最优前沿比较

由图 5.12 可知,迭代至 50 代时,种群所有个体的目标向量均收敛到当前 Pareto 最优前沿附近,且在该前沿的部分区域能够比较均匀的分布,但是极值 点边界拓展极差。随着迭代次数的增加,至 1000 代时,已经很均匀的分布到最 优前沿,边界拓展趋于收敛极值处。图 5.12 直观的表现出 50 代和 1000 代的 Pareto 最优前沿差异。在工况一时,50 代极大质量为 1581.863lb,最轻设计总 重量为 115.01712lb;1000 代极大质量为 2559.269lb,最轻设计总重量 85.3090lb。



图 5.13 工况二条件下 50 代和 1000 代的 Pareto 最优前沿比较

而图 5.13 表现的是工况二时 50 代和 1000 代的 Pareto 最优前沿差异。50 代极大质量为 1692.8197lb,最轻设计总重量为 118.5933lb; 1000 代极大质量为 2263.9810lb,最轻设计总重量为 85.3090lb。极大质量为 2263.981 lb,最轻设计总重量为 85.3090lb,虽然二种工况在 1000 代的最轻设计总重量相同,但是由于是在不同工况条件下的优化结果,所以只是数字上的巧合。

| | 100 |)代 | 300 |)代 | 500 | 代 | 700 |)代 | 100 | 0代 |
|----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 单元 | 极大位 | 极大质 |
| 编号 | 移点截 | 量点截 |
| | 面积 |
| X1 | 0.1004 | 2.9977 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X2 | 0.1003 | 2.9196 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 2.9991 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 3.0000 |
| X3 | 0.1017 | 2.9727 | 0.1000 | 2.9967 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X4 | 0.1002 | 1.4105 | 0.1000 | 2.9969 | 0.1000 | 2.9991 | 0.1000 | 2.9992 | 0.1000 | 3.0000 |
| X5 | 0.1039 | 2.9998 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X6 | 0.1001 | 2.9853 | 0.1000 | 2.9929 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |

表 5.17 72 杆桁架多目标优化连续变量工况一不同迭代次数极端点坐标比较

第5章 基于桁架多目标的免疫算法优化设计

| X7 | 0.1001 | 2.6714 | 0.1000 | 0.8187 | 0.1000 | 2.9988 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
|-----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| X8 | 0.1003 | 0.5150 | 0.1000 | 2.9986 | 0.1000 | 2.9888 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X9 | 0.1018 | 2.9988 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X10 | 0.1001 | 1.0673 | 0.1000 | 2.9979 | 0.1000 | 2.9998 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 3.0000 |
| X11 | 0.1014 | 0.5072 | 0.1000 | 2.9598 | 0.1000 | 2.9994 | 0.1000 | 2.9998 | 0.1000 | 3.0000 |
| X12 | 0.1003 | 1.8531 | 0.1000 | 2.9843 | 0.1000 | 2.9998 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X13 | 0.1023 | 2.9990 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X14 | 0.1001 | 1.2033 | 0.1000 | 2.9977 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X15 | 0.1007 | 0.6052 | 0.1000 | 2.9851 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 2.9989 | 0.1000 | 3.0000 |
| X16 | 0.1002 | 1.1343 | 0.1000 | 2.8134 | 0.1000 | 2.9876 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |

注: 单位为*in*²

表 5.18 72 杆桁架多目标优化连续工况二不同迭代次数极端点坐标比较

| | 100 代 | | 300代 | | 500代 | | 700代 | | 1000代 | |
|-----|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 单元 | 极大位 | 极大质 |
| 编号 | 移点截 | 量点截 |
| | 面积 |
| X1 | 0.1029 | 2.9931 | 0.1000 | 2.9993 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X2 | 0.1003 | 2.9719 | 0.1000 | 2.9884 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X3 | 0.1021 | 0.8526 | 0.1002 | 1.6175 | 0.1000 | 2.9974 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X4 | 0.1123 | 0.1109 | 0.1001 | 0.1517 | 0.1000 | 0.1001 | 0.1000 | 0.1000 | 0.1000 | 0.1000 |
| X5 | 0.1015 | 2.9912 | 0.1001 | 2.9999 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X6 | 0.1002 | 2.9988 | 0.1000 | 2.9972 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X7 | 0.1006 | 0.1488 | 0.1000 | 0.1063 | 0.1000 | 2.9276 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X8 | 0.1002 | 0.1455 | 0.1004 | 0.1102 | 0.1000 | 0.1009 | 0.1000 | 0.1000 | 0.1000 | 0.1000 |
| X9 | 0.1000 | 2.9259 | 0.1006 | 2.9992 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X10 | 0.1000 | 2.9980 | 0.1000 | 2.9999 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X11 | 0.1002 | 0.1855 | 0.1003 | 1.9913 | 0.1000 | 2.9906 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X12 | 0.1005 | 0.1011 | 0.1001 | 0.1009 | 0.1000 | 0.1002 | 0.1000 | 0.1000 | 0.1000 | 0.1000 |
| X13 | 0.1004 | 2.8007 | 0.1001 | 2.5354 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X14 | 0.1008 | 2.9821 | 0.1000 | 2.9961 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X15 | 0.1001 | 2.8885 | 0.1000 | 2.6154 | 0.1000 | 2.9998 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |
| X16 | 0.1001 | 1.4924 | 0.1000 | 1.4120 | 0.1000 | 2.9981 | 0.1000 | 3.0000 | 0.1000 | 3.0000 |

注: 单位为*in*²

表 5.17 和表 5.18 是不同工况条件下极值点对应的截面积大小,虽然缺乏相关文献的横向比较,但是由纵向不同迭代次数对应的结果,也可以观察比较出 NNIA 算法的桁架优化收敛是非常迅速的。

5.2.2 离散变量

1. 十杆桁架结构采用离散变量进行计算。

计算结果与其他离散变量优化算法的结果进行比较^[54]。截面积变化取值范 围 是 按 照 美 国 ASIC 型 钢 规 范 可 用 截 面 面 积 表 的 设 定 从 $1.62 in^2$ 到 $33.5 in^2$ (平方英寸)。在这一范围内取值分别为如下的 41 种不同大小的截面积: 1.62, 1.80, 1.99, 2.13, 2.38, 2.62, 2.88, 2.92, 3.09, 3.13, 3.38, 3.47, 3.55, 3.63, 3.84, 3.87, 3.88, 4.18, 4.22, 4.49, 4.59, 4.80, 4.97, 5.12, 5.74, 7.22, 7.97, 11.5, 13.5, 13.9, 14.2, 15.5, 16.0, 16.9, 18.8, 19.9, 22.0, 22.9, 26.5, 30.0 和 $33.5 in^2$ (平方英寸)。结 果 的 搜 索 空 间 近 似 大 小 是 1.34×10^{16} 。 桁 架 材 料 的 弹 性 模 量 为 $10^7 p s$ (磅/平方英寸), 材 料 的 密 度 为 $0.1b/in^3$ (磅/立方英寸), 荷 载 p=100 k i p (千磅)。 设 计 约 束 条 件 为 : 桁 架 允 许 最 大 应 力 ± 25 ksi (千磅/平方英寸); 各个节点最大的允许位移 (垂直和水平方向)都是 ± 2.0 in (英寸)。桁架布置同图 5.1。

