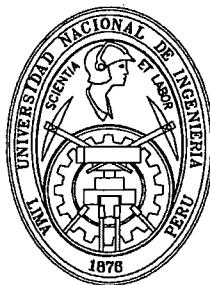


UNIVERSIDAD NACIONAL DE INGENIERÍA

Facultad de Ingeniería Industrial y de Sistemas

Sección de Post Grado



**OPTIMIZACIÓN DE CELOSÍAS BIDIMENSIONALES
MEDIANTE ALGORITMOS GENÉTICOS**

TESIS DE MAESTRÍA

**Para Optar el Grado Académico de
Maestro en Ciencias con Mención en:
INGENIERÍA DE SISTEMAS**

ING. GUIDO RODRÍGUEZ ZAMALLOA

LIMA - PERÚ

2010

Digitalizado por:

Consortio Digital del
Conocimiento MebLatam,
Hemisferio y Dalse

DEDICATORIA

A mi hijo Abel por sus incesantes preguntas.

A Karine y a Benz por esas discusiones filosóficas que este interesante campo suscita lo cual ha permitido madurar los criterios de este trabajo.

A mis padres Abel y Eldy por su comprensión y aprendizaje transmitido y a Mirtha por su apoyo y compañía.

Finalmente, a Dios por darme la capacidad y dejar las huellas en los vientos de Saywite...

AGRADECIMIENTO

Mi más profundo agradecimiento a mi asesor Doctor David Mauricio Sánchez, por sus sugerencias, sus observaciones, sus oportunos consejos y por su constante e inflexible exigencia.

Mi agradecimiento también a todos aquellos compañeros y profesores de Elavio, así como a los investigadores de EngOpt, que me permitieron contrastar el trabajo y dar la forma definitiva a los principios de la metodología que aquí se propone, de igual modo agradezco a los autores que han formado parte del estado del arte ya que gracias a ellos se ha encontrado la interesante interrelación entre el cálculo estructural, la genética, la matemática y las tecnologías de información. Gracias a todos por haber hecho posible este trabajo.

ÍNDICE

CAPÍTULO I. Planteamiento de la Investigación.....	1
I.1 Definición del Problema	1
I.2 Complejidad del Problema	3
I.3 Objetivos	6
I.3.1 Objetivo General.....	6
I.3.2 Objetivos Específicos.....	6
I.4 Hipótesis.....	7
I.5 Importancia Del Problema	7
I.5.1 Importancia Teórica	7
I.5.2 Importancia Metodológica.....	8
I.5.3 Importancia Práctica	8
CAPÍTULO II. Marco Teórico	9
II.1 Fundamentos del Cálculo Estructural.....	9
II.1.1 Estabilidad	9
II.1.2 Estructuras articuladas y Marcos Continuos.....	10
II.1.3 Determinación Estructural.....	11
II.1.4 Consideraciones de Diseño	13
II.1.5 Métodos de Cálculo Estructural.....	20

II.2	Los Algoritmos Genéticos	35
II.2.1	Conceptos Filosóficos de la Computación Evolutiva	35
II.2.2	Fundamentos Teóricos de los Algoritmos Genéticos.....	43
II.2.3	Técnicas de los Algoritmos Genéticos	47
CAPÍTULO III. Estado del Arte de la Optimización de Estructuras		65
III.1	Antecedentes	65
III.2	Variaciones y Modelos	69
III.2.1	Distribución de Materia	71
III.2.2	Distribución de barras.....	73
III.3	Software Existente	76
III.3.1	SW de Cálculo Estructural.....	76
III.3.2	SW de Algoritmos Genéticos	77
III.3.3	Optimización de Estructuras.....	89
CAPÍTULO IV. Metodología Propuesta.....		93
IV.1	Características de Especie.....	93
IV.2	Modelo de Optimización.....	93
IV.2.1	Nomenclatura	94
IV.3	Modelo Matemático	98
IV.3.1	Criterios de Optimalidad	99
IV.3.2	Restricciones	100
IV.3.3	Enfoque Multi Objetivo.....	108
IV.3.4	Administración de las Restricciones	109
IV.3.5	Esquema de Solución del Problema.....	113
IV.4	La Representación	114

IV.4.1	Discretización del Espacio Bidimensional.....	116
IV.4.2	El Cromosoma Propuesto.....	118
IV.4.3	Embriogénesis – El Algoritmo Ensamblador.....	123
IV.4.4	Operadores Genéticos Propuestos.....	128
IV.5	Evaluación y Selección	133
IV.5.1	Evaluación	133
IV.5.2	Selección	134
CAPÍTULO V. OTEMO		136
V.1	Requerimientos Mínimos.....	136
V.2	Descripción del Sistema.....	136
V.2.1	Preparación de Datos	137
V.2.2	Población Inicial.....	138
V.2.3	Proceso Evolutivo	139
CAPÍTULO VI. Experimentos Numéricos		142
VI.1	Alcances.....	142
VI.2	Instancias de Prueba.....	144
VI.2.1	Instancia de Prueba N°. 01	144
VI.2.2	Instancia de Prueba N°. 02	146
VI.3	Resultados Numéricos	149
VI.3.1	Instancia de Prueba N°. 01	149
VI.3.2	Instancia de Prueba N°. 02	156
Conclusiones.....		161
Recomendaciones.....		163
Glosario de Términos		164

Bibliografía	169
Índice de Figuras	177
Índice de Tablas	180

DESCRIPTORES TEMÁTICOS

- Algoritmos Genéticos
- Optimización de Celosías
- Optimización Topológica
- Optimización de Estructuras
- Representación Cromosómica

RESUMEN

La Optimización Topológica de Estructuras con Algoritmos Genéticos se ha desarrollado a través de tres técnicas principales: la propuesta manifestada originalmente por Bendsøe and Kikuchi (1), que se basa en una técnica de homogenización del material en micro estructuras (similar a una esponja) cuya densidad es modelada mediante una representación binaria; la propuesta desarrollada por Xie and Steven (2), llamada también ESO por sus siglas en inglés (evolutionary structural optimization), que se apoya en un principio de exclusión de miembros desde una celosía base usando codificación real o binaria; y, finalmente, la técnica de Voronoi, basada en la representación propuesta por Schoenauer (3).

Los resultados son alentadores, sin embargo, éstos presentan serios problemas por la alta tasa de inviabilidad luego de las operaciones genéticas, hecho que ha forzado a los investigadores a desarrollar filtros, mecanismos reparadores y otras alternativas para ensamblar el fenotipo, todo ello con un alto costo computacional. Otro gran problema con el que se enfrentan estos desarrollos es la necesidad de generar una malla equivalente de elementos finitos para la función de evaluación, lo que restringe la aproximación de los resultados e incrementa la carga computacional.

En este trabajo se propone una nueva técnica basada en la codificación de instrucciones de ensamble en un cromosoma, la misma que además considera una zona intrónica (no representativa) que permite el intercambio genético de celosías de diferentes tamaños y complejidad con lo que se ha reducido dramáticamente la tasa de inviabilidad luego de las operaciones genéti-

cas. El método es reforzado mediante el uso de un método matricial de cálculo de estructuras en la función de evaluación en lugar del MEF, lo cual permite liberarnos de la necesidad de la malla equivalente.

Los experimentos numéricos con instancias de la literatura muestran que esta técnica propuesta resulta más eficiente, no sólo por la mejor calidad de los resultados, sino además porque se requiere un menor tamaño de población y un menor número de generaciones.

INTRODUCCIÓN

Todo dispositivo construido por el hombre, desde cajas de embalaje hasta naves espaciales, requiere de una estructura que le otorgue la resistencia necesaria para satisfacer las solicitudes de cargas externas e internas al que estará sometido, manteniendo su equilibrio en condiciones de esfuerzo y deformación controladas.

Debido a la incidencia de la estructura sobre el costo total y el peso del producto final, la industria ha requerido de estructuras cada vez más eficientes, pero no fue sino hasta en la era aeroespacial en que se empezó a requerir de una estructura que, además de satisfacer estas las condiciones de esfuerzo y deformación descritas, tenga el mínimo peso, de esta manera nació el concepto de la Optimización Estructural - OE. En la actualidad, debido a la alta competitividad y el desarrollo de las Tecnologías de Información, la Optimización Estructural se ha convertido en una ventaja estratégica en varias ramas de la industria.

Los primeros trabajos se apoyaron en la Programación Matemática y la potencia del método de cálculo estructural de los Elementos Finitos – MEF, así se aprovechó la capacidad de este método para entregar estados de esfuerzo y deformación localizados, pero siendo la Optimización Estructural un problema NP-Completo, de complejidad asintótica no polinomial, la necesidad de información proveniente de gradientes de la Programación Matemática (PM) y de la discretización de la estructura del Método de Elementos Finitos (MEF) torna inviable rápidamente el problema para una cantidad de variables. El tamaño del espacio de búsqueda de este problema crece, con el número de variables, más rápido que el problema del agente viajero.

En el año 1975, los Algoritmos Genéticos fueron introducidos por Holland quien desarrolló una metodología sistemática que, imitando algunos de los mecanismos de la evolución de las especies, era capaz de generar nuevas soluciones a partir de la unión de soluciones progenitoras sin necesidad de conocer el tipo de problema a resolver. Este método es adecuado si el espacio de búsqueda es grande, accidentado, poco comprendido, o si la función de aptitud tiene mucho ruido, o, finalmente, si la tarea no requiere que se encuentre el óptimo global (encontrar una solución bastante buena con cierta rapidez resulta suficiente).

Pese a los resultados sumamente alentadores, la investigación en este campo ha encontrado un escollo que detiene su desarrollo y que se puede definir en dos problemas: el alto costo computacional que requiere la continua evaluación estructural en el proceso evolutivo y la alta tasa de inviabilidad causada por las operaciones genéticas.

En este trabajo se propone una representación cromosómica alternativa, 05 operadores genéticos especializados, método embrionario artificial alternativo, modelado en función de órdenes y criterios de construcción física de celosías y el método matricial de celosías de nudos articulados en lugar del MEF.

Las instancias conocidas en la literatura que han servido para la contrastación de varios desarrollos en este campo son abordadas también en este trabajo de investigación e igualmente contrastadas con los resultados más actualizados. Las soluciones obtenidas son sorprendentes no sólo por la eficiencia de las soluciones, sino también por la economía computacional de método, al requerir de poblaciones de individuos mucho más pequeñas y converger con números de generaciones también menores.

En el Capítulo I se desarrolla el planteamiento de la investigación, donde se define el problema, se plantean los objetivos y la hipótesis y, finalmente, se define la importancia teórica, metodológica y práctica del problema.

En el Capítulo II se desarrolla el marco teórico del cálculo estructural y de los Algoritmos Genéticos.

En el Capítulo III se desarrolla el estado del arte de la Optimización de estructuras, exponiéndose los métodos más conocidos en este campo de la investigación, los modelos existentes y los principios que los rigen. Así mismo, se presenta el Software más conocido en el mercado en los campos del Cálculo Estructural, Algoritmos Genéticos y Optimización de Estructuras.

En el Capítulo IV se expone la metodología propuesta, el modelo de optimización, el Modelo Matemático, la nomenclatura, el modelamiento de la función y funciones objetivo y de las restricciones. Se muestra también la representación cromosómica propuesta, se explica el principio de la misma, los operadores genéticos propuestos, criterios de parada, etc. Se explica también el método de cálculo estructural utilizado en lugar de los Elementos Finitos y los criterios utilizados para su aplicación.

En el Capítulo V se muestra el Software propuesto. Al plantearse un concepto novedoso aún no desarrollado en la literatura, resulta más práctico y eficiente desarrollar el propio código no sólo de los operadores genéticos, sino además de la estructura misma del sistema. El código está desarrollado en MatLab 7.3, las funciones de los operadores genéticos siguen un ordenamiento similar a las funciones del GA, sin embargo, por las razones indicadas en el párrafo anterior no se corre a través de él.

En el Capítulo VI se explican las instancias conocidas en la literatura las mismas que han sido abordadas por varios autores para la comparación de la eficiencia y eficacia de sus métodos. Antes de la comparación se explican las consideraciones realizadas a fin de que la comparación sea lo más equilibrada posible. Seguidamente, se muestran los resultados, los cuales son medidos y comparados tanto en eficacia (eficiencia de la solución) respecto a la satisfacción de la función objetivo y respecto a la eficiencia del método propuesto, comparando así los recursos computacionales utilizados medidos en tamaño de población y número de generaciones.

Finalmente, se muestran las conclusiones y recomendaciones, un Glosario de Términos, la Bibliografía y el índice respectivo de Figuras y Tablas.

