

کاربرد الگوریتم ژنتیک در شناسایی آسیب در سازه پلهای با عرشه بتنی

امید اقلیدس^۱، محسنعلی شایانفر^۲

۱- دانشجوی عمران دانشگاه علم و صنعت

۲- هیئت علمی دانشگاه علم و صنعت ایران

چکیده

این تحقیق شامل یک مطالعه تئوری و عددی در کاربرد الگوریتم ژنتیک برای پلهای با عرشه بتنی با استفاده از پاسخهای شتاب سنجی سازه می باشد. در این روش یک مدل اجزای محدود که حاکم بر معادله رفتار سیستم پل- وسیله نقلیه می باشد، بر اساس فرمولهای اجزای محدود پایه گذاری شده است. در تحلیل معکوس حاصل، این روش برای تعیین سختی خمشی سازه با استفاده از پاسخهای شتاب سازه از چندین نقطه اندازه گیری، ارایه شده است. همچنین، منابع مختلف خطاها شامل تأثیر نویز و خطاهای اولیه بررسی شده اند. در این پژوهش مثالی عددی برای نشان دادن صحت و دقت الگوریتم ژنتیک بر روی یک پل با عرشه بتنی فرضی (که از این پس به اختصار پل نامیده می شود) بررسی شده و نتایج آن قرار داده شده است.

کلمات کلیدی: آسیب، سازه پل، مدل اجزای محدود، شتاب، الگوریتم ژنتیک (GA).

۱- مقدمه

یکی از خواص ناخوشایند سیستمهای واقعی این حقیقت است که آنها شامل نواقص، عدم عملکردهای درست و بطور کلی مدهای رفتاری ناخواسته می باشند. این امر توضیح می دهد که چرا یک نیاز پیوسته برای نظارت دایمی و مطمئن سیستمها بر اساس استراتژیهای تشخیص نقص موثر وجود دارد. این امر بالاخص برای مهندسی سیستمهایی که پیچیدگی آنها بطور پیوسته بدلیل توسعه ناگزیر صنعت جدید و همچنین انقلاب اطلاعات و ارتباطات رشد می کنند، واجب می باشد. در طراحی و عملکرد سیستمهای مهندسی تشخیص خرابی یا آسیب نقش مهمی را در تئوری کنترل و عمل به آن بازی می کند.

خرابی یا آسیب^۱ به تغییری در یک سیستم سازه ای اطلاق می شود که این تغییر می تواند رفتار حال حاضر و یا رفتار آینده ی سیستم را مختل نماید. به بیان دیگر، هنگامی که در اثر بارهای وارده، یک ضعف در رفتار کل و یا یکی از عناصر سیستم سازه پدیدار گردد، این ضعف "خرابی یا آسیب" نامیده می شود. خرابی بر معادلات حاکم بر سیستم تأثیر می گذارد. لذا از طریق مقایسه ی یک سیستم سالم با سیستم خراب، می توان به میزان و موقعیت خرابی حادث شده پی برد. به چنین فرایندی، "تشخیص خرابی" اطلاق می گردد. خرابی را از نظر وسعت، می توان در مقیاس اندازه و زمان تعریف کرد. در مقیاس اندازه، خرابی از آسیب دیدگی مصالح شروع شده و به خراب شدگی اجزا و نهایتاً، آسیب دیدگی کل سازه ختم می شود. این در حالی است که در تعریف خرابی در مقیاس زمان، به مدت زمان گسترده شدن خرابی، توجه می شود (بعنوان مثال، خستگی جزو خرابیهایی است که در طول یک مدت زمان نسبتاً طولانی، حادث می گردد). از اینرو پایش سلامت سازه ها (بخصوص سازه های زیرساختی و مهم) طی سالیان اخیر از جایگاه ویژه ای برخوردار گردیده است.

پایش سلامتی سازه ها به مجموعه ی عملیاتی اطلاق می شود که عملکرد کنونی یک سازه را بررسی کرده و با توجه به شرایط موجود، راهکارهایی برای آینده تجویز می نماید. پایش سلامتی سازه ها، نه تنها باعث کاهش هزینه های مستقیم نگهداری و تعمیرات سازه ها بدلیل تشخیص خرابی در مراحل اولیه آسیب می شود، بلکه هزینه های غیر مستقیم موجود را هم بدلیل کمتر شدن تعداد بازبینی و ارزیابی سازه طی طول عمر، کاهش می دهد. در پایش سلامتی سازه ها، تجزیه و تحلیل اطلاعات بدست آمده از بازبینی سازه، محل و موقعیت آسیب های رخ داده را مشخص می نماید، و بر این اساس، پیرامون عملکرد سازه در آینده، تصمیم گیری می شود.

بطور کلی، فرایند تشخیص خرابی را می توان در چهار سطح دسته بندی نمود. این دسته بندی در تحقیقات رایتر نیز در سال ۱۹۹۳، دیده می شود [1]:

- سطح یک: تعیین وجود خرابی در سازه؛
- سطح دو: سطح یک به علاوه تعیین موقعیت هندسی خرابی؛
- سطح سه: سطح دو بعلاوه تعیین مقدار خرابی؛
- سطح چهار: سطح سه بعلاوه پایش بینی عمر باقیمانده سازه.

شایان ذکر است که عمده روشهای موجود، رسیدن به سطح دو را فراهم می سازند. برخی از روشها نیز، در کنار مدلسازی های سازه ای، دسترسی به سطح سه را ممکن ساخته اند. این در حالی است که برای دستیابی به سطح چهار، می بایستی مفاهیم وسیعی از مکانیک شکست، تحلیل خستگی، مبانی طراحی و غیره را در نظر داشت.

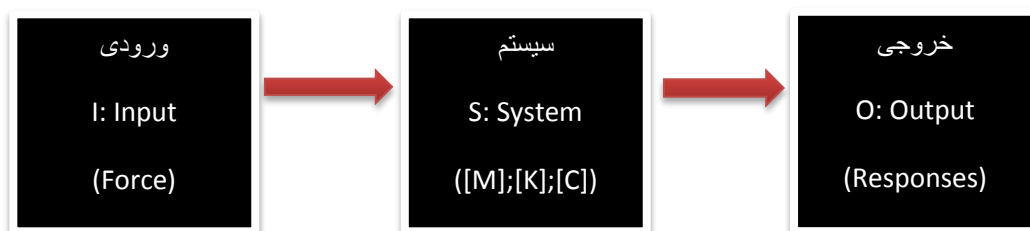
برای توضیح بهتر صورت مسأله ی تشخیص آسیب، سازه ی ساختمانی را بعنوان یک سیستم در نظر می گیریم. هر سیستم از سه بخش مهم تشکیل شده است که عبارتند از بخش ورودی، بخش اصلی سیستم و بخش خروجی. جایگاه هریک از این بخشها در شکل (۱) نشان داده شده است. ارتباط موجود در بین این بخشها، به طراحان کمک می کند تا سیستمی پویا و کامل طراحی نمایند [1].