NNIA 算法的参数选择依旧如下:活性种群规模 NA = 20; 克隆倍数为 CS = 100; 优势种群规模 NM = 100; 突变概率 pm = 0.1,最大迭代数 $g \max = 200$ 。

下面从求解的收敛过程、边界值以及对应的杆件面积两项内容进行分析。 (1)收敛过程

跟踪种群目标空间中个点的位置有利于分析出迭代的收敛过程。现分别将 迭代到1代、10代、50代,100代,150代和200代后,当前抗体群的目标向量在 目标空间中收敛形成的 Pareto 前沿形状用下图 5.14 加以直观表示。由图可见, 迭代 50代之后种群中就已经都是非支配个体,其数量为100,但是没有完全收 敛到真实的 Pareto 最优前沿;具有一定的多样性,而且覆盖区域内的解尚不是 十分均匀,边界点的拓展也不够。随着迭代次数的增加,种群目标向量更加逼 近于 Pareto 最优前沿,边界不断拓展均匀分布。不难看出,到200代之后目标 空间中的点均为非支配解,且十分均匀,达到了多目标优化的效果。采用改进 的 NNIA 算法一次计算便可以得到更多更均匀的非支配解,能迅速显示出真实 Pareto 前沿的大致形状,很好的表达出了多目标优化的要求。


图 5.14 10 杆平面桁架连续变量不同迭代次数 Pareto 前沿

(2) 极端点比较

本文求得的极端点坐标见表 5.19,极端点处杆件的截面积见表 5.20。

表 5.19 10 杆桁架 NNIA 多目标优化极端点坐标比较

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|---------|-------|------------|--------|
| 1 伊 | 极大质量点 | 6773.144 | 2.1509 |
| | 极大位移点 | 3049.829 | 4.9126 |
| 10 代 | 极大质量点 | 6898.563 | 1.8417 |
| 101 | 极大位移点 | 1962.286 | 6.9416 |
| 50 代 | 极大质量点 | 9417.5957 | 1.2991 |
| 50 1 4 | 极大位移点 | 1779.7489 | 6.9595 |
| 100 伊 | 极大质量点 | 12910.4865 | 1.1689 |
| 100 1 4 | 极大位移点 | 1771.16005 | 6.9954 |
| 150 伊 | 极大质量点 | 12910.4865 | 1.1689 |
| 150 1 | 极大位移点 | 1764.0536 | 6.9878 |

同济大学 硕士学位论文 多目标优化设计的免疫算法研究

| 200代 - | 极大质量点 | 12910.4865 | 1.1689 | |
|--------|-------|------------|--------|--|
| | 极大位移点 | 1754.9450 | 6.9987 | |

迭代 50 代之后目标空间中的所有点均为非支配解,结果见图 5.15,由此图可知,200 代时种群所有个体的目标向量均收敛到当前 Pareto 最优前沿,且在该前沿的大部分区域都能够非常均匀的分布。其中最轻设计总重量为1754.9450*lb*,控制点位移为 6.9987 *in*;而控制点位移最小设计为 1.1689 *in*,总重量为 12910.4865 *lb*。

表 5.20 10 杆桁架多目标优化 NNIA 不同迭代次数极端点坐标比较

| | 50 | 代 | 100 |)代 | 150 |)代 | 200 |)代 |
|-----|------|-------|------|------|------|------|------|------|
| 单元 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 |
| 编号 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 |
| _ | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 |
| X1 | 11.5 | 33.5 | 11.5 | 33.5 | 11.5 | 33.5 | 11.5 | 33.5 |
| X2 | 1.62 | 4.22 | 1.62 | 33.5 | 1.62 | 33.5 | 1.62 | 33.5 |
| X3 | 7.22 | 33.5 | 7.22 | 33.5 | 7.22 | 33.5 | 7.22 | 33.5 |
| X4 | 4.22 | 33.57 | 3.84 | 33.5 | 3.84 | 33.5 | 3.63 | 33.5 |
| X5 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 |
| X6 | 1.62 | 7.22 | 1.62 | 33.5 | 1.62 | 33.5 | 1.62 | 33.5 |
| X7 | 4.49 | 33.5 | 2.38 | 33.5 | 3.84 | 33.5 | 3.84 | 33.5 |
| X8 | 4.97 | 33.5 | 7.22 | 33.5 | 4.59 | 33.5 | 4.97 | 33.5 |
| X9 | 4.22 | 33.5 | 4.18 | 33.5 | 4.97 | 33.5 | 4.8 | 33.5 |
| X10 | 1.62 | 4.18 | 1.62 | 33.5 | 1.62 | 33.5 | 1.62 | 33.5 |

注: 单位为*in*²





图 5.15 10 杆平面桁架离散变量不同迭代次数 Pareto 前沿极值



图 5.16 10 杆离散多目标优化设计 Pareto 前沿与文献单目标最优结果比较

用文献^[57]中在相同条件下得出的单目标最优结果和本文中这一多目标优化 结果进行对比(如图 5.16)。不难看出,文献中的单目标优化结果正好基本与 NNIA 优化结果中的一个解(5503.56,2.0395)重合。单目标优化之后取得的最 优解并没有位于多目标优化获得的Pareto最优前沿极端点位置,而是处于Pareto 最优前沿的中段。究其原因,可以发现,文献^[57]中对10杆桁架单目标优化的条 件均与多目标优化完全相同,唯一不同的是单目标的一个约束条件刚好是控制 点的位移不能超过2 *in*,单目标优化获得的最优解实际上就是控制点的位移取 2 *in*时,整体桁架结构的最小质量,而在图 5.16 中的纵坐标取值 2.0395 *in*,正 好在这个值附近。即本例中的离散多目标优化所得到的Pareto最优前沿中近似

| 单元编号 | NNIA | PSO ^[58] | GA Mahfouz(1999) ^[59] | ACO Camp and Bichon(2004) ^[60] | BB-BC ^[57] |
|-----------------|---------|---------------------|-------------------------------------|---|-----------------------|
| X1 | 33.5 | 33.5 | 33.5 | 33.5 | 33.5 |
| X2 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 |
| X3 | 22.9 | 22.9 | 22.9 | 22.9 | 22.9 |
| X4 | 13.9 | 14.2 | 14.2 | 14.2 | 14.2 |
| X5 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 |
| X6 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 |
| X7 | 7.97 | 7.97 | 7.97 | 7.97 | 7.97 |
| X8 | 22.9 | 22.9 | 22.9 | 22.9 | 22.9 |
| X9 | 22.9 | 22.0 | 22.0 | 22.0 | 22.0 |
| X10 | 1.99 | 1.62 | 1.62 | 1.62 | 1.62 |
| 质量(<i>lb</i>) | 5503.56 | 5490.74 | 5490.74 | 5490.74 | 5490.74 |

表 5.21 10 杆桁架离散变量设计截面与文献^[57]比较

注:截面面积单位: in²

包含离散单目标最优化的设计的结果。由此可见,NNIA 算法求解 10 杆空间桁 架多目标离散问题能够给出一个很好的近似 Pareto 最优前沿。表 5.21 则将多目 标优化中这一特殊点对应的桁架截面积值提取出来,分别与文献^[57,58]获取的结 果进行了比较。