CAPÍTULO I. PLANTEAMIENTO DE LA INVESTIGACIÓN

I.1 Definición del Problema

Las Celosías son un tipo de estructura conformada por elementos rectos concurrentes en nudos con comportamiento articulado conformando celdillas triangulares de geometría casi indeformable. Este tipo de estructura es de gran demanda en la industria por su simplicidad, bajo costo y facilidad constructiva y, además, porque permite construir básicamente cualquier forma.

Por lo general, el cálculo estructural suele ser complejo y muy operacional y los métodos de optimización basados en Programación Matemática trabajan con gradientes y matrices lo cual consume demasiado tiempo y carga computacional al resolver derivadas de orden superior. Se requería de un procedimiento capaz de trabajar directamente con el valor de la función sin información de derivadas o integrales que sea a su vez capaz de soportar un espacio de búsqueda muy grande, adecuadamente paralelas y, además, que puedan trabajar con funciones de mucho ruido o variabilidad, esto es, que sean en lo posible auto adaptativas.

En el año 1975, los Algoritmos Genéticos fueron introducidos por Holland quien desarrolló una metodología sistemática que, imitando algunos de los mecanismos de la evolución de las especies, era capaz de generar nuevas soluciones a partir de la unión de soluciones progenitoras sin necesidad de conocer el tipo de problema a resolver. Este método es adecuado si el espacio de búsqueda es grande, accidentado, poco comprendido, o si la función de aptitud tiene mucho ruido, o, finalmente, si la tarea no requiere que se

encuentre el óptimo global (encontrar una solución bastante buena con cierta rapidez resulta suficiente).

Estas características han llevado a un buen número de investigadores a refugiarse en la Computación Evolutiva y los Algoritmos Genéticos para la optimización de estructuras, utilizando siempre el MEF como herramienta de cálculo e información para la evaluación del desempeño de la estructura.

Sin embargo, existe un problema en el MEF, el método requiere de convertir el elemento a analizar en una malla equivalente, siendo la aproximación de los resultados proporcional al grado de discretización de la estructura, pero cuando esta malla equivalente posee demasiados puntos el problema suele tornarse en inviable, además del costo computacional que demanda, problema que fue advertido ya en la literatura, tal es así que los últimos trabajos incluyen mecanismos reparadores y otras alternativas para ensamblar el fenotipo sin que se recurra a incrementar la densidad de la malla. Sin embargo, los resultados no son del todo satisfactorios, la precisión suele ser poco aceptable y la convergencia se torna lenta.

Habría que considerar, además, que si bien los trabajos de investigación buscan minimizar en forma general el peso de la estructura, el mínimo costo no sólo depende del mínimo peso de la estructura, lo cual para el diseño sería importante, sino que además se debe considerar conceptos como dificultad de ensamblaje, costo de los nudos, estandarización de formas, respuesta a vibraciones, etc.

Finalmente, podemos precisar que el problema que nos ocupa es: "Encontrar una Estructura en Celosía de mínimo peso que satisfaga un sistema de cargas en condiciones de esfuerzo y deformación controlada", para lo cual nos proponemos desarrollar una metodología que nos permita la optimización celosías bidimensionales mediante Algoritmos Genéticos que aporte en la reducción de la tasa de inviabilidad en las operaciones genéticas y prescindir de la malla equivalente de Elementos Finitos.

I.2 Complejidad del Problema

Una de las notaciones más usadas para expresar la complejidad de un algoritmo es la denominada “O” (big-O, en inglés). La “complejidad Computacional” está definida en términos de requerimiento de recursos de tiempo y memoria.

Si denotamos $t = f(n)$ como el tiempo de procesamiento de un algoritmo y n el número de entradas y salidas, su suma o la magnitud de una de ellas. Este tiempo dependerá de la computadora en que se ejecuta el algoritmo, podemos determinar una $g(n)$ tal que $f(n) = O(g(n))$

Entonces al correr el algoritmo en una computadora usando los mismos tipos de datos, pero valores incrementales de n , el tiempo resultante siempre será menor que algún tiempo constante $|g(n)|$, así por ejemplo:

$$O(1) < O(\log n) < O(n) < O(n^2) < O(2^n)$$

Los problemas cuya complejidad está acotada por un polinomio son los denominados problemas **P**. Más detalladamente, podemos decir que un problema pertenece a esta clase si puede ser resuelto en tiempo polinomial en una computadora determinística.

Obviamente, las computadoras no determinísticas no existen en el mundo real.

Una de las clases de problemas de mayor complejidad son aquellos clasificados como **NP**, que agrupa a los problemas de decisión que pueden ser solucionados por la máquina de Turín no determinística. Cuando una computadora no determinística es confrontada con varias opciones, tiene el poder de “adivinar” la correcta (en caso de que ésta exista). Una computadora no determinística no hace nunca elecciones incorrectas que la hagan regresar a un estado previo (4).

El no determinismo es una herramienta imaginaria que hace que los problemas difíciles parezcan triviales. Su mayor valía radica en el hecho de que existe la forma de convertir un algoritmo no determinístico a uno determinístico, aunque a un costo computacional muy elevado.

- La clase **P** contiene problemas que pueden resolverse rápidamente.
- La clase **NP** contiene problemas cuya solución puede verificarse rápidamente.

Existe otra clase de problemas denominados **NP-complete** sumamente difíciles de resolver, pertenecen a esta categoría si a pesar de muchos intentos realizados no se consiga un algoritmo que resuelva el problema en un tiempo polinomial¹ mediante una computadora determinística. Un ejemplo de este tipo de problemas es el del viajero, en los cuales las variables de decisión son discretas y las soluciones suelen presentarse en la forma de permutaciones. A estos problemas se les denomina de optimización combinatoria

Existen muchas técnicas clásicas para resolver problemas con ciertas características específicas (por ejemplo, funciones lineales con una o más variables). Es importante saber al menos de la existencia de estas técnicas, ya que cuando el problema por resolverse se adecúa a ellas no tiene ningún sentido usar heurísticas.

Para **optimización lineal**, el método Simplex sigue siendo la opción más viable. Para **optimización no lineal**, hay métodos directos (p. ej. la búsqueda aleatoria) y métodos no directos (p. ej., el método del gradiente conjugado).

Uno de los problemas de las técnicas clásicas de optimización es que suelen requerir información que no siempre está disponible. Por ejemplo, métodos como el del gradiente conjugado requieren de la primera derivada de la función objetivo. Otros, como el de Newton, requieren además de la segunda derivada. Por tanto, si la función objetivo no es diferenciable (y en algunos

¹ La relación entre el tamaño del problema y su tiempo de solución es polinómica.

casos, ni siquiera está disponible en forma explícita), estos métodos no pueden aplicarse.

Existen pues problemas que no pueden resolverse usando un algoritmo que requiera tiempo polinomial. De hecho, en muchas aplicaciones prácticas no podemos siquiera decir si existe una solución eficiente. Asimismo, hay muchos problemas para los cuales el mejor algoritmo que se conoce requiere tiempo exponencial.

Asimismo, hay muchos problemas para los cuales el mejor algoritmo que se conoce requiere tiempo no polinomial. Cuando enfrentamos espacios de búsqueda tan grandes como en el caso del problema del viajero, y que además los algoritmos más eficientes que existen para resolver el problema requieren tiempo exponencial, resulta obvio que las técnicas clásicas de búsqueda y optimización son insuficientes. Es entonces cuando recurrimos a las "heurísticas".

Una heurística es una técnica que busca soluciones buenas (es decir, casi óptimas) a un costo computacional razonable, aunque sin garantizar factibilidad u optimalidad de las mismas. En algunos casos, ni siquiera puede determinar qué tan cerca del óptimo se encuentra una solución factible en particular. (5)

Una forma para obtener soluciones próximas a la óptima (soluciones eficientes) en caso de problemas del tipo NP, en un tiempo razonable, es aplicando técnicas Meta heurísticas (6).

La Optimización Topológica de Estructuras es un problema NP-Completo, si consideramos:

$$B = C_{m,2} = \frac{m!}{2!(m-2)!}$$

Donde:

m número de puntos de red

B Número de Nexos

s Número de Soluciones

Entonces el número de posibles soluciones esta dado por:

$$s = \sum_{i=1}^B C_{B,i} = \sum_{i=1}^B \frac{B!}{i!(B-i)!}$$

El tamaño del espacio de búsqueda crece más rápido que el problema del agente viajero cuyo número de soluciones está dado por $s = \frac{(n-1)!}{2}$

1.3 Objetivos

1.3.1 Objetivo General

Desarrollar un algoritmo genético para la Optimización Topológica de Celosías Bidimensionales apoyado en una representación que reduzca la tasa de inviabilidad luego de las operaciones genéticas y en una función de evaluación que utilice un método de cálculo estructural que no recurra a la Malla Equivalente de Elementos Finitos.

1.3.2 Objetivos Específicos

- Definir una representación cromosómica más eficiente.
- Definir los Operadores Genéticos correspondientes.
- Definir el método de cálculo estructural que permita resolver celosías sin recurrir a la generación de la Malla de Elementos Finitos.
- Definir el Modelo Matemático que considere los objetivos específicos anteriores.
- Definir los parámetros de los Operadores Genéticos.
- Construir el SW.
- Realizar Experimentos Numéricos.
- Concluir.

I.4 Hipótesis

Es posible la optimización de celosías bidimensionales mediante algoritmos genéticos apoyados en una codificación que reduzca la alta tasa de inviabilidad luego de las operaciones genéticas y la evaluación mediante un sistema de cálculo que no requiera de la Malla Equivalente de Elementos Finitos.

I.5 Importancia Del Problema

I.5.1 Importancia Teórica

El problema que nos ocupa es un problema identificado como “NP” de complejidad asintótica no polinomial, requeriría de un tiempo no polinomial para su solución en una máquina determinística, por lo que se requiere recurrir a técnicas meta heurísticas para obtener soluciones próximas a la óptima (soluciones eficientes) en un tiempo razonable (6). La viabilidad de solución del problema radica en la eficiencia del algoritmo por encima de la velocidad de procesamiento del ordenador.

La Computación Evolutiva y en especial los AGs como método de optimización combinados con el Método de Elementos Finitos (MEF) han demostrado ser bastante eficientes para la optimización de estructuras, sin embargo, no se ha podido solucionar la alta tasa de inviabilidad en poblaciones incipientes como tardías y ni el problema de representación al tener que sacrificar la aproximación de los resultados por la malla equivalente de elementos finitos para la función de evaluación.

El presente trabajo de investigación plantea una alternativa de representación cromosómica que permita que se otorgue resistencia a la destrucción de los bloques constructores producto de las operaciones genéticas y que se cargue un método de cálculo estructural en la función de evaluación que no requiera de la malla equivalente de elementos finitos para la resolución de las estructuras.

1.5.2 Importancia Metodológica

El objetivo de este trabajo es plantear un algoritmo genético más eficiente basado en una representación cromosómica y un método de cálculo para la función de evaluación radicalmente diferente a las utilizadas en la literatura avanzada. De dar resultado estaríamos ante una metodología alternativa a las ya existentes para la optimización topológica de estructuras mediante algoritmos genéticos.

Los conceptos introducidos pueden abrirnos puertas a una serie de trabajos de investigación posteriores bajo la metodología planteada y a la exploración de instancias más complejas tras haber superado los escollos que han venido preocupando a los investigadores en la literatura actual.

1.5.3 Importancia Práctica

La Optimización Topológica de Estructuras (OTE) ha cobrado gran importancia en varias ramas de la industria desde naves espaciales a cajas de embalaje, considerando su importancia sobre el costo, el comportamiento y las propiedades de la estructura sobre el producto total.

El método planteado permitirá abordar instancias cada vez más complejas sin temor a la malla equivalente y la convergencia prematura por la alta tasa de inviabilidad que se presenta en poblaciones tempranas y tardías, producto de las operaciones genéticas.

Si bien el mínimo peso es importante para la industria no lo es todo, ya que el costo de una estructura puede depender también de una mayor facilidad de ensamble, de una mayor eficiencia estructural, del mejor comportamiento sísmico, etc. Una metodología adecuada nos permitirá abordar entonces más criterios de optimalidad que sólo el “mínimo peso”.

CAPÍTULO II. MARCO TEÓRICO

II.1 Fundamentos del Cálculo Estructural

La ingeniería estructural se reconoce ya desde la época del “viejo reino”, en Egipto - 3400 AC, pero ésta existía como arte y no como ciencia, no existían registros de consideración racional ya sea como resistencia de los elementos estructurales como al comportamiento de sus materiales constituyentes, hasta que Galileo intentó analizar la viga en voladizo en 1638 DC. Los constructores se guiaban por reglas empíricas de relaciones más que de dimensiones guardadas celosamente de generación en generación.