¹ Damage



شکل (۱) بخش های مختلف تشکیل دهنده یک سیستم

در یک سازه ی ساختمانی، کمیت هایی نظیر ماتریس های جرم، میرایی و سختی سازه، بخش اصلی سیستم را تشکیل می دهند. بارهای دینامیکی (مثل زلزله و یا انواع ارتعاشات اعمال شده به سازه)، ورودی این سیستم تلقی می گردند. طبیعتاً، پاسخ و عکس العمل های سازه در برابر این بارها هم، خروجی سیستم در نظر گرفته می شوند. به این ترتیب شکل (۱) را برای یک سیستم سازه ای بصورت شکل (۲) ترسیم می نماییم.



شکل (۲) بخش های مختلف تشکیل دهنده سیستم سازه ی ساختمانی

آنچه در میانی طراحی و بحث دینامیک سازه ها مطرح می شود، یافتن پاسخ سازه با معلوم بودن بخش اصلی و ورودی سیستم می باشد. این بحث، با توجه به شکل (۲) بصورت رابطه زیر فرمولبندی می شود:

$$S(I)=O \quad (1)$$

که در آن، (S) سیستم و (I) ورودی، معلوم بوده و مجهول مسأله، خروجی سیستم یا همان پاسخ سازه (O)، می باشد. توجه شود که پاسخ سازه، می تواند کلیه پارامترهای دینامیکی سازه، نظیر پاسخ های تاریخچه زمانی و فرکانسهای طبیعی و اشکال مودی باشد.

موقعی که بحث پایش سلامت سازه مطرح می شود عملاً مجهولات متعددی در سیستم نشان داده شده در شکل (۲)، مطرح می گردند. همانطوریکه قبلاً اشاره شد هدف از پایش سلامت سازه ها، تعیین مشخصات اصلی سیستم از قبیل جرم، ضرایب سختی و میرایی بوده و آنچه که به عنوان نقطه شروع در دسترس است، سازه ساختمانی احداث شده می باشد. جهت رسیدن به هدف مذکور، نیاز است تا سایر مؤلفات سیستم سازه ای (ورودی و خروجی) معلوم و مشخص باشند. این کار با مجهز نمودن سازه به سنسورهای ثبت داده و اعمال یک ورودی به سازه، صورت می پذیرد. باین ترتیب، تنها مجهول باقیمانده، بخش اصلی سیستم خواهد بود. لذا در بحث تشخیص آسیب با یک "مسأله معکوس" روبرو هستیم. این مسأله معکوس را می توان بصورت رابطه (۱) فرمول بندی نمود. با این تفاوت که این بار، مجهول معادله، بخش اصلی سیستم (S) ، می باشد و هدف اصلی، تعیین ماتریس های مشخصات فیزیکی مدل آنالیزی سازه ی موجود (نظیر ماتریس های جرم، میرایی و سختی) است، به نحوی که این ماتریس ها قادر به تولید داده های ثبت شده از سازه ی نظارت شده باشند.

۲- مدلسازی المان محدود ارتعاش پل زیر بار متحرک

برای مدل المان محدود کلی از یک سازه الاستیک خطی مستقل از زمان، معادله حرکت بصورت زیر است [2]:

$$[M]\{z_{,tt}\} + [C]\{z_{,t}\} + [K]\{z\} = [B]\{F\} \quad (2)$$

بطوریکه $[M]$ و $[k]$ ماتریسهای جرم و سختی و $[C]$ ماتریس میرایی می باشد. متغیرهای Z و Z,t و Z,tt بترتیب بردارهای شتاب، سرعت، و جابجایی برای کل سازه می باشند و $\{F\}$ بردار نیروهای اعمالی می باشد و ماتریس $[B]$ ماتریس نگاشت است که این نیروها را به DoF های سازه می نگارد. یک میرایی نسبی برای نشان دادن تأثیر نسبت میرایی بر ضریب بزرگنمایی دینامیکی فرض گردیده است. میرایی رایلی، که در آن ماتریس میرایی متناسب با ترکیب ماتریسهای جرم و سختی است، بکار گرفته می شود. و داریم:

$$[C] = a_0[M] + a_1[K] \quad (3)$$

که در آن a_0 و a_1 ثابتهایی هستند که می بایست از دو نسبت میرایی مدال تعیین گردند. در صورتیکه یک تخمین دقیقتر از میرایی واقعی مورد نیاز باشد، یک شکل کلی تر از میرایی رایلی، بنام مدل میرایی Caughey می تواند مورد استفاده قرار گیرد. پاسخ دینامیکی سازه ها می توانند بوسیله ادغام عددی مستقیم با استفاده از روش نیومارک بدست آیند.

۲-۱- تابع هدف

تابع هدف مورد استفاده در این پژوهش به صورت زیر است:

$$F = 1 - |r| \quad (4)$$

به طوری که

$$r = \frac{Cov(R^*, R)}{S_{R^*} \cdot S_R} \quad (5)$$

که در آن R^* پاسخهای تجربی و R پاسخهای عددی هستند. $Cov(i, j)$ کوواریانس دو سری داده ی i و j است که با استفاده از رابطه ی زیر بدست می آید:

$$Cov(i, j) = \frac{\sum (i - \bar{i})(j - \bar{j})}{n - 1} \quad (6)$$

که در آن \bar{i} مقدار متوسط سری داده ی i و \bar{j} مقدار متوسط سری داده ی j است. n تعداد داده های موجود در هر یک از سری داده ها است.

همچنین S_i انحراف معیار سری داده ی i است که از رابطه ی زیر محاسبه می شود:

$$S_i = \sqrt{S_i^2} \quad (7)$$

که S_i^2 واریانس سری داده ی i است که از فرمول زیر بدست می آید:

$$S_i^2 = \frac{\sum (i - \bar{i})^2}{n - 1} \quad (8)$$

در واقع معادله ای برای اندازه گیری میزان همبستگی بین دو سری داده ی تجربی و عددی است که مقادیر آن بین -1 و 1 است. همانطور که در بالا مشاهده می شود، از $1 - |r|$ استفاده شده است تا مقادیر تابع هدف مورد استفاده بین 0 و 1 قرار گیرند. عدد 1 نشان دهنده ی همبستگی کامل بوده و 0 نشان دهنده ی این است که هیچ همبستگی بین دو سری داده وجود ندارد.