2. 二十五杆桁架结构采用离散变量进行计算。

25 杆空间桁架结构同上例表 5.4,采用离散变量的多目标结构优化问题设计,即以每组杆件的截面积为离散的设计变量,优化此结构使其总重量最轻的同时,节点1的垂直位移最小。相关的结构参数如下:各杆使用相同的材料。 密度 $\rho=0.1lb/in^3$,弹性模量 $E=10^7 psi$,允许应力 $[\sigma]=\pm40ksi$ 。设计变量,即离散截面面积集合的取值范围为从0.1 in^2 到3.4 in^2 之间,是以0.1 in^2 为增量的 34 个截面。依照 25 杆连续变量的例子,仍然将杆件分为 8 种截面大小,搜索空间的规模近似大小为1.79×10¹²。为了便于同文献^[57]的结果进行比较,设计荷载采用和文献相同的单工况荷载,具体如下表所示。

| 节点 | Fx(kips) | Fy(kips) | Fz(kips) |
|----|----------|----------|----------|
| 1 | 1.0 | -10.0 | -10.0 |
| 2 | 0 | -10.0 | -10.0 |
| 3 | 0.5 | 0 | 0 |
| 6 | 0.6 | 0 | 0 |

表 5.22 25 杆单工况荷载表

注: 1kip=4.45KN

NNIA 算法的参数选择依旧:活性种群规模 NA = 20;克隆倍数为 CS = 100; 优势种群规模 NM = 100;突变概率 pm = 0.1,最大迭代数 g max = 300。

下面仍然从求解的收敛过程、边界值以及对应的杆件面积几项内容着手进行分析。

(1) 收敛过程





图 5.17 不同迭代次数下 Pareto 最优前沿的收敛情况

跟踪种群目标空间中各点的位置以分析出迭代的收敛过程。现分别迭代到 50 代,100 代,150 代和 200 代,此外还进行了迭代 10 代和 300 代的工作,以进 行更为细致的比较说明。当前抗体群的目标向量在目标空间中收敛形成的 Pareto 前沿形状用图 5.17 加以直观表示。由图可见,迭代到 50 代时就都是非支 配个体,种群个体数量为 100,没有完全收敛到真实的 Pareto 最优前沿;具备 一定的多样性,但覆盖区域内的解还不均匀,同时边界点的拓展,特别是垂直 方向的拓展很不够。随着迭代次数的增加,种群目标向量更加逼近于 Pareto 最优前沿,同时边界不断拓展,形成光滑均匀分布的曲线图形。不难看出,到 200 代已经达到了多目标优化的效果。可见采用改进的 NNIA 算法求解,不但能够 迅速显示出真实 Pareto 前沿的大致形状,而且很好的表达出了多目标优化的要求。

(2) 极端点比较

本文将 NNIA 求得的 25 杆离散变量极端点坐标值以表 5.23 表示,极端点 处杆件的截面积取值见表 5.24 所示

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|------|-------|----------|----------|
| 10 伊 | 极大质量点 | 997.4946 | 0.245136 |
| 10 代 | 极大位移点 | 77.92118 | 2.483153 |
| 50 代 | 极大质量点 | 1027.694 | 0.229051 |

表 5.23 25 杆桁架 NNIA 多目标优化极端点坐标比较

| | 极大位移点 | 42.68244 | 4.761945 |
|--------|-------|----------|----------|
| 100 伊 | 极大质量点 | 1041.194 | 0.228814 |
| 100 1 | 极大位移点 | 42.68244 | 4.761945 |
| 150 任 | 极大质量点 | 1054.694 | 0.228712 |
| 150 1 | 极大位移点 | 42.68244 | 4.761945 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 1053.194 | 0.228712 |
| 200 15 | 极大位移点 | 42.68244 | 4.761945 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 1050.944 | 0.228712 |
| 500 代 | 极大位移点 | 42.68244 | 4.761945 |
| | 极大质量点 | 977.39 | 0.2363 |
| CMOIA | 极大位移点 | 99.87 | 2.0281 |

第5章 基于桁架多目标的免疫算法优化设计

迭代 50 代之后目标空间中的所有点就均为非支配解,结果由图图 5.18 可知,迭代到 50 代时种群所有个体的目标向量均收敛到当前 Pareto 最优前沿,且在该前沿的绝大部分区域都能较均匀分布。至 200 代时,已经很均匀的分布收敛到最优前沿。其中最轻设计总重量为 42.6824*lb*,控制点位移为 4.7619 *in*;而控制点位移最小设计为 0.2287 *in*,总重量为 1053.194*lb*。相较于文献^[64]的结果,采用 NNIA 算法求得的极大质量点更大(极大位移点更小),Pareto 最优前沿拓展范围更大,由此可见本文采用的算法明显要优于文献^[64]所提出的一种有约束的多目标免疫算法。

| | 10 | 代 | 50 | 代 | 100 |)代 | 150 |)代 | 200 |)代 | 300 |)代 |
|----------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 出一 | 极大 |
| 半儿 佗巳 | 位移 | 质量 |
| 狮勺 | 点截 |
| | 面积 |
| X1 | 0.1 | 3.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.5 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 |
| X2 | 0.1 | 2.5 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X3 | 0.5 | 3.4 | 0.2 | 3.4 | 0.2 | 3.4 | 0.2 | 3.4 | 0.2 | 3.4 | 0.2 | 3.4 |
| X4 | 0.2 | 2.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.1 |
| X5 | 0.3 | 2.9 | 0.1 | 2.8 | 0.1 | 2.8 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X6 | 0.2 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X7 | 0.1 | 2.7 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X8 | 0.4 | 3.4 | 0.2 | 3.4 | 0.2 | 3.4 | 0.2 | 3.4 | 0.2 | 3.4 | 0.2 | 3.4 |

表 5.24 25 杆桁架多目标优化 NNIA 不同迭代次数极端点坐标比较

注: 单位为*in*²





图 5.18 不同迭代次数下 Pareto 最优前沿的分布和极值



图 5.19 25 杆离散多目标优化 Pareto 最优前沿与文献单目标最优结果比较

用文献^[61]中相同条件下得出的单目标最优结果和本文中这一多目标优化迭 代 300 代获得的结果进行对比 (如图 5.19)。不难看出,文献中的设计正好基本 与 NNIA 优化结果中的一个解重合(设计总重量为 485.2346*lb*,控制点位移为 0.3498 *in*),单目标优化之后取得的最优解并没有位于多目标优化获得的 Pareto 最优前沿极端点位置,而是处于 Pareto 最优前沿的中段。究其原因,可以发现, 文献^[61]中对 25 杆桁架单目标优化的条件均与多目标优化完全相同,唯一不同的 是单目标的一个约束条件刚好是控制点的位移不能超过0.35 *in*,单目标优化获 得的最优解实际上就是控制点的位移取0.35 *in*时,整体桁架结构的最小质量, 而在图 5.19 中的纵坐标取值 0.3498*in*,几乎与这个值重合。即本例中的离散多 目标优化所得到的 Pareto 最优前沿中近似包含离散单目标最优化的设计的结 果。由此可见, NNIA 算法不但求解 25 杆空间桁架多目标离散问题能够给出一 个很好的近似 Pareto 最优前沿,离散多目标优化所得到的 Pareto 最优前沿中还 包含离散单目标最优化的设计的结果。