El arquitecto italiano Andrea Palladio (1518 – 1580) fue el primero en usar armaduras y, si bien sus diseños no fueron racionales, antes que él toda construcción estaba compuesta por mampostería sólida, vigas, columnas, arcos y domos.

La primera contribución a la teoría de las estructuras vino cuando Whipple (7) publicó su tratado de construcción de puentes en 1847. Como consecuencia los ingenieros pudieron realizar por primera vez un análisis racional a las armaduras, antes de ello las estructuras eran altamente indeterminadas pero al no haber concepción racional de su cálculo tampoco había consideración respecto a la determinación o indeterminación.

II.1.1 Estabilidad

Se define una estructura como estable cuando es capaz de soportar cualquier sistema concebible de cargas aplicadas, resistiendo éstas de forma

elástica e inmediata a su aplicación, considerando la resistencia de todos sus miembros y la capacidad de todos sus soportes infinita (8).

Aun cuando una estructura puede ser estable para un sistema de cargas en particular, si no lo es también para cualquier sistema concebible de cargas, se clasificará como inestable.

II.1.2 Estructuras articuladas y Marcos Continuos

II.1.2.1 Estructuras Articuladas

Una celosía, armadura o estructura articulada está compuesta de eslabones o barras que se suponen enlazadas por pasadores carentes de fricción en las juntas, dispuestas de tal manera que el área que se encuentra en el interior del contorno esté subdividida formando redes, que por lo general son triángulos.

Las celosías son elementos ligeros en aspecto y en peso y de gran rigidez en su plano. Básicamente, las barras están formadas por perfiles enlazados con cartelas a las que se unen por tornillos o soldadura.

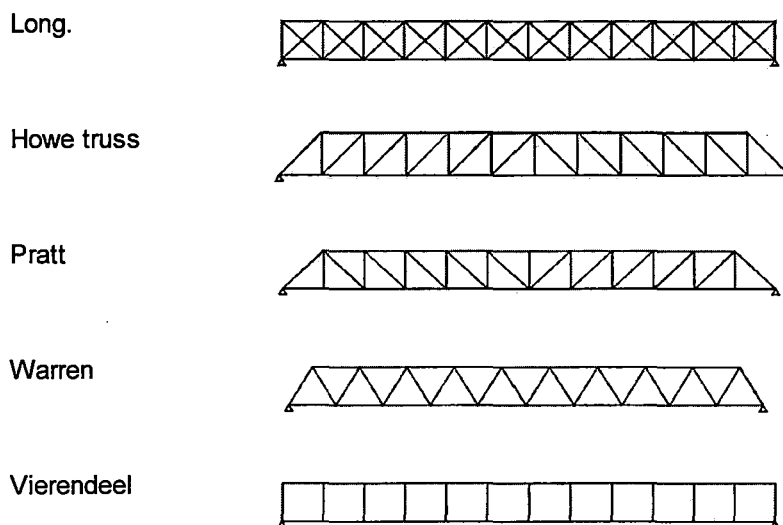


Fig. 1. Celosías Notables

Puesto que los pasadores o nudos se suponen libres de fricción, las barras de una celosía se consideran sujetas únicamente a esfuerzos axiales a los que se denomina "esfuerzos primarios". En realidad las uniones están entornilladas, soldadas o remachadas, consecuentemente los miembros en una junta no tienen libertad para girar unos en relación a otros, por lo que se producen "esfuerzos secundarios", cuya magnitud resulta por lo general irrelevante respecto a los esfuerzos primarios bajo ciertas condiciones de esbeltez de los elementos.

II.1.2.2 Marcos Continuos

Un marco continuo es una estructura que depende, en parte para su estabilidad y capacidad, de un soporte de carga y de la resistencia a los momentos de una o más de sus juntas. Los miembros de un marco continuo están generalmente sujetos a cargas axiales, de corte y momentos.

II.1.3 Determinación Estructural

En lo que respecta a la determinación, las estructuras suelen dividirse en dos grupos, pueden ser tridimensionales si actúan en el espacio y bidimensionales si actúa en un solo plano. Para efecto de este estudio consideraremos únicamente estructuras bidimensionales.

Las ecuaciones que disponemos para determinar las correspondientes incógnitas de una estructura estable son las de la Estática, que expresan las condiciones de equilibrio de la pieza. Estas ecuaciones, que son seis en estructuras tridimensionales y tres en estructuras bidimensionales, permiten calcular tantas incógnitas como número de ecuaciones disponibles existen.

Una estructura bidimensional indeterminada o hiperestática puede definirse como aquella para la que los componentes de esfuerzo y reacción no pueden determinarse completamente por la aplicación de las tres ecuaciones de condición de equilibrio estático.

Estas condiciones son las siguientes:

$$\sum H = 0 \quad \sum V = 0 \quad \sum M = 0$$

Así, una estructura para la que los componentes de esfuerzo y reacción puedan determinarse completamente con estas tres ecuaciones son llamadas determinadas o isostáticas.

Las estructuras indeterminadas difieren del grado de indeterminación, el mismo que está dado por el número de incógnitas por encima del número de ecuaciones de condición disponibles para la solución:

II.1.3.1 Determinación y Estabilidad Externa

El análisis se hace respecto a las reacciones, en una estructura bidimensional se requieren tres componentes de reacción pero no siempre son suficientes, dependiendo de la disposición de éstos.

Si actúan tres componentes de reacción sobre una estructura bidimensional, la disposición de estos es trascendente, así si las líneas de acción de los tres componentes son concurrentes, la estructura es inestable externamente debido a que permite una pequeña rotación inicial alrededor del punto de concurrencia antes de que desarrolle una restricción elástica. La estructura será también inestable si las tres líneas de acción son paralelas.

II.1.3.2 Determinación y Estabilidad Interna

Una estructura es internamente indeterminada, sin embargo, con todos los componentes de reacción necesarios para la estabilidad externa conocida y actuando sobre la estructura, es posible determinar todos los esfuerzos internos por la aplicación de las tres ecuaciones de condición de equilibrio estático.

Para una celosía de nudos articulados, tendremos dos ecuaciones de condición $\sum H = 0$ y $\sum V = 0$ en cada nudo, mientras que la cantidad de incógnitas en el sistema estará dada por el conteo de todas las fuerzas desconocidas que actúan en los nudos, incluyendo los esfuerzos en las barras y los componentes de reacción, entonces en una celosía isostática debe cumplirse que:

$$2n = b + r$$

Donde:

b	Número de barras
n	Número de nudos
r	Número de componentes de reacción

Mediante esta relación entre el número de barras, el número de nudos y el número de componentes de reacción que se requieren para la determinación externa, denominada también el criterio de Grubler (9), se expresa una ecuación necesaria pero no suficiente para la determinación y estabilidad de una estructura articulada (8). El presente estudio considerará únicamente estructuras interna y externamente determinadas.

II.1.4 Consideraciones de Diseño

Como sabemos, las celosías pueden ser construidas de diferentes materiales, desde madera hasta aleaciones especiales, dependiendo del uso, del costo, de la apariencia, etc., sin embargo, las consideraciones de diseño involucran recomendaciones de cumplimiento obligatorio para el diseño que, en nuestro caso, se convertirán en restricciones, éstas como veremos no sólo son de tensión y deformación, sino que dependerá del uso y del esfuerzo a que estará sometido el elemento; las normas especifican ciertas relaciones y valores límite, así como factores de seguridad que consideran cali-

dad de mano de obra, probabilidad de variaciones de cargas, esfuerzos residuales, etc.

Existen institutos normativos como el AICS², AWS³, ASTM⁴ y otros que emiten recomendaciones respetadas por la mayoría de normas en el mundo. Tal es el caso del Perú, en el ítem 1.6 de la norma E.090 (10)

II.1.4.1 Esfuerzo Admisible a la Tracción

Los elementos de la estructura, en función del material del que están compuestos, soportan un rango de esfuerzos donde la deformación es linealmente proporcional a la magnitud de este esfuerzo (rango elástico). Por condiciones del problema, limitaremos los esfuerzos a este rango. Puede encontrarse información y métodos de cálculo con esfuerzos que superan el límite elástico en la referencia (8).

El esfuerzo permisible a la tracción estará dado por la fórmula:

$$\sigma_{adm}^t = \frac{\sigma_y}{FS}$$

Donde:

σ_{adm}^t	Esfuerzo admisible a la tracción
FS	Factor de Seguridad en función del uso y norma
σ_y	Esfuerzo de Fluencia

En el caso del acero, el límite de fluencia dependerá de la composición química del mismo. Por ejemplo, en el Perú se utiliza acero grado 50 para la

² American Institute of Steel Construction

³ American Welding Society

⁴ American Society for Testing and Materials

construcción en acero, (Normas ASTM - A36 y A572) cuyo límite de fluencia es de 250 MPa (2,500 Kg/cm²).

Así tenemos entonces que para el acero el esfuerzo admisible a la tracción será de:

$$\sigma_{adm}^t = 1,500 \text{ Kg/cm}^2$$

En el caso de la madera, el Manual Publicado por el PADT-REFORT (11) nos da directamente esfuerzos los máximos admisibles para cada tipo de madera cuando la tensión es paralela a las fibras:

**Esfuerzos Máximos Admisibles (σ)
Para Maderas del Grupo Andino**

σ en Kg/cm²

Grupo	Compresión	Tracción	Flexión
	Paralela	Paralela	
A	145	145	210
B	110	105	150
C	80	75	100

Fig. 2. Esfuerzos admisibles de la madera (PADT-REFORT)

II.1.4.2 Esfuerzo Admisible a la Compresión

Los elementos a compresión se comportarán como columna larga sin excentricidad con articulaciones en sus dos extremos por condiciones de hipótesis, para mantener esta condición las barras de las celosías deben ser sumamente esbeltas, por lo tanto, existe el riesgo de que alguna de sus barras falle a la flexión causada por la compresión axial, es así que debemos limitar con mucho cuidado los esfuerzos de compresión en función de la esbeltez, la sección y el material a emplear.

Una barra es considerada como "columna larga" cuando su relación de esbeltez supera un valor crítico el cual está dado por la siguiente relación:

$$C_k = \sqrt{\frac{2\pi^2 E}{\sigma_y}}$$

Donde:

C_k	Valor crítico de esbeltez
σ_y	Es el esfuerzo de fluencia
E	Módulo de Elasticidad de Young. Para el acero el módulo de Elasticidad es de 2.1E6 Kg/cm ²

La esbeltez de un elemento sometido a compresión debe estar comprendida entre dos valores:

$$C_k < \lambda \leq C_{\max}$$

$$\text{Considerando } \lambda = \frac{L_e}{r} \quad \text{tal que } r = \sqrt{\frac{I}{A}}$$

Donde:

λ	Esbeltez, que está dada por la siguiente relación:
I	Momento de Inercia de la sección del elemento
A	Área de la sección del elemento
r	Radio de Giro (se toma el menor respecto a la dirección X o Y)
C_{\max}	Valor máximo de esbeltez. Para el caso del acero la AISC recomienda limitar este valor a 200
L_e	Longitud Efectiva del elemento. Es la longitud desde la cual se considera articulada la columna, por condiciones de hipótesis la longitud efectiva será la misma del elemento

En el caso de la madera se recomienda que la esbeltez esté entre los valores:

$$C_{\max} = \frac{EA}{\lambda^2} \quad \text{y} \quad C_k = 0.7025 \sqrt{\frac{E}{\sigma_{c.p}}} \quad (\text{para secciones rectangulares})$$

Donde:

- $\sigma_{c,p}$ Esfuerzo admisible a la compresión paralela
- E Módulo de Elasticidad de Young de la madera según su tipo (ver tabla)

De acuerdo a la fórmula de Euler el esfuerzo admisible a la compresión será:

$$\sigma_{adm}^c = \frac{\pi^2 E}{FS \times \lambda^2}$$

En caso de elementos sometidos a compresión, la AISC recomienda, cuando se trate de diseño en acero, usar un factor de seguridad de FS=1.92.