۲-۲- روش تابع جریمه

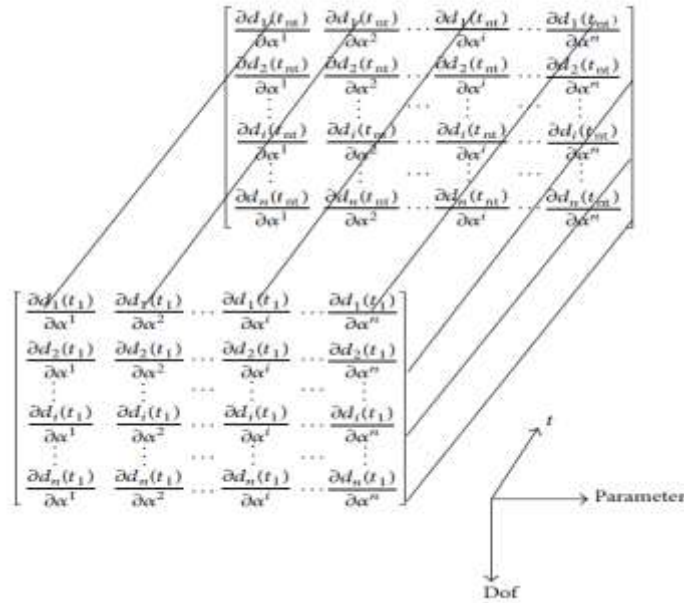
زمانیکه پارامترهای یک مدل نامعلوم هستند، آنها می بایست با استفاده از اندازه گیری داده ها تخمین زده شوند. پاسخ اندازه گیری شده یک تابع غیر خطی از پارامترها می باشد. بنابراین، حداقل نمودن خطا بین پاسخ اندازه گیری شده و پاسخ پیش بینی شده باعث تولید یک مسئله بهینه سازی غیرخطی می گردد.

روش تابع جریمه بطور کلی برای حساسیت مودال با یک تعمیم ناقص از سری تیلور به لحاظ پارامترهای نامعین بکار گرفته شده است. در این مقاله، سریهای ناقص پاسخهای دینامیکی از لحاظ پارامتر سیستمی α بکار گرفته شده اند تا فرمول مبتنی بر

حساسیت را بدست آورند. مساله شناسایی می تواند بصورت زیر بیان گردد تا بردار $\{\alpha\}$ بگونه ای یافت شود که پاسخ محاسبه شده به بهترین وجه با پاسخ اندازه گیری شده مطابقت داشته باشد، و داریم [3]:

$$[Q]\{R\} = \{\hat{R}\} \quad (9)$$

بطوریکه $[Q]$ ماتریسی با المانهای صفر یا یک می باشد، که مطابق با DoF های اجزای پاسخ اندازه گیری شده هستند. بردار $\{R\}$ می تواند از رابطه بالا بازای یک مجموعه از $\{\alpha\}$ بدست آید.



شکل (۳) ماتریس حساسیت سه بعدی

فرض کنید

$$\{\delta z\} = \{\hat{R}\} - [Q]\{R\} = \{\hat{R}\} - \{R_{cal}\} \quad (10)$$

بطوریکه $\{\delta z\}$ بردار خطا در خروجی اندازه گیری شده می باشد. در روش تابع پنالتی، داریم:

$$\{\delta z\} = [S]\{\delta \alpha\} \quad (11)$$

بطوریکه $\{\delta \alpha\}$ اختلال در پارامترها و $[S]$ ماتریس حساسیت دو بعدی می باشد که یکی از ماتریسها در زمان t در ماتریس حساسیت سه بعدی نشان داده شده در شکل (۳) می باشد. برای یک مدل اجزای محدود با N المان که هرکدام دارای M پارامتر سیستمی هستند، تعداد پارامترهای مجهول $N \times M$ می باشد، و بنابراین $N \times M$ معادله برای حل پارامترها مورد نیاز می باشند. ماتریس $[S]$ در صفحه پارامتر t در شکل ۳ قرار دارد، و ما می توانیم هر سطری از ماتریس حساسیت سه بعدی را انتخاب نماییم، فرض کنید ما سطر A مرتبط با A امین اندازه گیری را انتخاب نموده ایم. اگر رابطه را کامل بنویسیم، رابطه (۵) بصورت زیر در خواهد آمد:

$$\{\delta z\} = \begin{Bmatrix} \hat{R}(t_1) \\ \hat{R}(t_2) \\ \vdots \\ \hat{R}(t_i) \end{Bmatrix} - \begin{Bmatrix} R_{cal}(t_1) \\ R_{cal}(t_2) \\ \vdots \\ R_{cal}(t_i) \end{Bmatrix} \quad (12)$$

بطوریکه $l \geq N \times M$ می باشد تا از فرامعینی مجموعه معادلات اطمینان حاصل گردد. معادله (۶) می تواند از طریق روش حداقل مربعات بصورت زیر حل گردد:

$$\delta\alpha = [S^T S]^{-1} S^T \delta z, \quad (13)$$

$$\alpha_{j+1} = \alpha_j + [S_j^T S_j]^{-1} S_j^T (\hat{R} - R_{cal}) \quad (14)$$

زیرنویس j بیانگر تعداد تکراری است که در آن ماتریس حساسیت محاسبه شده است.

یکی از مشکلات مهم در تخمین پارامتر، بیمار بودن مسأله می باشد. در بدترین حالت، این می تواند بدین معنا باشد که هیچ راه حل یکتایی برای مسأله تخمین موجود نمی باشد و مجموعه پارامترهای بسیاری می توانند شرایط داده را احراز نمایند. بسیاری از فرایندهای بهینه سازی منجر به حل معادلات خطی برای پارامترهای نامعلوم می گردند. استفاده از تجزیه به مقدار تکی (SVD) برای این معادلات خطی باعث تعیین و مقدار دهی مسأله با شرایط بیمار می گردد. سپس گزینه ها شامل افزایش داده های موجود، که اکثر مواقع سخت و هزینه بر می باشد، یا فراهم آوردن شرایط اضافی برای پارامترها می باشد. این امر می تواند بصورت شرایط نرم شده (بعنوان مثال SVD کوتاه شده)، مقادیر حداقل نرم پارامتر (عادی سازی تیخونوف)، یا حداقل تغییرات از تخمینهای اولیه پارامترها می باشد [4].