表 5.25 则将多目标优化中这一特殊点对应的桁架截面积值提取出来,分别 与文献^[57,60,66,67]获得的结果进行了比较。

| | GA | | ACO | | | |
|-----------------|--|---------------------------|----------------------|------------------------|-------------------------|---------|
| 单元 | Rajeev and | GA | Camp and | BB-BC | BB-BC | NINII A |
| 编号 | Krishnamoorthy (1992) ^[66] | Cao(1996) ^[67] | Bichon(2004) [60] | Phase1 ^[57] | Phase 2 ^[57] | ININIA |
| X1 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.1 |
| X2 | 1.80 | 0.50 | 0.30 | 0.30 | 0.30 | 0.30 |
| X3 | 2.30 | 3.40 | 3.40 | 3.40 | 3.40 | 3.40 |
| X4 | 0.20 | .0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.10 | 0.10 |
| X5 | 0.10 | 1.90 | 2.10 | 2.10 | 2.10 | 2.20 |
| X6 | 0.80 | 0.90 | 1.00 | 1.00 | 1.00 | 1.00 |
| X7 | 1.80 | 0.50 | 0.50 | 0.50 | 0.50 | 0.50 |
| X8 | 3.00 | 3.40 | 3.40 | 3.40 | 3.40 | 3.40 |
| 质量(<i>lb</i>) | 546.01 | 485.05 | 484.85 | 484.85 | 484.85 | 485.23 |

表 5.25 25 杆桁架离散变量设计截面与文献比较 截面面积(in²)

表 5.26 25 杆离散桁架多目标优化结果与文献比较

| | GA | | ACO | | | | |
|-----------------|------------------------|---------------------------|--------------|------------------------|------------------------|---------------|---------|
| 单元 | Rajeev and | GA | Camp and | BB-BC | BB-BC | $DEMO^{[54]}$ | NINIT A |
| 编号 | Krishnamoorthy | Cao(1996) ^[67] | Bichon(2004) | Phase1 ^[57] | Phase2 ^[57] | DEMO | ININIA |
| | (1992) ^[66] | | [60] | | | | |
| 质量(<i>lb</i>) | 546.01 | 485.05 | 484.85 | 484.85 | 484.85 | 484.85 | 485.23 |
| 平均质量(lb) | | | 486.46 | 485.20 | 485.10 | 484.85 | |
| 迭代次数 | 800 | 15000 | 7700 | 6670 | 2420 | 500 | 300 |

表 5.26 特别把相关文献获得的结果和相应算法的迭代次数进行了比较,由 这个表可以看出,相比于文献^[54,57,60,66,67]中其他算法而言,本文中所采用改进 NNIA 算法收敛速度更快,运算迭代次数明显减少,同时其运算结果依然准确。 由此可见, NNIA 求解 25 杆空间桁架多目标离散变量问题确实能够快速给出一 个很好的近似 Pareto 最优前沿。

3. 72 杆桁架结构采用离散变量单工况进行设计

72 杆空间桁架结构同表 5.9 所示,离散设计变量多目标优化问题,即以每组 杆件的截面积为离散的设计变量,优化此结构使其总重量最轻的同时控制点的 垂直位移最小。相关的结构参数和 NNIA 算法的参数选择和 72 杆连续变量优化

算例相同。离散截面面积集合的取值范围为从 0.1 *in*² 到 3.4 *in*² 之间,是以 0.1 *in*² 为增量的 34 个截面。仍然将杆件分为 16 种截面大小。设计荷载采用单 工况荷载,具体荷载如下表所示。

| 力 | Fx(kips) | Fy(kips) | Fz(kips) |
|---|----------|----------|----------|
| 1 | 1.0 | -10.0 | -10.0 |
| 2 | 0 | -10.0 | -10.0 |
| 3 | 0.5 | 0 | 0 |
| 6 | 0.6 | 0 | 0 |

表 5.27 72 杆单工况荷载表

从求解的收敛过程、边界值以及对应的杆件面积两项内容进行如下分析。 (1)收敛过程

跟踪种群目标空间中各点位置,分别迭代到 50 代,100 代,150 代和 200 代。 当前抗体群的目标向量在目标空间中收敛形成的 Pareto 前沿形状用下图 5.20 加 以直观表示。由图可见,迭代 50 代之后种群中就都成为非支配个体,数量为 100,但没有完全收敛到真实的 Pareto 最优前沿;具备一定的多样性,覆盖区域 内的解还不均匀,边界点的拓展也不够。随着迭代次数的增加,种群目标向量 更加逼近于 Pareto 最优前沿,同时边界不断拓展,分布也更加均匀。不难看出,



图 5.20 72 杆离散变量不同迭代次数下 Pareto 最优前沿的收敛情况

到 200 代时目标空间中的点均匀拓展至目标空间中,达到了多目标优化的效果。 显然采用改进的 NNIA 算法求解,不但可以得到更均匀的非支配解,还能够迅 速显示出真实 Pareto 前沿的形状,表达出了多目标优化的要求。

(2) 极端点比较

本文将 NNIA 求得的极端点坐标值以表 5.28 列出,极端点处杆件的截面积 见表 5.29。

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|---------|-------|----------|----------|
| 50 伊 | 极大质量点 | 1468.705 | 0.00159 |
| 50 代 | 极大位移点 | 87.70896 | 0.053734 |
| 100 伊 | 极大质量点 | 1472.301 | 0.001586 |
| 100 代 | 极大位移点 | 85.30896 | 0.053737 |
| 150 伊 | 极大质量点 | 1545.054 | 0.001583 |
| 150 1 🕻 | 极大位移点 | 85.30896 | 0.053737 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 1577.557 | 0.001583 |
| 200 代 | 极大位移点 | 85.30896 | 0.053737 |

表 5.28 72 杆桁架 NNIA 多目标优化极端点坐标比较

表 5.29 72 杆桁架多目标优化 NNIA 不同迭代次数极端点单元截面比较

| | 50 代 | | 100代 | | 150代 | | 200 代 | |
|------|------|-----|------|-----|------|-----|-------|-----|
| 单元编号 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 |
| | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 |
| | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 |
| X1 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X2 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X3 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X5 | 0.1 | 1.9 | 0.1 | 2.6 | 0.1 | 3.3 | 0.1 | 3.4 |
| X6 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X7 | 0.1 | 3.3 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X8 | 0.1 | 1.9 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 | 0.1 | 3.4 |
| X9 | 0.2 | 0.3 | 0.2 | 0.1 | 0.2 | 0.3 | 0.2 | 0.4 |
| X10 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 |
| X11 | 0.1 | 0.6 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.2 |
| X12 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.3 | 0.1 | 0.8 |
| X13 | 0.1 | 0.5 | 0.1 | 0.7 | 0.1 | 0.5 | 0.1 | 0.5 |
| X14 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.2 |
| X15 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.3 | 0.1 | 0.2 |
| X16 | 0.1 | 0.4 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.8 | 0.1 | 0.8 |

注: 单位为*in*²

迭代 50 代之后目标空间中的所有点就均为非支配解,其中最轻设计总重量为 87.70896 *lb*,控制点位移为 0.053734 *in*;而控制点位移最小设计为 0.0016 *in*,总重量为 1468.705 *lb*。至 200 代时,水平方向已经很均匀的分布收敛到最优前沿。其中最轻设计总重量为 85.3090 *lb*,控制点位移为 0.05374 *in*;而控制点位移最小设计为 0.0016 *in*,总重量为 1577.577 *lb*。





图 5.21 单工况不同迭代次数下 Pareto 最优前沿的分布和极值

由图 5.21 可看出,从 50 代到 200 的得迭代过程中,种群所有个体的目标向 量收敛描绘出的当前 Pareto 最优前沿,随着迭代次数的增加,非支配解的分布 更加均匀,拓展的范围也有明显增加。