El área, momento de Inercia y radio de giro son valores que dependen de la sección del elemento, mientras que el módulo de elasticidad (E) depende del material, así por ejemplo el Grupo Andino (11) propone valores del módulo de elasticidad por tipo de madera:

**Módulo de Elasticidad (E)
 Para Maderas del G. Andino**

E en Kg/cm²

Grupo	Columnas E mínimo	Entramados E prom.
A	95,000.00	130,000.00
B	75,000.00	100,000.00
C	55,000.00	90,000.00

Fig. 3. Módulo de Elasticidad de la madera (PADT-REFORT)

II.1.4.3 Deformación de la Estructura

La mayoría de los reglamentos restringen la deformación de la estructura por razones de diferente índole de acuerdo a su ubicación, aplicación e importancia, así por ejemplo en caso de vigas la deformación máxima permisible está dada por:

$$\partial_{adm} = \frac{L}{500}$$

Donde:

- ∂_{adm} Deformación admisible

L Luz libre

En el caso de las estructuras de celosía la deformación máxima de la estructura estará dada por el desplazamiento máximo de los nudos.

II.1.4.4 Estructuración

La estructuración es una condición básica necesaria, aunque no suficiente, para que una estructura o celosía constituya una solución viable. Como señalamos en la parte introductoria, uno de los principales problemas de los desarrollos de optimización topológica de estructuras mediante algoritmos genéticos es la alta tasa de inviabilidad que se presenta inclusive en poblaciones tardías como efecto de la aplicación de operaciones genéticas. Las principales causas de esta inviabilidad se da justamente por la falta de estructuración de las soluciones hijas.

A continuación analizaremos las principales causas que podrían afectar la estructuración dentro del método que proponemos.

II.1.4.4.1 Isostaticidad

Considerando las condiciones de determinación interior de estructuras articuladas sabemos que debe cumplirse que:

$$b = 2n - r$$

Sin embargo, en forma general, aún cuando existen barras redundantes debe guardar relación con el grado de libertad de los apoyos, debiendo cumplirse el criterio de Grubler (9) que describe una relación entre el número de barras y el número de nudos, los grados de libertad de la estructura (componentes de las reacciones) y el grado de barras redundantes.

$$DoF = 2 \times n - b - br$$

Donde:

n Número de Nudos o cardinalidad de \mathbb{N}

b	Número de Barras o cardinalidad de B
DoF	Grados de Libertad de la Estructura
br	Número de Barras Redundantes

Como la estructura debe ser bidimensional e isostática por condiciones del problema que nos ocupa, debe tener tres grados de libertad en el mismo plano del sistema de cargas aplicado y no debe admitir barras redundantes, en tal caso, en forma general y para efectos de este trabajo, la relación a cumplir es la siguiente:

$$b = 2n - 3$$

II.1.4.4.2 Conectividad

Para el acomodo de las barras se debe considerar que una estructura es necesariamente un grafo conexo, debe formar una red de triángulos y, por lo tanto, el grado de conectividad de cualquier nudo no puede ser inferior a 2. Aquí se muestran algunos casos de “no estructuración” a causa de estos conceptos no respetados:

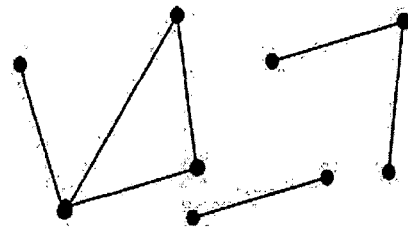


Fig. 4. Falta de Conectividad

II.1.4.4.3 Inestabilidad por efecto de rótula

Consiste en la unión de dos o más estructuras estables a través de un solo nudo, falta la intervención de una barra que triangule lo que ocasiona la inestabilidad de la estructura, la cual se torna inviable.

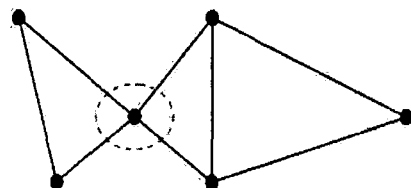


Fig. 5. Efecto de Rótula

II.1.4.4 Condicionamiento Geométrico

Para definir una estructura requerimos de ciertos nudos cuya posición en el espacio no sea alterada por la evolución genética, estos nudos son aquellos donde se colocarán las cargas, los puntos de transmisión de estas cargas a tierra (puntos de apoyo) y aquellos que por alguna necesidad de diseño decidan mantenerlos fijos. La forma de hacer esto es predefiniendo nudos cuyas coordenadas (x,y) se mantendrán constantes, pero además debe asegurarse que estos nudos básicos o "basics nodes" aparezcan siempre en toda solución generada, cuando esto no ocurre se produce inviabilidad por condicionamiento geométrico.

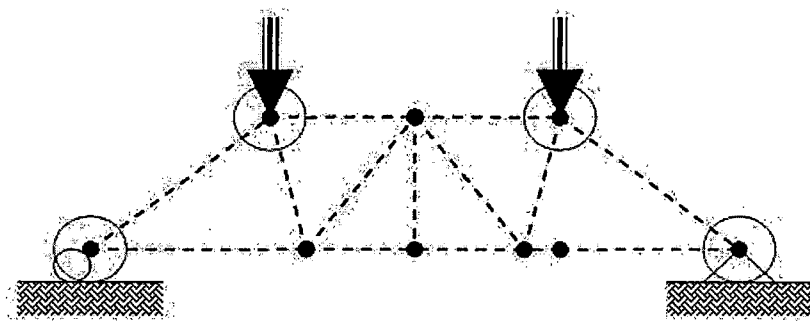


Fig. 6. Nudos Básicos

II.1.5 Métodos de Cálculo Estructural

Los métodos clásicos de análisis estructural desarrollado a fines del siglo XIX tienen las cualidades de la generalidad, simplicidad lógica y elegancia matemática. Como los cálculos eran realizados sin la asistencia de "máquinas", los antiguos ingenieros debían realizar denodados esfuerzos para resolver una estructura apoyados únicamente en la regla de cálculo y ábacos, con un frecuente margen de error en los mismos.

A medida que la era industrial avanzaba, los cálculos de hacían más complejos y frecuentes, el problema del cálculo estructural se tornaba inviable. Es así que sucesivas generaciones de ingenieros se dedicaron a tratar de sim-

plificar al cálculo, identificando similitudes en las estructuras, los separaron en tipos y aparecieron métodos de cálculo para resolver cada tipo, así el cálculo de una estructura grande, digamos un edificio o un puente, podía separarse en subestructuras que eran resueltas por separado para, finalmente, sumar esfuerzos y calcular efectos totales.

Con la aparición del computador, los métodos matriciales recuperaron vigencia debido a una gran ventaja desde el punto de vista teórico: la notación matricial permite métodos de cálculo en forma compacta, precisa y al mismo tiempo general. La simplicidad de cálculo ya no era un problema pues el computador podía realizar un gran número de operaciones de manera rápida y precisa y, desde el punto de vista práctico, el método matricial proporcionaba una base muy conveniente para el desarrollo de programas de computación.

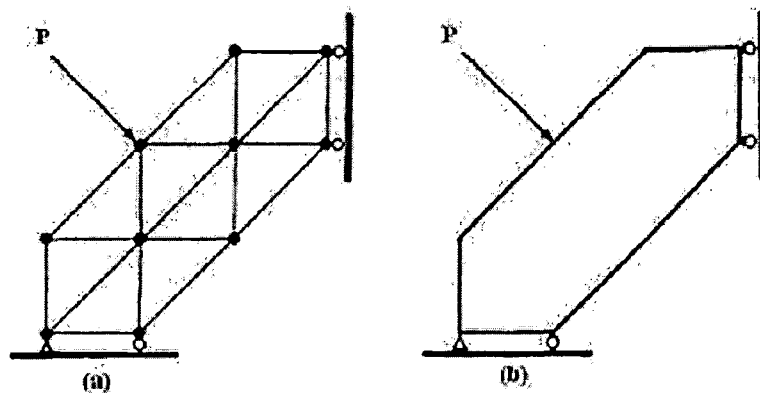
El empleo de la notación matricial presenta dos ventajas en el cálculo de estructuras, desde el punto de vista teórico permite utilizar métodos de cálculo en forma compacta, precisa y, al mismo tiempo, completamente general. El cálculo matricial ha evolucionado hasta llegar a lo que hoy se conoce como el Método de Elementos Finitos MEF. Esto facilita el tratamiento de la teoría de estructuras como unidad, sin que los principios fundamentales se vean oscurecidos por operaciones de cálculo por un lado, o diferencias físicas entre estructuras por el otro.

Presentaremos una breve descripción de dos métodos matriciales de cálculo estructural más utilizados en la actualidad, el Método de Elementos Finitos (FEM), sin duda el más general y potente, y el Método Matricial de Celosías de Nudos Articulados (MMCNA), que es en realidad una simplificación del anterior pues considera la celosía como una “malla equivalente”.

II.1.5.1 Método de Elementos Finitos

Entre los años 1934 y 1935 se pensaba intuitivamente en representar un dominio complejo de una estructura continua en pedazos geoméricamente

más simples, A.Hrenikoff (12) llegó a afirmar que las dificultades que se presentan en estructuras continuas podían ser superadas si su dominio fue dividido por un número finito de elementos interconectados, transformándose en una malla equivalente, la misma que podía ser resuelta por técnicas matriciales existentes.



Una malla (a) y una placa (b) estáticamente equivalentes

Fig. 7. Malla Equivalente de Elementos Finitos

El concepto de “elemento continuo” fue introducido por Courant (14) quien fue el creador del “Elemento Triangular de Deformación Constante” (CST) utilizado para resolver problemas de elasticidad plana. Esta publicación es considerada como precursor del MEF. En la actualidad existen muchas publicaciones sobre Elementos Finitos debido a su importancia en el campo del cálculo estructural. La principal ventaja de este método es su alta generalidad, es decir, que permite resolver prácticamente todo tipo de estructuras. El MEF se basa en la Teoría de Elasticidad Linear Infinitesimal Isotrópica para el cálculo de la respuesta estructural de un sistema. Esta teoría se basa en la relación que existe entre la tensión y deformación de un cuerpo dentro

de un régimen elástico, es decir, sin entrar a estados de no-linealidad física y geométrica como la plastificación y fractura⁵.

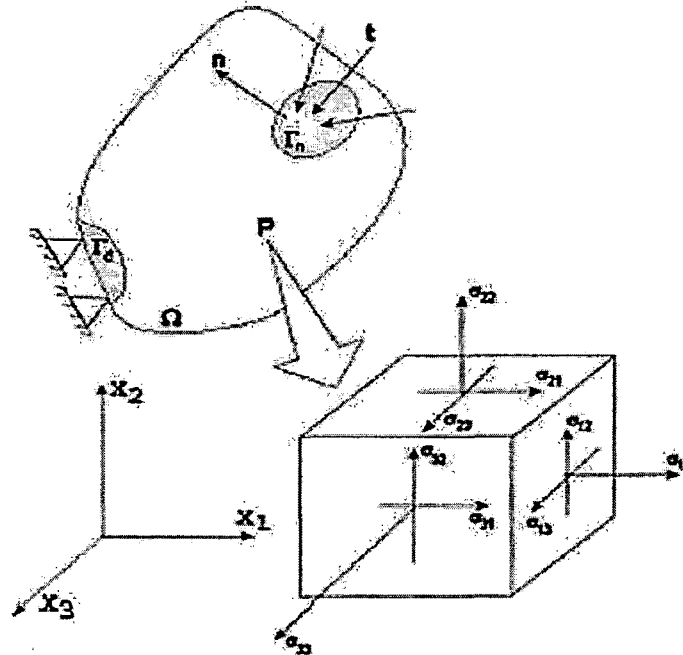


Fig. 8. Estado de Esfuerzos en un punto "P". Fuente: Santanna (13)

En general, las ecuaciones de elasticidad para un cuerpo cualquiera en un espacio tridimensional (R^3) contienen 15 incógnitas, las cuales deben satisfacer 3 ecuaciones de equilibrio (derivadas de las leyes de Leis Newton), 6 ecuaciones que relacionan deformación con desplazamiento (relaciones cinemáticas) y 6 ecuaciones que relacionan esfuerzos con deformación (ecuaciones constitutivas que dependen de las características del material).

En general, si la matriz bidimensional de esfuerzos cuyos componentes σ_{ij} indican el esfuerzo en el plano perpendicular al eje i y paralelo a la dirección j , entonces como el sistema debe respetar también el principio de conservación de momento angular, la siguiente relación debe ser satisfecha: $\sigma_{ij} = \sigma_{ji}$

⁵ En este estado los esfuerzos se mantienen dentro del límite de fluencia. Se encontrará mayor información sobre la teoría de elasticidad en textos como LOVE (66) o BORESI y CHONG (67).