۲-۳- اندیس خرابی المان

در مسایل معکوس شناسایی آسیب، فرض گردیده است که ماتریس سختی المان کامل بطور یکنواخت با آسیب کاهش پیدا می کند، و در صورت وجود آسیب سختی خمشی EI_i از المان محدود i ام در تیر، تبدیل به $\beta_i EI_i$ می گردد. تغییرات جزئی در سختی یک المان می تواند بصورت زیر بیان گردد [5]:

$$\Delta K_{bi} = (K_{bi} - \tilde{K}_{bi}) = (1 - \beta_i) K_{bi} \quad (15)$$

بطوریکه K_{bi} و \tilde{K}_{bi} امین ماتریس سختی بترتیب ماتریس تیر آسیب ندیده و تیر آسیب دیده می باشند. ΔK_{bi} کاهش سختی المان می باشد. یک مقدار مثبت از $\beta_i \in [0,1]$ بیانگر یک کاهش در سختی المان می باشد. المان i ام زمانی که $\beta_i = 1$ آسیب ندیده و زمانی که المان i ام کاملاً از بین رفته است $\beta_i = 0$ می باشد. ماتریس سختی سازه آسیب دیده ترکیب سختی همه المانها \tilde{K}_{bi} می باشد.

$$K_b = \sum_{i=1}^N A_i^T \tilde{K}_{bi} A_i = \sum_{i=1}^N \beta_i A_i^T K_{bi} A_i \quad (16)$$

بطوریکه A_i ماتریس تعمیم یافته المان جابجایی گرهی می باشد که جمع آوری ماتریس سختی کلی را از ماتریس سختی المان های زیر مجموعه خودش تسهیل می نماید.

۳-۱- محاسبات تکاملی

تکامل یک فرایند بهینه سازی است که هدف آن، بهبود قابلیت یک ارگانیسم (یا یک سامانه) برای زنده ماندن در محیطهای درحال تغییر دینامیکی و رقابتی است. الگوی این نوع محاسبات اصل اول در تکاملات طبیعی است که همان زنده ماندن متناسب-ترین یا قویترین می باشد. الگوریتمهای تکاملی از یک جمعیت متشکل از افراد استفاده می کنند بطوریکه هر فرد یک کروموزوم^۳

² Singular Value Decomposition

³ Chromosome

نامیده می‌شود. یک کروموزوم مشخصات افراد در جمعیت را تعیین می‌کند. هر مشخصه یک ژن نامیده می‌شود. تعداد هر ژن l نامیده می‌شود.

هدف افراد تولید مثل است. فرزندان از ترکیب بخشهایی از والدین و یک فرایند که فرایند دورگه سازی نامیده شده؛ بوجود می‌آیند. هر فرد می‌تواند دچار جهش شود که در تعداد آلل کروموزوم تغییر بوجود می‌آورد. توان ادامه حیات، توسط تابع تناسب⁵ اندازه‌گیری می‌شود که اهداف و قیود مسا له ای که باید حل شود را، در نظر می‌گیرد. پس از هر نسل، افراد ممکن است گلچین شوند یا ممکن است تا نسل بعدی دوام آورند که از آن به نخبه‌گرایی تعبیر می‌شود.

در این بخش، تمرکز ما بر تکامل بیولوژیکی است. در این دیدگاه، نظرات داروین⁶ و لامارک⁷ [1] محبوبترین و پذیرفته شده ترین نظریات هستند. در حالیکه داروین (1809-1882) بعنوان پایه گذار هر دوی تئوری تکامل و توارث رایج در نظر گرفته می‌شود. لامارک (1744-1829) احتمالاً اولین کسی بوده که در مورد تکامل بیولوژیکی، تئوری سازی کرده است.

تئوری ژان-باپتیست لامارک، تئوری تکامل ارث بود؛ بدین معنا که خصوصیات هر فرد، ارثی می‌باشد. ایده اصل این است که افراد در حین دوران زندگی خویش با محیط خود سازگار می‌گردند و خصوصیات خودشان را به فرزندانشان انتقال می‌دهند. این خصوصیات، بر اساس مفهوم استفاده و عدم استفاده استوار می‌باشد. بدین معنا که افراد خصوصیتی را که استفاده نمی‌کنند از دست می‌دهند و خصوصیتی را که نیاز دارند از طریق تمرین، آن خصوصیت کسب می‌کنند. نظریه داروین (انتخاب طبیعی) اینگونه بیان می‌کند که درجهانی با منابع محدود و جمعیت پایدار هر فردی دیگر بر سرزنده ماندن رقابت می‌کند. افرادی که دارای بهترین مشخصات (ویژگیها) باشند احتمال زنده ماندن و تولید مثل و انتقال این ویژگی‌ها به نسل بعدی برایشان بیشتر است. این ویژگی‌های مورد نظر که توسط نسل بعد به ارث برده شده اند؛ در طول زمان در میان جمعیت به ویژگی‌های غالب تبدیل می‌شوند. بخش دوم نظریه داروین بیان می‌دارد که در حین تولید یک فرزند، اتفاقات ناگهانی، باعث تغییرات ناگهانی در مشخصات فرزند می‌شود. اگر این ویژگیها برای موجود مورد نظر دارای سود باشند شانس زنده ماندن آن موجود افزایش می‌یابد.

محاسبات تکاملی (EC) اشاره به سامانه‌های حل مسأله کامپیوتری دارند که از مدل‌های محاسباتی فرایند های تکاملی مانند انتخاب طبیعی؛ زنده ماندن متناسب ترین و تولید مثل بعنوان اجزای اساسی چنین سامانه‌های محاسباتی استفاده می‌کنند [1].

۳-۲- الگوریتم تکاملی عمومی

تکامل از طریق انتخاب طبیعی یک جمعیت انتخاب شده بصورت تصادفی از افراد می‌تواند مشابه یک جستجو در میان فضای مقادیر کروموزوم ممکن، در نظر گرفته شود. از این لحاظ یک الگوریتم تکاملی (EA) یک جستجوی آماری برای پاسخ بهینه برای یک مسأله داده شده می‌باشد. فرایند این جستجو متأثر از اجزای اصلی یک EA به شرح زیر می‌باشد [1].