4. 72 杆桁架结构采用离散变量多工况进行设计

72 杆空间桁架结构仍旧同表 5.9 所示,相关的结构参数和 NNIA 算法的参数 选择不变。唯独设计荷载采用多工况荷载,具体如表 5.14 所示

依旧从求解的收敛过程、边界值以及对应的杆件面积等内容进行如下分析。 (1) 收敛过程

现分别在各自工况条件下,迭代到 50 代,100 代,150 代和 200 代。当前抗体 群的目标向量在目标空间中收敛形成的 Pareto 前沿形状用下图 5.22 和 5.23 加以 直观表示。由图可见,迭代 50 代之后种群由 100 个非支配个体组成,并没有完 全收敛到真实的 Pareto 最优前沿;虽然具备了一定的多样性,但是覆盖区域内 的解除了在水平方向上比较均匀之外,在竖直方向上的解还十分稀疏。同时边 界点的拓展也不够。随着迭代次数的增加,种群目标向量将会更加逼近于 Pareto 最优前沿,边界不断拓展均匀分布。不难看出,到 200 代之后目标空间中的点 已经达到了多目标优化的效果。显然本文采用的 NNIA 算法,可以迅速的得出 真实 Pareto 前沿的形状,很好的表达出多目标离散变量桁架结构优化的要求。



图 5.22 工况一条件下 72 杆离散不同迭代下 Pareto 最优前沿的收敛情况



图 5.23 工况二条件下 72 杆离散不同迭代下 Pareto 最优前沿的收敛情况

(2) 极端点比较

本文将 NNIA 求得的不同工况的极端点坐标值用表 5.30 和 5.31 分别表示, 表 5.32 和 5.33 列出的是不同工况的极端点相对应的桁架结构杆件截面积取值。

表 5.30 72 杆桁架多目标离散变量工况一优化极端点坐标比较

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|---------|-------|----------|----------|
| 50件 | 极大质量点 | 1306.556 | 0.038154 |
| 30 1 4 | 极大位移点 | 164.509 | 0.222728 |
| 100 伊 | 极大质量点 | 1321.617 | 0.038122 |
| 100 15 | 极大位移点 | 154.909 | 0.694478 |
| 150 (1) | 极大质量点 | 1728.946 | 0.037352 |
| 130 14 | 极大位移点 | 109.309 | 0.705981 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 1850.457 | 0.037156 |
| 200 15 | 极大位移点 | 85.30896 | 1.083223 |

表 5.31 72 杆桁架多目标离散变量工况二优化极端点坐标比较

| 迭代次数 | 位置 | 质量(lb) | 位移(in) |
|---------|-------|----------|----------|
| 50 伊 | 极大质量点 | 1733.914 | 0.138056 |
| 30 1 1 | 极大位移点 | 120.0421 | 2.243042 |
| 100 伊 | 极大质量点 | 1851.181 | 0.133251 |
| 100 1 | 极大位移点 | 87.70896 | 3.35811 |
| 150 (1) | 极大质量点 | 1931.275 | 0.131572 |
| 130 1 | 极大位移点 | 85.30896 | 3.902158 |
| 200 伊 | 极大质量点 | 1889.581 | 0.132021 |
| 200 1 5 | 极大位移点 | 87.70896 | 3.35811 |

表 5.32 72 杆桁架多目标离散变量工况一优化极端点杆件截面

| | 50代 | | 100 代 | | 150代 | | 200代 | |
|-------|-----|-----|-------|-----|------|-----|------|-----|
| 尚一伯旦 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 |
| 平九姍 5 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 |
| | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 |
| X1 | 1.0 | 3.0 | 0.2 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X2 | 1.0 | 1.5 | 0.1 | 1.5 | 0.1 | 2.8 | 0.1 | 3.0 |
| X3 | 1.0 | 1.6 | 0.1 | 1.5 | 0.1 | 1.6 | 0.1 | 1.9 |
| X4 | 1.0 | 1.2 | 0.1 | 1.2 | 0.1 | 2.1 | 0.1 | 2.7 |
| X5 | 0.9 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.2 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X6 | 1.0 | 2.1 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.2 |
| X7 | 1.0 | 1.0 | 0.1 | 0.6 | 0.1 | 1.2 | 0.1 | 1.7 |
| X8 | 1.0 | 0.9 | 0.1 | 2.5 | 0.1 | 2.8 | 0.1 | 3.0 |
| X9 | 0.2 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X10 | 1.0 | 0.4 | 0.1 | 1.4 | 0.1 | 2.2 | 0.1 | 2.3 |

第5章 基于桁架多目标的免疫算法优化设计

| X11 | 1.0 | 1.5 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| X12 | 1.0 | 1.0 | 0.1 | 0.8 | 0.1 | 0.5 | 0.1 | 1.1 |
| X13 | 1.6 | 3.0 | 2.9 | 3.0 | 1.0 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X14 | 1.0 | 2.1 | 0.1 | 1.8 | 0.1 | 2.7 | 0.1 | 2.7 |
| X15 | 1.0 | 1.5 | 0.1 | 1.8 | 0.1 | 2.1 | 0.1 | 2.1 |
| X16 | 1.0 | 0.6 | 0.1 | 0.7 | 0.1 | 0.9 | 0.1 | 1.0 |

表 5.33 72 杆桁架多目标离散变量工况二优化极端点杆件截面

| | 50代 | | 100代 | | 150代 | | 200代 | |
|-----|-----|-----|------|-----|------|-----|------|-----|
| 单元 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 | 极大位 | 极大质 |
| 编号 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 | 移点截 | 量点截 |
| | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 | 面积 |
| X1 | 0.8 | 3.0 | 0.2 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X2 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X3 | 0.1 | 0.5 | 0.1 | 0.5 | 0.1 | 2.1 | 0.1 | 0.9 |
| X4 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 |
| X5 | 0.4 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X6 | 0.1 | 2.8 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X7 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.8 | 0.1 | 0.1 |
| X8 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 |
| X9 | 0.1 | 2.8 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X10 | 0.2 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X11 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.2 | 0.1 | 0.3 | 0.1 | 0.1 |
| X12 | 0.1 | 0.4 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 | 0.1 |
| X13 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X14 | 0.1 | 2.5 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X15 | 0.1 | 2.7 | 0.1 | 2.5 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 3.0 |
| X16 | 0.1 | 1.6 | 0.1 | 3.0 | 0.1 | 1.4 | 0.1 | 3.0 |

注: 单位为*in*²





图 5.24 工况一不同迭代次数 Pareto 最优前沿的分布与极值



77



图 5.25 工况一下不同迭代次数 Pareto 最优前沿的分布和极值

图 5-24,图 5-25 直观表现出,在不同工况下,随着迭代次数的增加, 非支配个体种群逐渐完全收敛到真实的 Pareto 最优前沿,边界点的拓展和整 个 Pareto 最优前沿均匀度都有所提高。

5.3 本章小结

本章首先在非支配邻域选择的多目标免疫算法(NNIA)的基础上,对这一算 法进行了相应的补充和改进,使其可以解决有约束的桁架结构多目标优化问题。 接着针对连续变量和离散变量的不同情况,分别建立了基于最小重量(体积) 和控制点最小位移这两个性能指标的桁架双目标优化数学模型,并进行相应的 编程设计工作,通过对典型的10杆、25杆和72杆三种桁架结构在多种工况条 件下采用连续变量和离散变量的两个目标优化以及计算结果的分析对比,可得 到如下结论:

本文所提的 NNIA 方法,可以有效、快捷的进行桁架离散变量和连续变量的结构多目标优化设计,由它求得的解集能够很好的逼近真实的 Pareto 最优前沿,而且能在该前沿均匀分布,同时非支配解集中能够含有非常接近于单目标最优化结果的非支配解。由此验证出本文引入的 NNIA 算法不但能够克服以往算法在求解桁架结构问题中的诸多不足,而且具有更佳的收敛性和优越性,将其运用于复杂桁架连续和离散多目标优化问题中都是可行的和有效的。

第6章 结论与展望

6.1 结论

本文针对传统的结构优化方法在求解复杂的多目标优化问题中存在的通用 性差、效率低下、甚至是完全无法下手等各种问题,以及现存的一些现代智能 优化算法在求解较为复杂的优化问题面临的收敛性不佳等不足之处,将一种基 于免疫算法的桁架结构多目标优化设计新方法——基于非支配邻域选择的多目 标免疫算法(NNIA)引入到桁架结构的优化设计中。以优化问题的变量类型为导 向,分别建立了基于该方法的求解离散和连续变量优化问题的数学模型及程序, 通过对几种典型桁架结构的数值优化分析,并且与相关文献中优化结果进行比 较讨论,验证出本文所采用的 NNIA 算法在桁架优化问题中均有优良的表现, 具有更佳的收敛性和可行性,优于之前采用的多种结构优化方法。

本文的主要工作如下:

(1)本文将基于非支配邻域选择的多目标免疫算法(NNIA)这新算法引入 到桁架结构优化设计中。这一算法在解决无约束的多目标问题有不凡表现,在 对典型多目标测试函数的验证中实现了收敛迅速和结果精确的目标,证明算法 的有效性。

(2) 鉴于 NNIA 只能用于无约束问题的这一限制,本文对其进行相应的修改,使其可以解决有约束的桁架多目标优化问题。在此基础上,针对连续变量和离散变量的不同问题,分别建立基于该算法的离散变量和连续变量优化问题的数学模型和程序算法优化。

(3) 采用改进后的 NNIA,基于结构变量的不同情况对桁架算例进行优化 设计。通过对几种典型的桁架在多工况、多约束条件下的多目标数值优化模拟, 并与其他文献算法给出的结果进行比较分析,验证出本文引入的改进 NNIA 算 法能够克服以往算法在求解桁架结构问题中的诸多不足,具有更好的收敛性、 稳定性,不易困于局部优化,运算耗时更少等优点,此方法用于桁架多目标有 约束的各类变量结构优化是可行的和有效的。

6.2 进一步工作的方向

基于本文所做的研究以及所遇到的问题,作者认为下一步研究工作可以从 以下几个方面开展:

(1)免疫算法作为新的启发式算法,突变方法是影响算法收敛性能的重要

因素,应该研究更加有效的突变方法。同时参数的选取往往依赖优化问题的类型,应该系统的研究这一算法在不同优化问题中参数的选取规律;

(2)在多目标优化时,抗体进化过程中抗体的多样性会影响算法最终收敛的效果,应该研究更加简单有效的多样性方法。除了静力位移、应力约束之外,还应该考虑到桁架系统的动力位移、频率等动力特性方面的约束问题。同样,在今后的多目标优化问题中,也可以将结构的动力特性相关的参数作为另外的一个目标来进行处理;

(3)除了杆件单元之外,应该进一步讨论梁、板壳、索等多种不同类型和 特性单元,应该深入研究考虑材料、节点连接、制造以及使用、边界荷载、外 载荷等多种不确定因素的优化设计方法和可靠度指标计算;

(4)除了考虑基于结构性能的结构优化问题之外,还应该进一步研究结构 基于体系可靠性的优化设计问题和相关不确定性问题;

(5)应该结合相关规范开发相应的优化设计程序,用于实际的工程结构设计。

致谢

在同济读研快三年的时间,与漫长的人生路相比,就好似永福门院的俳句 "日暮月现,檐端吊影移消,片刻残留花上"一般,转瞬即逝。一个人独自置身 于校园的某个角落,静观樱木花道路上的落樱缤纷,图书馆后的水杉梧桐,黑 松林旁的曼珠沙华和三好坞畔的腊梅微雪,感觉自己一个人在魔都上海正悄然 经历着人生中又一个重要的成长阶段。回首自己的硕士生活,有兴奋和欢畅, 也有彷徨和迷茫。这些内心的经历正是我人生路上特别的一段风景,串联着过 去的我和将来的我,使我的生活变得更加充实和与众不同。这段不长不短的时 光必将成为我生命中又一段特别而又难忘的记忆。

从论文的选题到论文的定稿,本人受到了很多人的帮助,对此本人感激不尽。

首先感谢我的导师薛松涛教授与唐和生副教授,论文的选题、撰写到定稿, 都渗透着两位导师的悉心指导。薛老师性格洒脱、学识渊博,广阔的国际视野、 严谨的治学态度、勤奋的工作作风以及低调的处事风格都给我留下了非常深刻 的印象。唐老师年轻有为,思维活跃,工作勤奋,时刻关注学子的研究进展, 对于学生的指导更是毫无保留。从开始时论文的选题、文献的查询到后期程序 的调试、论文的写作等等诸多方面,唐老师都给予了中肯的指导。我从唐老师 那里学到了很多宝贵的研究经验与方法。没有两位老师在该领域的研究基础和 后续指导就不会有我今天学位论文的顺利完成。薛老师对本人的就业和读博选 择也十分关注,虽然我没有最终远赴意大利继续深造,但是仍然要向薛老师的 帮助表示感谢。此外,研究室的陈镕教授、谢丽宇老师和外语系的丁美芳老师, 在我的研究生学习阶段也给予了很大的指点和鼓励,在此也发自内心的感谢三 位老师。

在此要特别感谢我的爸妈和家人,感谢你们把我带到了这个世界上来,无 微不至的让我身心健康的长到这么大,感谢多年来你们对我不求回报的付出, 对我做出选择的支持和鼓励,对我任性和不懂事的理解与包容,这都是是我追 求梦想与不断前进的根本动力。

接下来特别感谢李峰和许锐博士师兄对我学业方面的大力支持与帮助;感谢申道明、白杰和胡长远等几位博士师兄;周进、王兆亮、李鹏飞三位已经毕业的硕士师兄;石家武、仲诚两位硕士同门,还有赵伟屹,王泽兴,于骁勇, 郭海超和王兰斌等和泉教研室的硕士师弟们,感谢你们的陪伴与鼓励,让我度 过了三年愉快而又美好的教研室生活。

感谢我的室友郑孝清和准室友黄维同学,和你们两年寝室生活的点点滴滴 都是这三年中最为美好的闪光,感谢 08 级结构所同班的陈迪、郭斌、秦彤、李 铁铮、刘创、李森和郭月荣同学,感谢你们和我一起分享梦想和过往为了梦想 奋斗的欣喜与挫折。感谢建工系的谢贺,胥宇祥同学在我论文成稿期间的无私 帮助,感谢经管学院的冯捷同学和设计学院来自台湾的黄世豪同学带给我不一 样的人生经历和各种故事,还要感谢曾经努力考研,现在努力奋斗工作的顾秀 生同学。感谢大家一直以来的陪伴和对我的鼓励与帮助。