La deformación infinitesimal ε_{ij} en dirección paralela al eje j dentro del plano perpendicular al eje i está dada por la ecuación:

$$\varepsilon_{ij} = \frac{1}{2} \left[\frac{\partial u_i}{\partial x_j} + \frac{\partial u_j}{\partial x_i} \right]$$

La ley de Hooke $\sigma = \varepsilon E$ establece la relación entre esfuerzo y deformación, donde E es el módulo de elasticidad de Young, que depende de las características del material.

La relación entre la deformación unitaria longitudinal (en la dirección de la fuerza que la origina) y la deformación unitaria transversal es definida como el módulo de Poisson y está dada por la relación:

$$\nu = \frac{\left| \frac{\varepsilon_{ij}}{\varepsilon_{ii}} \right|}{\left| \frac{\varepsilon_{ji}}{\varepsilon_{ii}} \right|}$$

De esta forma y bajo la hipótesis de un estado de elasticidad plana, la ecuación que relaciona las tensiones con las deformaciones infinitesimales es de la forma:

$$\begin{Bmatrix} \sigma_{11} \\ \sigma_{22} \\ \sigma_{33} \end{Bmatrix} \times \begin{bmatrix} \lambda + 2\mu & 0 & 0 \\ 0 & \lambda + 2\mu & 0 \\ 0 & 0 & \lambda + 2\mu \end{bmatrix} = \begin{Bmatrix} \varepsilon_{11} \\ \varepsilon_{22} \\ \varepsilon_{33} \end{Bmatrix}$$

Donde λ y μ son los coeficientes de Lamé (15), estos módulos están relacionados con los coeficientes de Young y de Poisson mediante las siguientes expresiones:

$$\lambda = \frac{\nu E}{1 - \nu^2} \quad \rightarrow \sigma_{33} = 0 \quad \text{Modelo EPT (Estado Plano de Esfuerzos o Tensiones)}$$

$$\lambda = \frac{\nu E}{(1 + \nu)(1 - 2\nu)} \quad \rightarrow \varepsilon_{33} = 0 \quad \text{Modelo EPD (Estado Plano de Deformaciones)}$$

$$\mu = G = \frac{E}{2(1+\nu)} \quad \text{Módulo de Elasticidad Transversal}$$

La matriz es necesariamente positiva debido a que: $E > 0$, $G > 0$, $\lambda > 0$ y $0 < \nu < 1/2$

Con estas ecuaciones, el problema de elasticidad puede ser formulado en términos de desplazamientos de los nodos de la malla equivalente. Puede encontrarse información sobre el sustento teórico elementos finitos en el apéndice 1 del trabajo presentado por Santanna (13).

II.1.5.2 Método Matricial de Celosías de Nudos Articulados

Considerando las características de las estructuras articuladas, en los cuales se considera la eliminación de dos incógnitas (los momentos y esfuerzos de corte) quedando con una sola por elemento (esfuerzo axial), podemos presuponer conocidos estos valores ($=0$) en todos los elementos y relajar enormemente las ecuaciones matriciales descritas en el ítem anterior.

Otro modo de ver el problema es considerar que la celosía en realidad es ya la malla equivalente a la cual se la ha liberado de esfuerzos de corte. Una de las ventajas de las celosías de nudos articulados es su simplicidad de cálculo, lo cual le dio gran popularidad cuando aún no se habían generalizado los ordenadores. El método matricial es en realidad una particularidad del MEF, su efectividad para resolver este tipo de estructuras ha sido comprobada en puentes torres, vigas, etc.

En vista de que el objetivo de este trabajo es el desarrollo del algoritmo genético y no de un método de evaluación general, se ha definido como condición de este trabajo las estructuras determinadas, ya sean interna y externamente, pero el método puede ser aplicado también a celosías hiperestáticas.

II.1.5.2.1 Hipótesis de Cálculo

II.1.5.2.1.1 Los nudos son articulaciones sin rozamiento

En la práctica, realmente los nudos se construyen como nudos rígidos o al menos parcialmente rígidos, ya sea por efecto de las soldaduras o de otros medios de unión. El efecto inmediato es que aparecen momentos secundarios en las barras de la estructura. Éstas, además del efecto principal de tracción o compresión, deben soportar la flexión provocada por esos momentos secundarios. Los momentos secundarios provocan una tensión secundaria que se sumará a la tensión principal. La cuantía de esta tensión no suele ser excesiva; en vigas y estructuras normales (barras delgadas y uniones no excesivas, por ejemplo 1/6 de la longitud de la barra), con nudos diseñados con cartelas pequeñas, barras con ejes coincidentes en un punto, etc., no supera el 10% de la tensión principal. Resulta más práctico reducir un 10% la tensión admisible del acero que calcular estas tensiones secundarias, especialmente si el objetivo es la evaluación de elementos que serán comparados entre sí.

II.1.5.2.1.2 Las cargas actúan exclusivamente en los nudos

Para que se cumpla la segunda hipótesis las cargas deberán estar situadas sólo sobre los nudos de la celosía. De existir cargas aplicadas sobre alguna barra o elemento, se trasladarán las acciones equivalentes hacia los nudos teniendo en cuenta el diagrama de momentos que se produciría en esa barra, para este efecto puede considerarse a la barra como una viga doblemente articulada.

II.1.5.2.1.3 Las barras son rectas

En la mayoría de las celosías las barras son rectas, pero de no ser así se puede sustituir la barra curva por una barra recta equivalente.

II.1.5.2.1.4 Los desplazamientos son pequeños

Debido a la naturaleza triangular de las celdas que forman las celosías, los desplazamientos de los nudos resultan, por lo general, pequeños y, así mismo, las normas restringen las deformaciones de acuerdo al uso de la estructura, por lo tanto esta condición también resulta sumamente factible.

II.1.5.2.2 Descripción del Método

Consideremos la estructura sometida a un sistema de cargas cualquiera que se muestra en la Fig. 9. La estructura es una celosía isostática interna y externamente en equilibrio y cumple con las 4 hipótesis descritas.

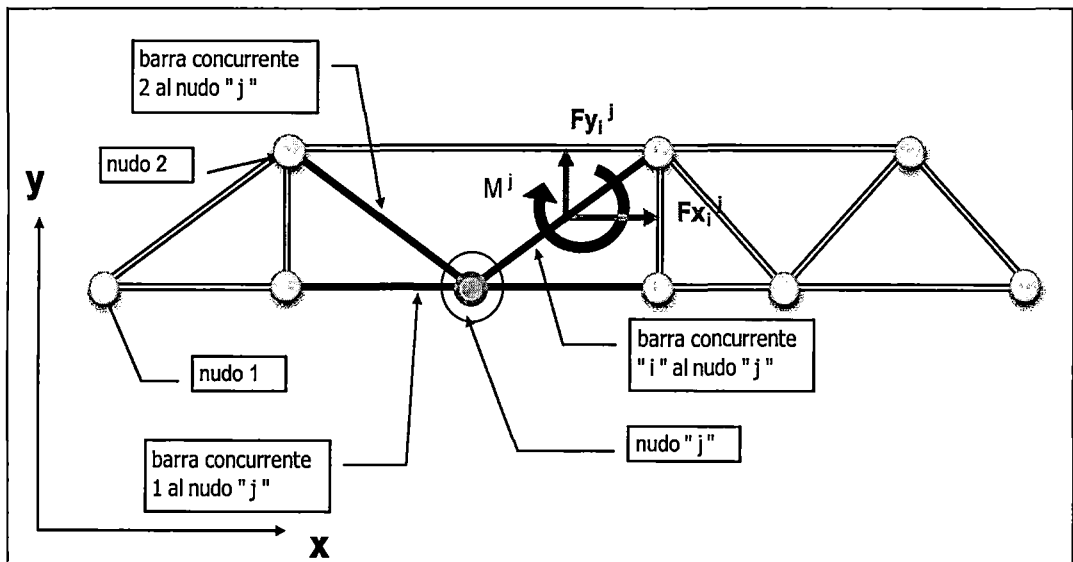


Fig. 9. Análisis de esfuerzos en una Celosía

Sean entonces:

$F_{x_i^j}$ Fuerza Axial en la dirección "x" de la barra "i" concurrente al nudo "j"

$F_{y_i^j}$ Fuerza Axial en la dirección "y" de la barra "i" concurrente al nudo "j"

M_i^j Momento torsor en el nudo "j" por acción de la barra "i"

nbc_j Número de barras concurrentes en el nudo "j"

II.1.5.2.2.1 Equilibrio nodal

Por hipótesis de cálculo y aplicando las ecuaciones de equilibrio en el nudo j que tiene nbc_j barras concurrentes, tenemos:

$$\sum_{i=1}^{nbc_j} M_i^j = 0 \quad \forall (i, j)$$

$$\sum_{i=1}^{nbc_j} Fx_i^j = 0$$

$$\sum_{i=1}^{nbc_j} Fy_i^j = 0$$

Si en el nudo j aplicamos un sistema de cargas externas Q cuyo efecto total descompuesto en las direcciones paralelas a los ejes coordenados son Q_j^x y Q_j^y ,

Por equilibrio nodal debe cumplirse:

$$Q_j^x = \sum_{i=1}^{nbc_j} f_i \cos\theta_i,$$

$$Q_j^y = \sum_{i=1}^{nbc_j} f_i \operatorname{Sen}\theta_i$$

Donde:

f_i Fuerza axial en la barra "i"

θ_i Angulo que forma la barra "i" respecto a la horizontal

Q_j^x , Componentes paralelos a la dirección "x" del sistema de cargas "Q" aplicado en el nudo j

Q_j^y Componentes paralelos a la dirección "y" del sistema de cargas "Q" aplicado en el nudo j

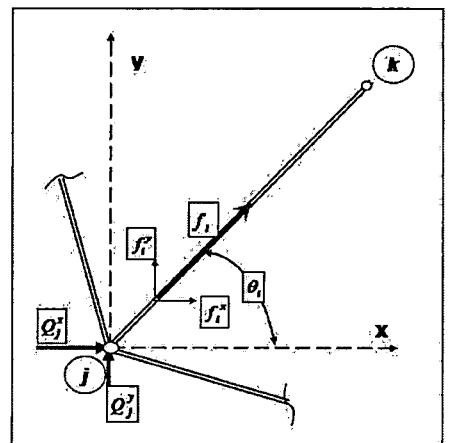


Fig. 10. Descomposición de esfuerzos en el nudo j

II.1.5.2.2.2 Equilibrio en la barra

Sea una barra m que parte del nudo j y concluye en el nudo k , tenemos:

Sea $m: [j \rightarrow k]$ Tal que $j < k$ y $m \in [1, nbc_j]$

Si observamos con cuidado la Fig. 11 podemos ver que existe una relación entre en ángulo formado por la barra " m " con la horizontal en el nudo " j " y el ángulo formado por la misma barra " m " con la horizontal en el nudo " k ", de manera que:

$$\theta_{m,k} = \theta_{m,j} + 180^\circ$$

Donde:

$\theta_{m,k}$ Ángulo que forma la barra " m " con la horizontal en el nudo " k "

$\theta_{m,j}$ Ángulo que forma la barra " m " con la horizontal en el nudo " j "

Esta relación nos permite plantear las ecuaciones en función del ángulo en el "nudo de salida" únicamente, entonces se cumple que:

$$f_m \cos \theta_{m,j} = -f_m \cos \theta_{m,k}$$

$$f_m \sin \theta_{m,j} = -f_m \sin \theta_{m,k}$$

Por semejanza se cumple además:

$$f_m \cos \theta_{m,j} = Q_m^x$$

$$f_m \sin \theta_{m,j} = Q_m^y$$

$$-f_m \cos \theta_{m,k} = Q_k^x$$

$$-f_m \sin \theta_{m,k} = Q_k^y$$

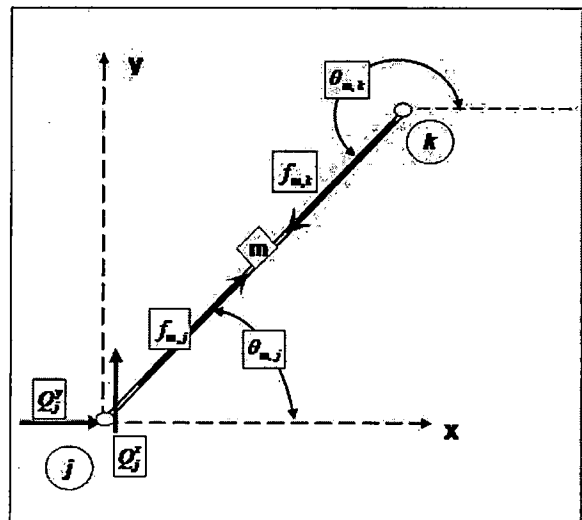


Fig. 11. Descomposición de esfuerzos en la barra m

II.1.5.2.2.3 La Invariante

Se designa con el nombre de Invariantes de una Estructura a la matriz de las propiedades mecánicas, geométricas y elásticas que resultan independientes del valor del sistema de cargas y reacciones.