- کد نمودن راه‌های مسأله موجود بصورت یک کروموزوم

- یافتن تابعی برای ارزیابی تناسب یا توان زنده ماندن افراد

- تعیین مقدار اولیه جمعیت ابتدایی

- عملکردهای انتخاب

- عملکردهای تولید مثل

دسته‌های مختلفی از الگوریتم‌های تکاملی (EA) توسعه داده شده اند که از این بین الگوریتم‌های ژنتیک⁸ (GAs) تکامل ژنتیکی رامدل می‌نمایند و در ادامه به بررسی این الگوریتم می‌پردازیم.

یک الگوریتم GA دارای پارامترهای زیر است [6]:

$$GA(\text{Fitness}, \text{Fitness_threshold}, p, r, m) \quad (17)$$

- Fitness : تابعی برای ارزیابی یک فرضیه که مقداری عددی به هر فرضیه نسبت میدهد
- Fitness_threshold : مقدار آستانه که شرط پایان را معین میکند

⁴ Allele

⁵ Fitness function

⁶ Darwin

⁷ Lamarok

⁸ Genetic Algorithms

- p : تعداد فرضیه هائی که باید در جمعیت در نظر گرفته شوند
- r : در صدی از جمعیت که در هر مرحله توسط الگوریتم crossover جایگزین میشوند
- m : نرخ mutation

۳-۳-۳-ارایه کروموزوم

شیوه سنتی ارایه برای GA ها بردارهای باینری باطول ثابت هستند. درموردیک فضای جستجوی n_x بعدی هر فرد دارای n_x متغیر بوده که هرمتغیر بصورت دنباله ای از بیتها کد شده است .

اگر متغیر ها دارای مقادیر باینری باشند؛ طول هر کروموزوم، n_x بیت می باشد. اگر متغیرها، دارای مقادیر اسمی باشند هر مقدار اسمی می تواند بصورت یک بردار n_d بعدی کد شود بطوریکه 2^{n_d} تعداد کل مقادیر اسمی مجزا برای آن متغیر می باشد. برای حل مسایل بهینه سازی با متغیرهای با مقادیر پیوسته مسأله فضای جستجوی پیوسته می تواند به یک مسأله برنامه نویسی مجزا منجر شود. برای انجام این مطلب توابع نگاشت لازم می باشند تا فضای $\{0,1\}^{n_b}$ را به فضای \mathbb{R}^{n_x} تبدیل کنند. برای چنین نگاشتی هر متغیر با مقادیر پیوسته به یک بردار بیتی n_d بعدی نگاشته می شود [1].

$$\Phi: \mathbb{R} \rightarrow (0,1)^{n_d} \quad (18)$$

دامنه فضای پیوسته باید به یک بازه متناهی $[X_{min}, X_{man}]$ محدود شود. یک شیوه کد نمودن استاندارد باینری می تواند برای تبدیل $X = (x_1, \dots, x_j, \dots, x_{n_x})$ با $x_j \in \mathbb{R}$ برای افراد، با مقدار باینری یعنی $b = (b_1, \dots, b_j, \dots, b_{n_x})$ بطوریکه $b_j = (b_{(j-1)n_d+1}, \dots, b_{jn_d})$ بطوریکه $b_l \in \{0,1\}$ و تعداد کل بیتها، $n_b = n_x n_d$ بکار رود. کد نمودن b_j بصورت یک ارایه اعشاری با استفاده از تابع $\Phi_j: \{0,1\}^{n_d} \rightarrow [x_{min,j}, x_{max,j}]$ بصورت زیر ممکن می شود:

$$\Phi_j(b) = x_{min,j} + \frac{x_{man,j} - x_{min,j}}{2^{n_d-1}} \left(\sum_{l=1}^{n_d-1} b_{j(n_d-l)} 2^l \right) \quad (19)$$

۳-۴-جمعیت اولیه

روش استاندارد تولید جمعیت اولیه، تخصیص یک تعداد تصادفی از دامنه مجاز برای هریک از ژن های کروموزوم می باشد. هدف از انتخاب تصادفی، اطمینان از ارایه یکنواخت کل فضای جستجو می باشد. اگر جمعیت اولیه زیاد باشد، دامنه گسترده تری را شامل می شود و احتمال یافتن گزینه مناسب، بیشتر شده؛ ولی زمان آن زیاد می شود و اگر جمعیت اولیه کم باشد زمان آن کمتر شده؛ ولی برای پوشش بیشتر فضای جستجو، می باید جهش های بیشتری را در نظر گرفت [1].

مراحل ایجاد یک جمعیت جدید بصورت زیر است:

۱. select : تعداد $(1-r)p$ فرضیه از میان P انتخاب و به P_s اضافه کنید. احتمال انتخاب یک فرضیه h_i از

میان P عبارت است از:

$$P(h_i) = \text{Fitness}(h_i) / \sum_j \text{Fitness}(h_j) \quad (20)$$

• هر چه تناسب فرضیه ای بیشتر باشد احتمال انتخاب آن بیشتر است. این احتمال همچنین با مقدار تناسب فرضیه های دیگر نسبت عکس دارد.

۲. Crossover : با استفاده از احتمال بدست آمده توسط رابطه فوق، تعداد $(rp)/2$ زوج فرضیه از میان P انتخاب و با استفاده از اپراتور Crossover دو فرزند از آنان ایجاد کنید. فرزندان را به P_s اضافه کنید.

۳. Mutate : تعداد m درصد از اعضا P_s را با احتمال یکنواخت انتخاب و یک بیت از هر یک آنها را بصورت

تصادفی معکوس کنید

۴. Update : $P \leftarrow P_s$

۵. برای هر فرضیه h در P مقدار تابع Fitness را محاسبه کنید

۳-۵- تابع تناسب

یک تابع ریاضیاتی برای تعیین اینکه راه حل ارایه شده بوسیله یک کروموزوم چقدر مناسب است بکار گرفته می شود. تابع تناسب f یک کروموزوم را به یک مقدار اسکالر می نگارد [1].

$$f: \Gamma^{n_x} \rightarrow \mathbb{R} \quad (21)$$

که Γ نوع داده های المانهای یک کروموزوم n_x بعدی را نشان می دهد.