感谢我的 SOULMATE 阎夏(summer)和我一如既往的分享相同的人生观

和价值观;感谢我的大学同学程鹏达、张婧和李新华,祝贺你们分别找到的人 生中的伴侣;感谢我的高中同学李振环、刘嘉,感谢你们对我的多年来的信任; 感谢穿开裆裤一起长大的王超、叶涛和周原同学,感谢你们和我分享宝贵的童 年,感谢大家在我读书期间给予我精神上无限量的鼓励和物质上的各种帮助, 正因为有了你们,我才一步步的走出人生的低谷和混沌,找到了目标,走到了 人生新阶段的开始。

最后,再次向所有帮助过我的老师、同学、朋友们表示衷心的感谢!感谢 大家能和我相遇、相识,感谢大家与我分享彼此人生中最为珍贵的阶段。

虽然时间是把杀猪刀,但是不论你我今后变成怎么样,不论 2012 是否是世界末日,我都会永远珍藏和大家在一起的限量版美好时光。

希望大家身体健康,享受每一天的生活,充实的活在当下;也希望我们能为那似远实近的梦想而不停奋斗和继续前行。

我会一如既往的在地球的一角想念亲爱的你们!!!

燕子在雨后的天空中盘旋 仿佛潘神在寻找迷宫的出口一面 风在屋顶留下品月的唇印 让云怀着怅然的心飘远

河畔的海棠和水杉柔枝曼展 映着香樟有点顾影自怜 老街的地面如同哥窑的青瓷 显出开片之后的金丝铁线

于是

于是我就在这个时候 这样一如既往地想到远方的你 希望天边的虹将这一份思念 带到你的身边

> 柴林峰 Derek-Terrence-Chai 2011 年 5 月 于同济土木学院 B506

参考文献

- [1] 孙焕纯, 柴山, 王跃芳. 离散变量结构优化设计. 大连:大连理工大学出版社, 1995
- [2] 郭鹏飞,韩英仕.结构优化设计-21世纪 高等学校新理念教材建设工程(新概念),沈 阳:东北大学出版社,2005
- [3] 丛明煜,王丽萍. 现代启发式算法理论研究. 高技术通讯, 2003, 13 (5), 103-110
- [4] 蔡文学,程耿东.桁架结构拓扑优化设计的模拟退火算法.华南理工大学学报,1998,26 (9):78-84
- [5] Dorigo M, Gambardella L M. Ant colonies for the traveling salesman problem.BioSysterms,1997,43:73-81
- [6] Dorigo M, Caro G D. Ant algorithms for discrete optimization .Artificial Life,1999,5(3):137-172
- [7] 焦李成. 免疫优化计算、学习与识别. 北京: 科学出版社, 2006
- [8] Kennedy J, Eberhart R. Proceedings of the 1995 IEEE International Conference on Neural Networks, Perth, November 27-December 1, 1995[C]. Piscataway: IEEE,1995
- [9] 刘璋,基于免疫算法的系统识别方法研究,上海:同济大学研究生硕士学位论文, 2009
- [10] 王重庆. 分子免疫学基础. 北京: 北京大学出版社, 1999
- [11] 肖运本. 免疫学基础及病原生物学. 北京: 中国医药科技出版社,1999
- [12] 马宝骊,肖祥熊. 医学免疫学. 上海:同济大学出版社, 1987
- [13] 阮幼冰, 武忠弼. 免疫病理学. 武汉: 湖北科学技术出版社, 1998
- [14] Leandro Nunes de Castro, Fernando Jose Von Zuben. Artificial immune systems: part I basic theory and applications. Technical Report DCA-RT,2000
- [15] Chun J S, Jung H K, HaHn S Y. A study on comparison of optimization performance between immune algorithm and other heuristic algorithms. Magnetics, 1998, 34(5) 2972-2975
- [16] 焦李成,杜海峰.人工免疫系统进展与展望.电子学报,2003,13(10)1540-1548
- [17] Jang-Sung Chu等. 免疫算法与其他模拟进化优化算法的比较研究[J].电力情报, 1998,1:61-63
- [18] A Tarakanov, D Dasgupta. A formal model of an artificial immune system[J]. Bio-Systems, 2000, 55:151-158
- [19] Endoh S, Toma N, Yammada K. Immune algorithm for n-TSP.IEEE International Conference on System, Man, and Cybernetics, 1998,4:3844.3849
- [20] 曹先彬,刘克胜,王熙法.基于免疫遗传算法的装箱问题求解。小型微型计算机系统, 2000,21 (4): 361-363
- [21] 漆安慎,杜婵英.免疫的非线性模型.上海:上海科学教育出版社,1998
- [22] Jerne N K. Towards a Network Theory of The Immune System. Paris: Ann Immunol, 1974
- [23] 莫宏伟, 左兴权, 毕晓君.人工免疫系统研究进展.智能系统学报. 2009.2;第4卷第1期, 21-29.
- [24] Maoguo Gong, Licheng Jiao, Haifeng Du and Liefeng Bo. Multi-objective Immune Algorithm with Non-dominated Neighbor-Based Selection. Evolutionary Computation

16(2):225.255

- [25] Arora JS. Introduction to Optimal Design. McGraw-Hill: New York, NY. 1989
- [26] Edgeworth, Francis Y sidro. Mathematical Physics. P. Keagan, London, England, 1881
- [27] Pareto, Vilfredo. Cours D'Economie Politique, volume I and II. F. Rouge, Lausanne, 1896
- [28] Stadler, W. Fundamentals of multi-criteria optimization. In W. Stadler, ed. Multi-criteria Optimization in Engineering and the Sciences, 1–25. Plenum Press, New York, 1988
- [29] Coello Coello, Carlos A, Nareli Cruz Cort és. An Approach to Solve Multi-objective Optimization Problems Based on an Artificial Immune System. In Jonathan Timmis and Peter J. Bentley, ed, First International Conference on Artificial Immune Systems(ICARIS'2002), University of Kent at Canterbury, UK, September 2002. ISBN 1-902671-32-5. 212–221
- [30] Horn, Jeffrey. Multi-criterion Decision making. In Thomas Back, David Fogel, and Zbigniew Michalewicz, eds, Handbook of Evolutionary Computation, volume 1, F1.9:1–F1.9:15. IOP Publishing Ltd. and Oxford University Press, 1997
- [31] Gallagher RH, Zienkiewicz OC. Optimal Structural Design: Theory and Application. John Wiley & Sons: Chichester, UK, 1973
- [32] Arora JS. Methods for discrete variable structural optimization. In Recent Advances in Optimal Structural Design, Burns SA (ed), ASCE (Chapter 1). 2002
- [33] Fu G,Frangopol DM.Balancing weight, system reliability and redundancy in a multi-objective optimization framework. Structural Safety, 1990a,7:165.175.
- [34] Fu G,Frangopol DM. Relability-based vector optimization of structural systems. Journal of Structrual Engineering, ASCE,2000,126(11):1339-1347.
- [35] Sarma KC, Adeli H. Fuzzy discrete multi-criteria cost optimization of steel structures. Journal of Structural Engineering, ASCE, 2000, 126(11):1339-1347
- [36] Goldberg DE. Genetic algorithm for search, optimization, and machine learning, Boston: Addison-Wesley Longnmn Publishing Co, Inc, 1989
- [37] Fonseca CM, Fleming PJ. Genetic algorithm for multi-objective optimization: Formulation, discussion and generation. In: Forrest S. ed. Proc. of the 5th Int'l Conf. on Genetic Algorithms. San Mateo: Morgan Kauffman Publishers. 1993, 416-423
- [38] Srinivas N, Deb K. Multi-objective optimization using non-dominated sorting in genetic algorithms. Evolutionary Computation, 1994, 2(3): 221-248
- [39] Horn J, Nafplliotis N, Goldberg DE. A niched Pareto genetic algorithm for multi-objective optimization. In: Fogarty TC, ed. Proc. of the 1st IEEE Congress on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE, 1994, 82-87
- [40] Zitzler E, Thiele L. Multi-Objective evolutionary algorithms: A comparative cage study and the strength Pareto approach. IEEE Trans. on Evolutionary Computation, 1999, 3(4): 257-271
- [41] Zitzler E, Laumanns M, Thiele L. SPEA2: Improving the strength Pareto evolutionary algorithm. In: Giannakoglou K, Tsahalis DT, Periaux J, Papailiou KD, Fogarty T, eds. Evolutionary Methods for Design, Optimization and Control with Applications to Industrial Problems. Berlin: Springer-Verlag, 2002, 95.100
- [42] Knowles, Joshua D, David W.Corne. Approximating the Non-dominated Front Using the Pareto Archived Evolution Strategy. Evolutionary Computation, 2000, 8(2): 149-172
- [43] Come DW, Knowles JD, Oates MJ. The Pareto-envelope based selection algorithm for