Expondremos el método considerando una estructura isostática o determinada interior y exteriormente por condiciones del problema, sin embargo, el mismo puede extenderse a estructuras articuladas indeterminadas.

Consideremos una estructura de "n" nudos y "b" barras. La estructura es cargada mediante el vector de cargas Q_i que representa un conjunto de cargas aplicadas en los nudos $\bar{Q}_i = (Q_1, Q_2, \dots, Q_n)$, al que se denomina también "Desplazor Externo" y que produce un conjunto de desplazamientos en los nudos, representado por el vector $\bar{\delta}_i = (\delta_1, \delta_2, \dots, \delta_n)$ al que se denomina también "Desplazante de Q_i ". El conjunto de desplazores externos conforman el sistema de las cargas.

Consideremos un Desplazor Externo Q_i , que consiste en una carga unitaria únicamente en el nudo "1", el vector tendrá la forma $Q_{i1} = (1, 0, 0, \dots, Q_n = 0)$. En general, si colocamos una carga unitaria únicamente en el nudo j , el desplazor externo Q_i tendrá la forma:

$$Q_{ij} = \begin{cases} 1 & \forall i = j \\ 0 & \forall i \neq j \end{cases}$$

Podemos representar el esfuerzo axial total $c_{m,j}$ en la barra m producido por el desplazor unitario externo Q_{ij} con carga unitaria aplicada en el nudo j , entonces, aplicando cargas unitarias en los "n" nudos, encontraremos para cada carga "b" esfuerzos normales que conformarán las columnas de la siguiente matriz:

$$\begin{pmatrix} c_{1,1} & c_{1,2} & \dots & c_{1,n} \\ c_{2,1} & c_{2,2} & & c_{2,n} \\ & \vdots & c_{m,j} & \vdots \\ c_{b,1} & c_{b,2} & \dots & c_{b,n} \end{pmatrix}$$

De esta manera, la columna 2, por ejemplo, representa los esfuerzos axiales en todas las barras producidos por el desplazor externo Q_{i_2} . En consecuencia, la matriz mostrada, cuyos elementos dependen únicamente de la geometría de la estructura, constituye un invariante estructural.

Para obtener el valor de las fuerzas axiales en cada barra bastará con multiplicar la matriz invariante por el sistema de cargas, obteniéndose la ecuación matricial:

$$\begin{pmatrix} c_{1,1} & c_{1,2} & \dots & c_{1,n} \\ c_{2,1} & c_{2,2} & \dots & c_{2,n} \\ \vdots & \vdots & c_{m,j} & \vdots \\ c_{b,1} & c_{b,2} & \dots & c_{b,n} \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} Q_1 \\ Q_2 \\ \vdots \\ Q_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} f_1 \\ f_2 \\ \vdots \\ f_b \end{pmatrix}$$

Donde:

$c_{m,j}$ Esfuerzo axial producido en la barra m cuando la carga unitaria está en j

Q_j Desplazor externo j

f_i Fuerza axial en la barra i

n Número de nudos

b Número de barras

Esta ecuación puede describirse también como $c_{m,j}Q_j = f_i$ y consecuentemente se plantean las siguientes " b " ecuaciones:

$$f_1 = c_{1,1}Q_1 + c_{1,2}Q_2 + \dots + c_{1,n}Q_n$$

$$f_2 = c_{2,1}Q_1 + c_{2,2}Q_2 + \dots + c_{2,n}Q_n$$

⋮

$$f_b = c_{b,1}Q_1 + c_{b,2}Q_2 + \dots + c_{b,n}Q_n$$

El cálculo de las reacciones en los apoyos “A” y “B” puede hacerse por extensión:

$$\begin{pmatrix} r_{A,1} & r_{A,2} & \dots & r_{A,j} & \dots & r_{A,n} \\ r_{B,1} & r_{B,2} & \dots & r_{B,j} & \dots & r_{B,n} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} Q_1 \\ Q_2 \\ \vdots \\ Q_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} R_A \\ R_B \end{pmatrix}$$

Donde:

$r_{A,1}, r_{B,1}$ Reacciones en A y en B cuando se aplica el vector Q_{i_1} .
 (1,0,0, ..., $Q_n = 0$), etc.

R_A, R_B Reacciones en los apoyos A y B, respectivamente.

II.1.5.2.2.4 Solución del Sistema

Si descomponemos la carga Q en sus componentes paralelos a los ejes coordinados y del análisis de equilibrio nodal sabemos que:

$$\begin{aligned} f_m \cos \theta_{m,j} = Q_m^x & & - f_m \cos \theta_{m,k} = Q_k^x \\ f_m \sin \theta_{m,j} = Q_m^y & \text{y además} & - f_m \sin \theta_{m,k} = Q_k^y \end{aligned}$$

Entonces:

$$c_{j,1}f_1 + c_{j,2}f_2 + \dots + \cos \theta_m f_m + \dots c_{j,n}f_n = Q_j$$

$$c_{j,1}f_1 + c_{j,2}f_2 + \dots + \sin \theta_m f_m + \dots c_{j,n}f_n = Q_j$$

⋮

$$c_{k,1}f_1 + c_{k,2}f_2 + \dots - \cos \theta_m f_m + \dots c_{k,n}f_n = Q_k$$

$$c_{k,1}f_1 + c_{k,2}f_2 + \dots - \sin \theta_m f_m + \dots c_{k,n}f_n = Q_k$$

Las reacciones se pueden calcular sustituyendo el apoyo por “barras virtuales” colocadas en la dirección restringida, conectadas entre el nudo corres-

pendiente al apoyo y un nudo virtual con número de identificación “cero” (0) ubicado en “tierra”.

La igualdad escalar

$$c_{j,1}f_1 + c_{j,2}f_2 + \dots + c_{j,i}f_i + \dots + c_{j,n}f_n = Q_j$$

Puede sustituirse por la igualdad vectorial:

$$C_1f_1 + C_2f_2 + \dots + C_nf_n = Q$$

El problema de determinar los valores f_i (fuerzas axiales) equivale a representar el vector de cargas Q como una combinación lineal de los vectores de coeficientes $C_1, C_2 \dots C_n$

El problema de la determinación de los f_i equivale a la representación del vector de cargas Q como combinación lineal de los vectores $C_1, C_2 \dots C_n$ al constituir éste un sistema de Cramer (16), así se puede afirmar que, cualesquiera que sean las cargas Q_j , la independencia de los vectores columna de la matriz de coeficientes C , trae como consecuencia la existencia de una y sólo una solución del sistema. Del mismo modo, se puede demostrar que conocemos la Inversa de la matriz C

$$C \times \begin{pmatrix} f_1 \\ \vdots \\ f_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} Q_1 \\ \vdots \\ Q_n \end{pmatrix} \quad \text{Que tiene la siguiente solución:} \quad \begin{pmatrix} f_1 \\ \vdots \\ f_n \end{pmatrix} = C^{-1} \begin{pmatrix} Q_1 \\ \vdots \\ Q_n \end{pmatrix}$$

La condición necesaria y suficiente para que una matriz sea regular, es decir, que tenga inversa, es que su determinante sea distinta de cero (17). Para la elaboración del código del programa, considerando los errores por redondeo, habrá que tener en cuenta la precisión “ ε ” con la que está traba-

jando el sistema a fin de considerar como cero toda cantidad “ D ” inferior en valor absoluto a esta precisión.

$$D = 0, \text{ si } |D| < \varepsilon$$
$$\varepsilon > 0$$

Donde:

ε Valor muy pequeño diferente a cero (mínimo computable)

D Determinante de la matriz de coeficientes

II.2 LOS ALGORITMOS GENÉTICOS

II.2.1 Conceptos Filosóficos de la Computación Evolutiva

A continuación hacemos una introducción a las principales corrientes filosóficas que han permitido el desarrollo de los Algoritmos Genéticos y otras técnicas inspiradas biológicamente que conforman la "COMPUTACIÓN EVOLUTIVA".

Estas corrientes filosóficas han evolucionado y muchas de ellas no tienen vigencia por el momento en la biología, sin embargo, el desarrollo de los operadores genéticos, sobre todo los especializados, son inspirados o influenciados por estas filosofías, por lo tanto, resulta necesario conocer estos conceptos filosóficos para poder entender los fundamentos teóricos de los operadores genéticos y llegar a comprender su funcionamiento.

II.2.1.1 Las ideas de Leclerc

Contrario a lo que muchos creen, las ideas evolucionistas que bien hiciera en popularizar Charles Darwin en 1858 no se originaron con él, sino que estuvieron presentes en las mentes de una serie de científicos y pensadores en general que no se sentían satisfechos con la (entonces popular) idea de que había un Dios originador de todas las especies del planeta (las cuales habían sido creadas de forma separada) y de que las especies estaban jerarquizadas por Dios de tal manera que el hombre ocupaba el rango superior, al lado del Creador.

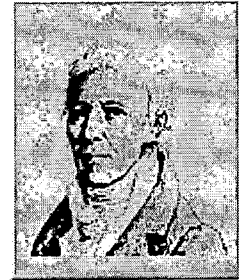


I - 1 Georges Louis Leclerc

Georges Louis Leclerc (Conde de Buffon) fue tal vez el primero en especular (100 años antes que Darwin) en su *Historie Naturelle* que las especies se originaron entre sí. Leclerc no sólo notó las similitudes entre el hombre y los simios, sino que incluso habla sobre un posible ancestro común entre estas dos especies.

II.2.1.2 Lamarckismo

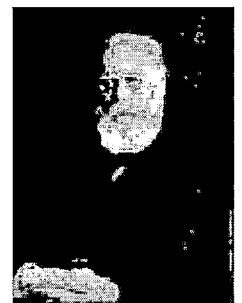
A partir de 1801, el zoólogo francés Jean Baptiste Pierre Antoine de Monet (Caballero de Lamarck) comienza a publicar detalles de su propia teoría evolutiva. Lamarck explicó un mecanismo responsable de los cambios en las especies, al cual ahora se le conoce como “Lamarckismo”. Lamarck creía que los organismos no son alterados de forma pasiva por su ambiente, sino que más bien un cambio en el ambiente produce cambios en las necesidades de los organismos, lo que hace que, en consecuencia, éstos cambien su comportamiento. Estos cambios de comportamiento conducen al mayor uso (o al desuso) de ciertos órganos o estructuras corporales de un individuo, los cuales harían que dichos órganos o estructuras crezcan (ante un mayor uso) o se reduzcan (ante el menor uso) con el paso de las generaciones. Además, Lamarck creía que estos cambios eran hereditarios, lo que implicaba que los organismos se van adaptando gradualmente a su ambiente.



I - 2 Caballero de Lamarck

II.2.1.3 La teoría del Germoplasma

En el siglo XIX, el científico alemán August Weismann formuló una teoría denominada del germoplasma, según la cual el cuerpo se divide en células germinales (o germoplasma) que pueden transmitir información hereditaria y en células somáticas (o somatoplasma) que no pueden hacerlo. Sus ideas entraban en contraposición con el Lamarckismo, por lo que decidió efectuar una serie de experimentos en los cuales cortó la cola a un grupo de ratas durante 22 generaciones (1,592 ratones en total), haciendo ver que esto no afectaba la longitud de la cola de las nuevas generaciones de ratas. Con ello, Weismann demostró que la teoría Lamarckista de la herencia de características a través de generaciones estaba equivocada, y condujo (incidentalmente) al re-descubrimiento del trabajo de Mendel sobre las leyes de la



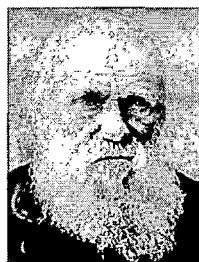
I - 3 August Weismann

herencia. Para Weismann, la selección natural era el único mecanismo que podría cambiar al germoplasma (hoy conocido como genotipo⁶), y creía que tanto el germoplasma como el ambiente podrían influenciar al somatoplasma (hoy conocido como fenotipo⁷).

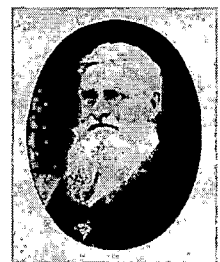
Con el advenimiento de la genética en los 1930s, las ideas de Lamarck fueron nuevamente desacreditadas y se consideran hoy en día como obsoletas, aunque algunos investigadores las han incorporado con éxito en diversas aplicaciones de la computación evolutiva.