تابع تناسب بیانگر تابع هدف، Ψ ، بوده که مسأله بهینه سازی را بیان می کند. لزوماً نمایش کروموزوم با نمایش مورد نظر تابع هدف مرتبط نمی باشد. در چنین مواردی؛ یک توصیف تفصیلی از تابع تناسب بصورت زیر است:

$$f: S_C \xrightarrow{\Phi} S_X \xrightarrow{\Psi} \mathbb{R} \xrightarrow{Y} \mathbb{R}_+ \quad (22)$$

بطوریکه S_C بیانگر فضای جستجو تابع هدف، Φ تابع دکل نمودن کروموزوم، Ψ : تابع هدف، و Y تابع مقیاس (این تابع در انتخاب متناسب بکار رفته است تا از مثبت بودن مقادیر متناسب اطمینان حاصل شود) می باشد.

۳-۶- انتخاب

انتخاب، یکی از عملکردهای اصلی در EA ها بوده و مستقیماً با مفهوم زنده ماندن متناسب ترین نظریه داروین مرتبط است. هدف اصلی عملکردهای انتخاب، تاکید بر بهترین راه حل ها می باشد. این امر از دو گام اصلی زیر قابل دسترس می باشد.

- **انتخاب جمعیت جدید:** یک جمعیت جدید از راه حل های کاندید شده در انتهای هر نسل انتخاب می شود تا به عنوان جمعیت نسل بعدی باشد. جمعیت جدید تنها می تواند از فرزندان یا از هردوی والدین و فرزندان انتخاب شود. عملگر انتخاب باید اطمینان حاصل کند که افراد انتخابی در نسلهای بعدی دوام می آورند.
- **تولید مثل:** فرزندان از اعمال عملگرهای ضرب کراس^۹ یا جهش ایجاد شده اند. در مورد ضرب کراس، افراد برتر باید دارای فرصتهای بیشتری برای تولید مثل باشند تا اطمینان حاصل کنند که فرزندان دارای موارد ژنتیکی از بهترین افراد باشند. در مورد جهش مکانیزمهای انتخاب باید بر روی افراد ضعیف تمرکز کنند امید آن است که جهش افراد ضعیف منجر به معرفی خواص بهتر برای آنها گردد و بنابراین شانس زنده ماندن آنها افزایش می یابد.

۳-۷- عملگرهای تولید مثل

تولید مثل فرایند تولید فرزندان از والدین انتخابی از طریق اعمال عملگرهای ضرب کراس و با جهش می باشد. ضرب کراس فرایند تولید یک یا تعداد بیشتری افراد از طریق ترکیب مواد ژنتیکی که بصورت تصادفی انتخاب شده اند؛ از دو یا تعداد بیشتری والدین می باشد. اگر انتخاب بر روی متناسبترین افراد تمرکز نماید، فشار انتخاب ممکن است باعث همگرایی زود هنگام بدلیل تنوع کاهش یافته جمعیت های جدید شود.

جهش فرایند تغییر تصادفی مقادیر ژنها در یک کروموزوم است. هدف اصلی جهش، معرفی مواد ژنتیکی جدید در جمعیت می باشد و در نتیجه تنوع ژنتیکی را افزایش می دهد. جهش باید با احتیاط اعمال گردد تا مواد ژنتیکی مناسب را در افراد بسیار متناسب تغییر ندهد. بدین دلیل جهش با یک احتمال بسیار پایین اعمال می شود. بطور جایگزین احتمال جهش می تواند با تناسب افراد متناسب گردد. هر چه عضو نامتناسب تر باشد؛ بیشتر جهش پیدا می کند. برای ارتقای کاوش در نسلهای اول، احتمال جهش می تواند با یک مقدار بزرگ مقدار دهی اولیه شود که سپس با گذشت زمان کاهش می یابد تا اجازه بهره برداری را در خلال نسل های آخر بدهد.

تولید مثل از طریق جایگزینی نیز می تواند انجام شود. بدینگونه افرادی که به تازگی تولید شده اند جایگزین والدین خود می شوند، اگر تناسب فرزندان جدید بهتر از والدینشان باشد [6].

۳-۸- شرایط توقف

عملگرهای تکاملی بطور مکرر در یک EA اعمال می گردند تا زمانی که یک شرط توقف برآورده شود. ساده ترین شرط توقف محدود نمودن تعداد نسلهایی است که EA مجاز به اجرای آنهاست، یا یک محدودیت بر روی تعداد ارزیابی های تابع تناسب می باشد. این حد باید بسیار کوچک باشد، در غیر اینصورت EA زمان کافی برای کاوش در فضای جستجو نخواهد داشت.

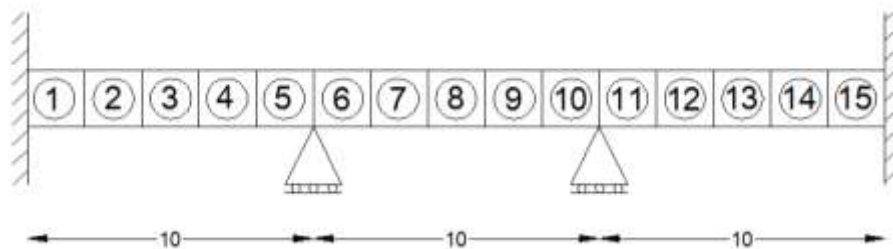
⁹ Crossover

علاوه بر وجود یک حد برای زمان اجرا، یک معیار همگرایی معمولاً برای شناسایی اینکه اگر جمعیت به همگرایی رسیده باشد، استفاده شده است. همگرایی زمانیست که جمعیت ایستا شده است. عبارت دیگر زمانیست که هیچ نوعی تغییر ژنی یا تغییر ظاهری در جمعیت اتفاق نیفتد. معیارهای همگرایی زیر می‌توانند استفاده گردند [1].