multi-objective optimization. In: Schoenauer M, Deb K, Rudolph G, Yao X, Lutton E, Merelo JJ, Schwefel HP, eds. Parallel Problem Solving from Nature, PPSN VI. LNCS, Berlin: Springer-Verlag, 2000. 869-878

- [44] Come DW, Jerram NR, Knowles JD, Oates MJ. PESA-II: Region-Based selection in evolutionary multi-objective optimization. In: Spector L, Goodman ED, Wu A, Langdon WB, Voigt HM, Gen M, et al. Proc. of the Genetic and Evolutionary Computation Conf, GECCO 2001. San Francisco: Morgan Kaufmann Publishers, 2001, 283-290
- [45] Deb K, Pratap A, Agarwal S, et al. A fast and elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II. IEEE Trans. on Evolutionary Computation, 2002, 6(2): 182-197
- [46] 公茂果, 焦李成, 杨咚咚等. 进化多目标优化算法研究. 软件学报. 2009. 20(2): 271-289
- [47] Coello Coello CA, Pulido GT, Lechuga MS. Handing multiple objectives with particle swarm optimization. IEEE Trans. on Evolutionary Computations, 2004, 8(3): 256-279
- [48] Coello Coello CA, Cortes NC. Solving multi-objective optimization problems using an artificial immune system. Genetic Programming and Evolvable Machines, 2005, 6(2): 163-190
- [49] Jiao LC, Gong MG, Shang RH, Du HF, et al. Clonal selection with Immune dominance and energy based multi-objective optimization. In: Coello Coello CA, Aguirre AH, Zitzler E, eds. Proc. of the 3rd Int'l Cone on Evolutionary Multi-Criterion Optimization, EMO 2005. Berlin: Springer-Verlag, 2005, 474.489
- [50] Curello, V., Nicosia, G., and Pavone, M. (2004). Exploring the capability of immune algorithms: A characterization of hype-mutation operators. Proceedings of International Conference on Artificial Immune Systems, ICARIS 2004, volume 3239 of Lecture Notes in Computer Science (PP.263-276)
- [51] Deb, K. (1999). Multi-objective genetic algorithms: Problem difficulties and construction of test problems. Evolutionary Computation,7(3):205–230.
- [52] Zitzler, E., Deb, K., and Thiele, L.(2000).Comparison of multi-objective evolutionary algorithms: Empirical results. Evolutionary Computation, 8(2):173–195.
- [53] Deb K ,Pratap A, Agarwal S, and Meyarivan T. A Fast and Elitist Multi-Objective. Genetic Algorithm: NSGA-II. IEEE Trans. On Evolutionary Computation,2002,6(2): 182-197
- [54] 王兆亮,基于微分演化算法的桁架结构优化设计,上海:同济大学研究生硕士学位 论文,2010
- [55] Fadel G, Li Y .Approximating the Pareto curve to help solve bi-objective design problems. Structural and Multidisciplinary Optimization,2002,23:280-296
- [56] 李峰,结构优化设计中免疫克隆选择算法的研究与应用,上海:同济大学研究生博 士学位论文,2009
- [57] Charles V.Camp. Design of space trusses using Big Bang-Big Crunch Optimization . Structural Engineering[J]. July,2007,999-1008
- [58] 李峰,唐和生,薛松涛等.粒子群优化算法在桁架优化设计中的应用.土木建筑与环境 工程,2009,Vol.31(1):7-12
- [59] Mahfouz, S.Y.(1999). "Design optimization of structural steelwork" Ph. D. thesis, Dept. of Civil And Environmental Engineering. Univ. of Bradford, United Kingdom.
- [60] Camp, C.V., and Bichon, B.J. (2004). "Design of space trusses using ant colony

optimization." Structural Engineering[J].,130(5),741-751

- [61] Venkayya V.B. Knot N.S., Reddy V.S. Energy distribution in an optimal structural design. AFFDL-TR-68-156, Flight Dynamics Laboratory, Wright-Paterson AFB, Ohio, 1969
- [62] Gellatly R.A., Berke L., Gibson W. The use of optimality criteria in-automated structural design. Proc. of 3rd Conf. on Matrix Methods in Structural Mechanics, Wright-Patterson Air Force Base, ohio, 1971, 557-590
- [63] Chao N.H., Fenves S,J., Westerberg A.W. Application of reduced quadratic programming techniques to optimal structural design, New directions in optimum structural design, E. Artrek, R.H. Gallagher, K.M. Radgsdell, et al. Wiley, 1984, New York
- [64] Guan-Chun Luh, Chung-Huei Chueh. Multi-objective optimal design of truss structure with immune algorithm .computers & structures, May 2004, Volume 82, Issues 11-12,829-844
- [65] ADELI H, KAMAL O. Efficient optimization of plane trusses. Advances in Engineering Software and Workstations, 1991, 13(3): 116-122
- [66] Rajeev S., Krishnamoorthy C.S. Discrete optimization of structures using genetic algorithms, J. Struct. Eng., 1992, 118(5): 1233-1250
- [67] Cao G. Optimized design of framed structures using a genetic algorithm, Ph.D. thesis, Univ. of Memphis, Tenn. 1996

个人简历 在读期间发表的学术论文与研究成果

个人简历:

柴林峰,男,1984年1月生。
2006年7月毕业于燕山大学 工程力学专业。
2006年9月至2008年7月为了梦想,坚持两次考研
2008年9月入同济大学硕士研究生。

 2008年9月—2011年6月
 同济大学
 土木工程学院
 结构所风工程硕士

 2002年9月—2006年7月
 燕山大学
 建筑工程与力学学院
 工程力学学士

已发表论文:

[1] 柴林峰, 唐和生. 自适应免疫克隆选择算法的参数识别. 佳木斯大学学报(自然科学版), 2011, 3: 168-172。