II.2.1.4 Russell y Darwin

El naturalista inglés Alfred Russell Wallace era un autodidacta que se interesó en el origen de las especies a mediados de los 1850s, publicando varios artículos. En 1858, de manera súbita intuyó la



Charles Robert Darwin



Alfred Russell Wallace

teoría de la selección natural sin saber que Darwin se le había adelantado, e

irónicamente le escribió a este para pedirle que le ayudara a publicar sus ideas. El resultado de esta curiosa cooperación fue la presentación de un trabajo conjunto a la Linnean Society de Londres, el 1 de julio de 1858, el cual fue publicado posteriormente (ese mismo año) en el Journal of the Linnean Society. Tanto Charles Darwin como Alfred Russell Wallace estuvieron fuertemente influenciados por el trabajo del economista Thomas Robert Malthus⁸.

I - 4 Teoría de La Evolución

En 1859 Darwin publicó su libro titulado *El origen de las Especies* donde explica que una especie que no sufriera cambios se volvería incompatible

⁶ En genética moderna, el término genotipo se usa para denotar la composición genética de un organismo.

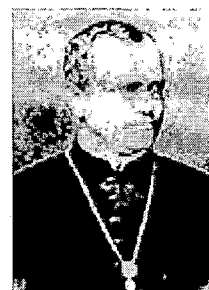
⁷ En genética moderna, se denomina fenotipo a los rasgos específicos de un individuo.

⁸ Malthus afirmaba que mientras las especies se reproducen de forma geométrica, los recursos naturales sólo crecen de forma aritmética, por lo que ocurren periódicamente crisis para estabilizar las poblaciones de las especies con respecto a los recursos que requieren.

con su ambiente, ya que éste tiende a cambiar con el tiempo. Asimismo, las similitudes entre hijos y padres observadas en la naturaleza le sugirieron a Darwin que ciertas características de las especies eran hereditarias y que, de generación a generación, ocurrían cambios cuya principal motivación era hacer a los nuevos individuos más aptos para sobrevivir.

II.2.1.5 Las leyes de La Herencia de Mendel

El monje austriaco Johann Gregor Mendel realizó una serie de experimentos con guisantes durante buena parte de su vida, estudiando las características básicas de esta planta. Mediante un cuidadoso análisis de las diferentes características manifestadas por las plantas de guisantes, Mendel descubrió tres leyes básicas que gobernaban el paso de una característica de un miembro de una especie a otro. La primera ley (llamada de Segregación) establecía que los miembros de cada par de alelos de un gene se separan cuando se producen los gametos durante la meiosis. La segunda ley (llamada de la Independencia) establecía que los pares de alelos se independizan (o separan entre sí durante la formación de gametos⁹. La tercera ley (llamada de la Uniformidad) establecía que cada característica heredada se determina mediante dos factores provenientes de ambos padres, lo cual decide si un cierto gene¹⁰ es dominante o recesivo.



1 - 5 Johann Gregor Mendel

II.2.1.6 La teoría de La Mutación

El botánico danés Hugo De Vries creyó haber descubierto una nueva especie de planta al encontrar (alrededor del año 1900) una flor roja entre una

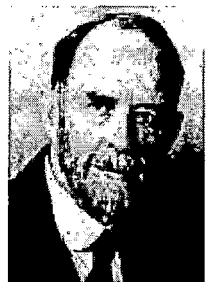
⁹ Hoy sabemos que esta ley sólo es válida para los genes localizados en cromosomas diferentes. Se denominan gametos a las células que llevan información genética de sus padres con el propósito de llevar a cabo una reproducción sexual. En los animales, a los gametos masculinos se les llama espermias y a los femeninos se les llama óvulos.

¹⁰ El término "gene" fue acuñado en una época posterior, pero los factores hereditarios o unidades de la herencia a los que se refirió Mendel son precisamente los genes.

gran cantidad de flores amarillas¹¹. Según De Vries, esto se debía a una mutación abrupta e infrecuente de las flores amarillas. Accidentalmente, De Vries redescubrió nuevamente las leyes de la herencia que enunciara varios años atrás Gregor Mendel, y puso de moda la teoría de las “mutaciones espontáneas”, expandiendo con ella la teoría Darwiniana de la evolución.

II.2.1.7 La teoría Cromosómica de La Herencia

En 1903, Walter Sutton (entonces un estudiante de postgrado en la Universidad de Columbia), leyó el trabajo de Mendel y el de De Vries, y determinó correctamente (y sin la ayuda de experimentos genéticos) que los cromosomas en el núcleo de las células eran el lugar donde se almacenaban las características hereditarias. También afirmó que el comportamiento de los cromosomas durante la división de las células sexuales era la base para las leyes de la herencia de Mendel. Un poco después indicó que los cromosomas contenían genes y que los genes de un mismo cromosoma estaban ligados y, por tanto, se heredaban juntos. A esto se le llamó la “teoría cromosómica de la herencia”.



I - 6 Walter Sutton

II.2.1.8 Neo-Darwinismo

La teoría evolutiva propuesta originalmente por Charles Darwin en combinación con el seleccionismo de August Weismann y la genética de Gregor Mendel, se conoce hoy en día como el paradigma Neo-Darwiniano. El Neo-Darwinismo establece que la historia de la vasta mayoría de la vida en nuestro planeta puede ser explicada a través de un puñado de procesos estadísticos que actúan sobre y dentro de las poblaciones y especies: la reproducción, **la mutación, la competencia y la selección.**

¹¹ Años más tarde se descubrió que las flores rojas que motivaron esta teoría no eran más que una variedad de las mismas flores amarillas y no una nueva especie como De Vries creía.

La reproducción es una propiedad obvia de todas las formas de vida de nuestro planeta, pues, de no contar con un mecanismo de este tipo, la vida misma no tendría forma de producirse.

En cualquier sistema que se reproduce a sí mismo continuamente y que está en constante equilibrio, la mutación está garantizada. El contar con una cantidad finita de espacio para albergar la vida en la Tierra garantiza la existencia de la competencia. La selección se vuelve la consecuencia natural del exceso de organismos que han llenado el espacio de recursos disponibles. La evolución es, por lo tanto, el resultado de estos procesos estocásticos (es decir, probabilísticos) fundamentales que interactúan entre sí en las poblaciones, generación tras generación.

II.2.1.9 Inspiración Biológica

La evolución natural fue vista como un proceso de aprendizaje desde los 1930s. W. D. Cannon, por ejemplo, plantea en su libro *The Wisdom of the Body* que el proceso evolutivo es algo similar al aprendizaje por ensayo y error que suele manifestarse en los humanos. El célebre matemático inglés Alan Mathison Turing reconoció también una conexión “obvia” entre la evolución y el aprendizaje de máquina en su artículo (considerado hoy clásico en Inteligencia Artificial) titulado “*Computing Machinery and Intelligence*”.

II.2.1.10 Alexander Fraser

A fines de los 1950s y principios de los 1960s, el biólogo Alexander S. Fraser publicó una serie de trabajos sobre la evolución de sistemas biológicos en una computadora digital, dando la inspiración para lo que se convertiría más tarde en el algoritmo genético.

El trabajo de Fraser incluye, entre otras cosas, el uso de una representación binaria, de un operador de cruce probabilístico, de una población de padres que generaban una nueva población de hijos tras recombinarse y el empleo de un mecanismo de selección. Además, Fraser estudió el efecto de la epis-

tasis¹², la segregación¹³, los porcentajes de cruce y varios otros mecanismos biológicos que hoy son de sumo interés para la comunidad de computación evolutiva. Su trabajo de más de 10 años en este tema se resume en un libro titulado *Computer Models in Genetics*. De tal forma, puede decirse que el trabajo de Fraser anticipó la propuesta del algoritmo genético simple de Holland y la de la estrategia evolutiva de dos miembros de Schwefel. Fraser, además, llegó a utilizar el término “aprendizaje” para referirse al proceso evolutivo efectuado en sus simulaciones y anticipó el operador de inversión, la definición de una función de aptitud y el análisis estadístico de la convergencia del proceso de selección. Más interesante aún, resulta el hecho de que el trabajo de Fraser no fue el único efectuado en su época, sino que más bien los modelos computacionales de la genética poblacional se volvieron bastante populares durante fines de los 1950s y principios de los 1960s, al grado de que dio pie a reseñas sobre el tema, como las de J. L. Crosby.

II.2.1.11 La Optimización Evolutiva de Bremermann

Hans Joachim Bremermann fue tal vez el primero en ver a la evolución como un proceso de optimización, además de realizar una de las primeras simulaciones de la evolución usando cadenas binarias que se procesaban por medio de reproducción (sexual o asexual), selección y mutación, en lo que sería otro claro predecesor del algoritmo genético.

Bremermann fue uno de los primeros en utilizar el concepto de “población” en la simulación de procesos evolutivos, además de intuir la importancia de la coevolución (es decir, el uso de dos poblaciones que evolucionan en paralelo y cuyas aptitudes están relacionadas entre sí) y visualizar el potencial de las técnicas evolutivas para entrenar redes neuronales.

¹² En biología se dice que un gen es “espistático” cuando su presencia suprime el efecto de un gen que se encuentra en otra posición.

¹³ Cuando se forman los gametos y tenemos más de un par de cromosomas en el genotipo, es necesario elegir sólo uno de los cromosomas existentes, para fines de la recombinación sexual.

II.2.1.12 El Planteamiento Evolutivo de Holland

John Henry Holland en los 1960s se interesó en estudiar los procesos lógicos involucrados en la adaptación. Inspirado por los estudios realizados en aquella época con autómatas celulares y redes neuronales, Holland se percató de que el uso de reglas simples podría generar comportamientos flexibles y visualizó la posibilidad de estudiar la evolución de comportamientos en un sistema complejo.



I - 7 John Henry Holland

Holland advirtió que un estudio de la adaptación debía reconocer:

(a) La adaptación ocurre en un ambiente, (b) la adaptación es un proceso poblacional, (c) los comportamientos individuales pueden representarse mediante programas, (d) pueden generarse nuevos comportamientos mediante variaciones aleatorias de los programas, y (e) las salidas de dos programas normalmente están relacionadas si sus estructuras están relacionadas.

De tal forma, Holland vio el proceso de adaptación en términos de un formalismo en el que los programas de una población interactúan y mejoran en base a un cierto ambiente que determina lo apropiado de su comportamiento. El combinar variaciones aleatorias con un proceso de selección (en función de qué tan apropiado fuese el comportamiento de un programa dado), debía entonces conducir a un sistema adaptativo general. Este sistema fue desarrollado hacia mediados de los 1960s y se dio a conocer en el libro que Holland publicase en 1975, donde lo denominó "plan reproductivo genético", aunque después se popularizó bajo el nombre (más corto y conveniente) de "algoritmo genético". Aunque concebido originalmente en el contexto del aprendizaje de máquina, el algoritmo genético se ha utilizado mucho en optimización, siendo una técnica sumamente popular en la actualidad.

II.2.2 Fundamentos Teóricos de los Algoritmos Genéticos

Aunque los algoritmos genéticos son simples de describir y programar, su comportamiento puede ser muy complicado, y todavía existen muchas preguntas abiertas acerca de cómo funcionan y sobre el tipo de problemas en los que son más adecuados.

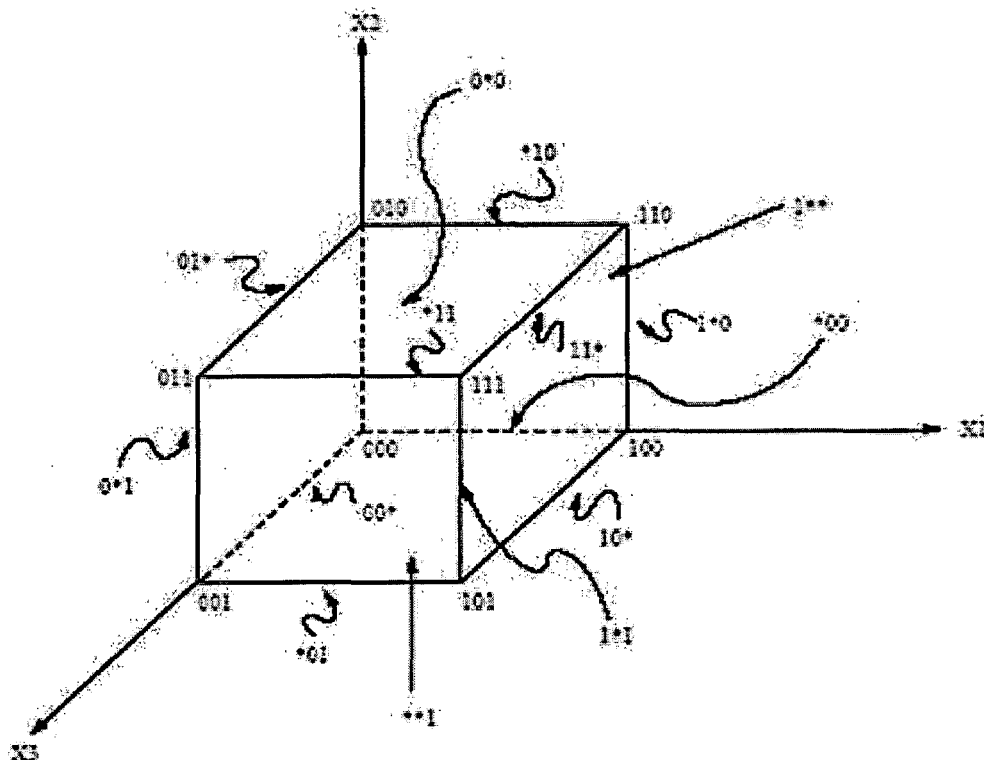


Fig. 12. Representación gráfica de los esquemas (schemas) L=3.