- **زمانیکه هیچ نوع بهبودی در طی نسلهای متمادی مشاهده نشد توقف نماید.** این مسأله می‌تواند از طریق مانیتور نمودن تناسب بهتری فرد شناسایی گردد. در صورتیکه هیچ بهبود چشمگیری در طی یک زمان مشخص رخ نداد EA می‌تواند متوقف شود همینطور اگر راه حل بدست آمده ارضا کننده نبود مکانیزمها می‌توانند برای افزایش تنوع به منظور اجبار برای اکتشاف بیشتر بکار روند. بعنوان مثال: احتمال جهش و اندازه گامهای جهش می‌توانند افزایش یابند.
- **زمانیکه تغییری در جمعیت ایجاد نشود، توقف نماید.** اگر طی نسلهای متمادی تغییر متوسط در اطلاعات ژنی بسیار کوچک باشد EA می‌تواند متوقف شود.
- **زمانیکه یک راه حل قابل قبول یافت شود، توقف نماید.** اگر $X^*(t)$ بیانگر بهینه‌ترین تابع هدف باشد؛ آنگاه در صورتیکه بهترین فرد x_i بگونه ای است که $|f(x_i) - \epsilon| \leq \epsilon$ آنگاه یک راه حل قابل قبول یافت شده است، ϵ آستانه خطا می‌باشد. اگر ϵ بسیار بزرگ باشد راه حل‌ها می‌توانند بد باشند. مقادیر بسیار کوچک ϵ نیز ممکن است باعث شوند EA اگر محدودیت زمان نداشته باشد؛ هیچگاه متوقف نشود.
- **زمانیکه شیب تابع هدف تقریباً صفر باشد توقف نماید.**

۴- نتایج عددی و مقایسه

به منظور نشان دادن کارایی روش پیشنهادی، مسئله‌ی تشخیص آسیب برای یک پل سه دهانه، با سه سناریوی آسیب مختلف حل شده است. مشخصات پل مطابق زیر هستند و سناریوهای آسیب در جدول ۱ نشان داده شده اند.



شکل (۴) پل سه دهانه

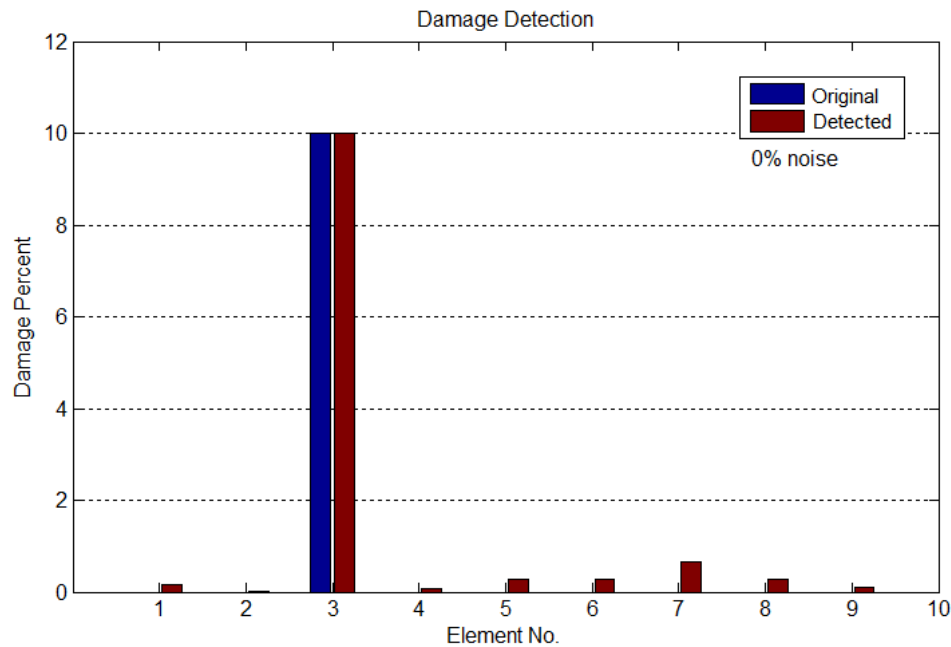
سازه‌ی مورد نظر در این مثال، یک پل سه دهانه به طول $L = 30m$ و با سطح مقطع مربعی به مساحت $A = 0.20 \times 0.20m^2$ است. مدول الاستیسیته‌ی مصالح تیر $E = 21Gpa$ و چگالی مصالح $\rho = 2500 kg/m^3$ است. بار متحرک عبوری از روی پل $P = 1000Kg$ با سرعت $V = 90m/s$ می‌باشد و ضریب پواسون پل 0.5 در نظر گرفته شده است. برای مدل‌سازی المان محدود، پل به ۱۵ المان، مطابق شکل (۴) تقسیم‌بندی شده است. بر روی این پل، سه حسگر در المان‌های ۳ و ۹ و ۱۳ نصب شده است.

جدول ۱- سناریوهای آسیب در نظر گرفته شده

شماره سناریو	مدل آسیب	آسیب وارد شده		میزان نوفه
		شماره المان	میزان آسیب	
۱	$k(3)=0.9$	3	0.1	0
۲	$k(5)=0.85$ $k(8)=0.9$	5	0.15	0
		8	0.1	
۳	$k(4)=0.85$ $k(7)=0.85$	4	0.15	0.05
		7	0.15	

۴-۱- سناریوی ۱

در سناریوی اول، المان سوم به مقدار ۱۰٪ دچار آسیب دیدگی شده؛ و با فرض عدم وجود هرگونه نوفه^{۱۰} در سامانه، نتایج بدست آمده در این حالت بصورت زیر است.



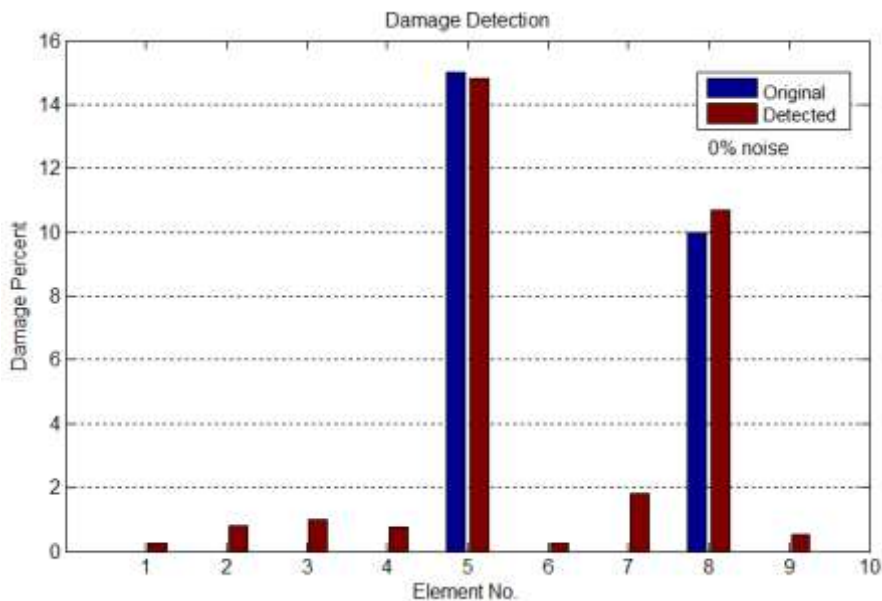
شکل (۵) نتایج تشخیص آسیب برای پل دوسرگردار- سناریوی اول

همانگونه که در شکل (۵) مشاهده می شود، خرابی در المان ۳ به درستی تشخیص داده شده و میزان خطای ما در این المان، صفر و در سایر المانها کمتر از ۱ درصد می باشد.

۴-۲- سناریوی ۲

در سناریوی دوم، المان پنجم به میزان ۱۵٪ و المان هشتم به میزان ۱۰٪ آسیب دیده‌اند. با فرض عدم وجود هرگونه نوفه در سامانه، نتایج بدست آمده در این حالت، بصورت زیر است.

¹⁰ Noise

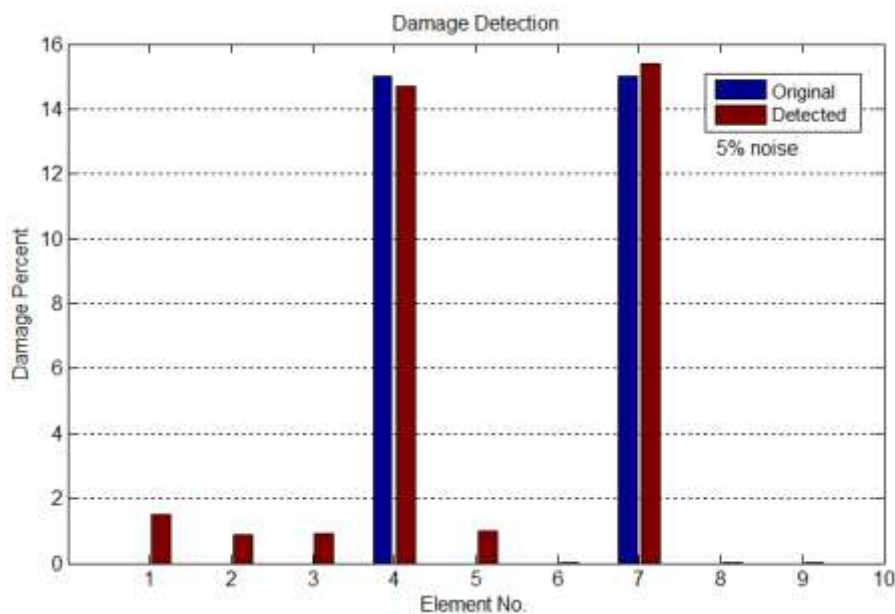


شکل (۶) نتایج تشخیص آسیب برای پل دوسرگیردار- سناریوی دوم

همانگونه که در شکل (۶) نشان داده شده است؛ آسیب در المان ۵ با خطای ۰/۵ درصد و در المان ۸ با خطای ۰/۸ درصد اندازه گیری شده است و در سایر المان‌ها، میزان خطا کمتر از ۲ درصد می باشند.

۳-۴- سناریوی ۳

سناریوی سوم بدین صورت است که المان‌های چهارم و هفتم هر یک به میزان ۱۵٪ آسیب دیده‌اند. نتایج بدست آمده برای این سناریو با اعمال ۵٪ نویز، به صورت زیر می باشد.



شکل (۷) نتایج تشخیص آسیب برای پل دوسرگیردار- سناریوی سوم

همانگونه که در شکل (۷) نشان داده شده است؛ آسیب در المان ۴ با خطای ۰/۴ درصد و در المان ۷ با خطای ۰/۵ درصد اندازه گیری شده است و در سایر المان‌ها، میزان خطا کمتر از ۲ درصد می باشند؛ که با توجه به نویز ۵ درصدی موجود، این مقادیر بسیار خوب می باشند.

۵- نتیجه گیری

در این پژوهش مراحل مدلسازی یک پل با استفاده از شیوه اجزای محدود تشریح و معادلات دینامیکی مربوط به آن ارایه شد. سپس الگوریتم ژنتیک بصورت تفصیلی برای بکارگیری بر روی جواب این معادلات جهت یافتن موقعیت آسیبها ارایه شد. الگوریتم ژنتیک از جمله الگوریتمهای بسیار کارآمد در شناسایی آسیب در سازه ها، و خصوصا سازه پل می باشد. از این الگوریتم در مسائلی که فضای جستجوی بزرگی دارند و همچنین در مسابلی با فضای فرضیه پیچیده که تاثیر اجزا آن در فرضیه کلی ناشناخته باشند، میتوان برای جستجو استفاده نمود. از اینرو در شناسایی آسیب در یک سازه که دارای فضایی بسیار بزرگی می باشد، این الگوریتم نتایج بسیار خوبی را می تواند برگرداند. برای اثبات این مدعا، در نهایت مثالی برای نشان دادن کاربرد این الگوریتم بر روی یک پل سه دهانه ارایه شد تا کاربرد آنرا نشان دهد. از نتایج حاصل مشهود است که موقعیت آسیب برای سه سناریوی آسیب مختلف، نشان می دهند که این الگوریتم دقت مناسبی برای تعیین محل دقیق آسیب در سازه پل را داراست.

مراجع

- [1] T. Marwala, "Finite-element-model updating using computational intelligence techniques", Springer, 2010.
- [2] AkbarMirzaee, Mohsenali Shayanfar, and Reza Abbasnia, "Damage Detection of Bridges Using Vibration Data by Adjoint Variable Method", Hindawi Publishing Corporation, Shock and Vibration Volume 2014, Article ID 698658, pages 17
- [3] H. Chen, C. Spyarakos, and G. Venkatesh, "Evaluating structural deterioration by dynamic response", Journal of Structural Engineering, vol. 121, pp. 1197-1204, 1995.
- [4] S. W. Doebling, C. R. Farrar, M. B. Prime, and D. W. Shevitz, "Damage identification And health monitoring of structural and mechanical systems from changes in their Vibration characteristics: a literature review", Los Alamos National Lab., NM (United States), 1996.
- [5] J. K. Vandiver, "Detection of structural failure on fixed platforms by measurement of Dynamic response", Journal of Petroleum Technology, vol. 29, pp. 305-310, 1977
- [6] H. Hao and Y. Xia, "Vibration-based damage detection of structures by genetic Algorithm", Journal of Computing in Civil Engineering, vol. 16, pp. 222-229, 2002.