Fuente: C.Coello (4)

La teoría tradicional de los Algoritmos Genéticos (AGs) asume que, en un nivel muy general de descripción, los AGs trabajan descubriendo, enfatizando y recombinando buenos "bloques constructores" de soluciones en una manera altamente paralelizada. La idea básica aquí es que las buenas soluciones tienden a estar formadas de buenos bloques constructores (combinaciones de bits que confieren una aptitud alta a las cadenas en las que están presentes). Holland (18) introdujo la noción de **esquemas** (Schema) para formalizar la noción de bloques constructores. Tal vez la forma más fácil de

visualizar un espacio de búsqueda es considerando todas las cadenas y esquemas de longitud 3. Gráficamente, podemos ver el espacio de búsqueda como un cubo donde los puntos son esquemas de orden 2 y los planos son esquemas de orden 1, como se muestra en la Fig. 12. Todo el espacio de búsqueda está cubierto por un esquema de orden cero (**), por ejemplo, la base acotada del cubo en el plano X1-X3 estará definida por el esquema (**1) y la arista del cubo en el eje X2 estará definida por el esquema (0*0).

Este resultado puede generalizarse a espacios de “n” dimensiones (hiperplanos), de tal manera, podemos pensar que un AG corta a través de diferentes hiperplanos en busca de los mejores bloques constructores.

La información que obtenemos de examinar los esquemas está relacionada con el número de esquemas únicos contenidos en la población. Cualquier cadena de bits de longitud “L” es una instancia de 2^L esquemas diferentes, por ejemplo:

Sea la cadena C=10, de longitud L=2, ésta es una instancia de los esquemas:

H1= (1*) H2= (*0) H3= (10) y H4= (**)

Consecuentemente, cualquier población dada de tamaño “N” contiene entre 2^L y $N2^L$ esquemas diferentes, dependiendo de la diversidad de la población. Cuando todas las cadenas de una población son iguales, hay instancias de exactamente 2^L esquemas diferentes¹⁴, en todos los demás casos, las cadenas de la población comparten esquemas.

II.2.2.1 Teorema de los Esquemas

Holland (18) desarrolló el teorema de los esquemas que describe el desarrollo de un esquema de una generación a la siguiente, la misma que tiene la siguiente expresión:

¹⁴ Sólo una población sin individuos o con un solo individuo contiene exactamente 2^L esquemas diferentes. En todos los demás casos las cadenas de población comparten esquemas (4).

$$E(m, (H, t + 1)) \geq \frac{\hat{u}(H, t)}{\bar{f}(t)} m(H, t) \left[1 - P_c \left(\frac{\delta(H)}{l-1} \right) \right] (1 - P_m)^{\sigma(H)}$$

Donde:

H	Esquema con al menos una instancia en la generación t
$m(H, t)$	Número de instancias de H en la generación t
$E(m, (H, t + 1))$	Número esperado de instancias de H en la generación $t + 1$
$\hat{u}(H, t)$	Aptitud promedio de las instancias de H en la generación t
$\bar{f}(t)$	Aptitud promedio de la población en la generación t
P_m	Probabilidad de mutación
$\sigma(H)$	Número de bits no definidos del esquema H
P_c	Probabilidad de Cruza
l	Longitud de la cadena binaria
$\delta(H)$	Longitud de definición del esquema H
$S_m(H) = (1 - P_m)^{\sigma(H)}$	Probabilidad de que el esquema H sobreviva bajo la mutación de una instancia de H

$S_c(H) \geq 1 - P_c \left(\frac{\delta(H)}{l-1} \right)$ Límite inferior de la probabilidad de que H sobrevivirá

la cruce de un punto

El Teorema de los Esquemas frecuentemente se interpreta de tal forma que implica que los esquemas cortos y de bajo orden cuya aptitud promedio se mantengan por encima de la media, de este modo recibirán un número de muestras que crece exponencialmente con el tiempo.

La razón por la que se dice que los esquemas cortos y de bajo orden reciben un número de muestras que se incrementa exponencialmente con el tiempo es porque el número de muestras de esos esquemas que no son perturbados y permanecen sobre la aptitud promedio se incrementan en un factor de $\hat{u}(H, t) / \bar{f}(t)$ a cada generación.

II.2.2.2 Críticas a los Algoritmos Genéticos

Algunos autores como Kenneth De Jong (19) han argumentado que, contrario a lo que se cree, los AGs no son optimizadores, sino que más bien son “satisfactores de metas” secuenciales que pueden modificarse para actuar como optimizadores de funciones. Si bien en la práctica han tenido un gran éxito como optimizadores, la realidad es que los AGs suelen tener dificultades para encontrar óptimos globales en ciertas clases de problemas (como por ejemplo el del viajero) **sumamente susceptibles a la representación o aquellos en los que la evaluación de la función de aptitud resulta sumamente costoso.**

Las críticas provienen, en general, de parte de los matemáticos y físicos que han modelado matemáticamente el comportamiento de un algoritmo genético (20), indicando que el “Teorema de los Esquemas” es realmente una desigualdad “débil” y no un “teorema”.

Un artículo (liberado originalmente como reporte técnico) escrito por David Wolpert y William MacReady (21) en 1995 plantea el teorema “No Free

Lunch Theorem” y concluye, entre otras cosas, que todas las técnicas de búsqueda de heurística son matemáticamente equivalentes en general. Es decir, no hay una sola técnica que supere a las demás en todos los casos.

La confianza en sus resultados ha sido ampliamente respaldada por la efectividad de los mismos, dentro de las consideraciones ya explicadas, cruza es la fuente de mayor poder del AG, pues tiene la capacidad de recombinar las instancias de esquemas favorables para formar otros igualmente buenos o mejores. Esta suposición de que los AGs trabajan de esta manera se conoce como la Hipótesis de los Bloques Constructores (22). El efecto de la selección es sesgar gradualmente el procedimiento de muestreo hacia instancias de esquemas cuya aptitud se estime estén sobre el promedio. Con el paso del tiempo, el estimado de la aptitud promedio de un esquema debiera, en principio, volverse cada vez más preciso puesto que el AG está muestreando más y más instancias de este esquema.

El Teorema de los Esquemas y la Hipótesis de los Bloques Constructores lidian primordialmente con el papel de la selección y la cruza en los AGs y la mutación previene la pérdida de diversidad en una posición cualquiera (18). Es una especie de “póliza de seguro” contra fijaciones en una cadena cromosómica.

Lo cierto es que el AG suele considerarse una muy buena técnica para encontrar rápidamente regiones prometedoras del espacio de búsqueda, y aunque los AGs pueden encontrar los óptimos globales de problemas de alta complejidad, debe evaluarse el costo computacional contra el beneficio, y es por eso que esta técnica Evolucionaria se prefiere para encontrar soluciones razonablemente eficientes ya que suelen hacerlo en un tiempo relativamente corto (4).

II.2.3 Técnicas de los Algoritmos Genéticos

Los mecanismos de evolución en la naturaleza son muy simples, de acuerdo con la teoría de C. Darwin, el principio de selección natural privilegia con

mayor probabilidad la supervivencia y, por lo tanto, la reproducción a los individuos más aptos. Los individuos con más descendientes tienen más oportunidad de transmitir sus códigos genéticos a las próximas generaciones, tales códigos genéticos representados en los cromosomas, constituyen la identidad de cada individuo. En cada generación, una parte de la población sobrevive y la otra perece, al cabo de varias generaciones, la población final es evolutivamente superior a la primera que le dio origen.

Basándose en estas características, en el año 1975 Holland (18) introdujo al conocimiento humano un algoritmo que genera nuevas soluciones a partir de la unión de soluciones progenitoras, utilizando para ello operadores similares a los de la reproducción, selección y mutación, dando como resultado un algoritmo independiente del tipo de problema a resolver y, por lo tanto, robusto. Siendo una técnica heurística estocástica el algoritmo genético, no necesita información específica para guiar la búsqueda, sólo requiere de información proveniente de la función objetivo y no de sus derivadas, permitiéndole abordar una gran variedad de problemas de optimización no tratables mediante métodos basados en gradientes. Los AGs son algoritmos de búsqueda altamente paralelos, lo que le permite tratar problemas de optimización multimodal, donde el objetivo es encontrar un conjunto de parámetros que minimizan o maximizan una función de adaptación (fitness), pueden ser autoadaptativos lo que le permite abordar problemas con mucho "ruido".

Los AGs son adecuados si el espacio de búsqueda es grande, accidentado, poco comprendido, o si la función de aptitud tiene mucho ruido, y si la tarea no requiere que se encuentre el óptimo global (encontrar una solución bastante buena con cierta rapidez resulta suficiente). Si el espacio de búsqueda es muy pequeño, entonces el problema se puede resolver mediante una búsqueda exhaustiva, de este modo el AG no tiene mucha razón de ser.

Si el espacio de búsqueda no está accidentado y es unimodal, entonces una técnica de gradiente como "escalando la colina con ascenso pronunciado" será mucho más eficiente que un algoritmo genético. Si el espacio de

búsqueda se conoce bien es posible diseñar métodos de búsqueda que usen conocimiento específico sobre el dominio para superar fácilmente a una técnica independiente del dominio como el AG.

Si la función de aptitud tiene ruido (por ejemplo, si involucra tomar medidas sujetas a error de un proceso del mundo real tal como la visión de un robot), un método de búsqueda que use un solo candidato a la vez (como escalando la colina) será arrastrada inevitablemente por rutas erróneas debido al ruido, mientras que el AG tendrá un desempeño razonable porque trabaja mediante la acumulación de estadísticas de aptitud a través de las generaciones.

En general, se necesitan los cinco componentes básicos siguientes para implementar un AG que resuelva un problema cualquiera (23):

- a. Una representación de soluciones potenciales al problema.
- b. Una forma de crear una población inicial de soluciones potenciales (esto se efectúa normalmente de manera aleatoria, pero también pueden usarse métodos determinísticos).
- c. Una función de evaluación que juega el papel del ambiente, calificando a las soluciones producidas en términos de su "aptitud".
- d. Operadores genéticos que alteran la composición de los descendientes (normalmente se usan la cruce y la mutación).
- e. Valores para los diversos parámetros utilizados por el algoritmo genético (tamaño de la población, probabilidad de cruce y mutación, número máximo de generaciones, etc.)

II.2.3.1 La Representación o Codificación Cromosómica

Consideremos una comunidad de individuos cuya población sea de "M" habitantes, en un determinado espacio temporal o generación "t", la podemos representar con la siguiente expresión:

$$N(t) = \{X_1^t, X_2^t, \dots, X_M^t\},$$

$$X_i^t = (x_{i,1}^t, x_{i,2}^t, \dots, x_{i,n}^t)$$

Donde:

- X_i^t Es un vector que representa a un punto de búsqueda o individuo “ i ” de la generación “ t ”
- $x_{i,j}^t$ Es el elemento o variable de decisión “ j ”, del vector o individuo “ i ”, de la generación “ t ”
- n Es el número de componentes del individuo o número de variables de decisión
- M Es el número de individuos en la comunidad o tamaño de población

Un cromosoma es una representación de un individuo en forma de cadena de valores, un AG puede admitir codificación real, sin embargo, en su forma canónica los individuos deben estar codificados en binario (binary string) $\{1,0\}$ de longitud “ L ”. Cada una de estas cadenas es llamada “Genotipo” (18) o alternatively “Cromosoma” (24). Cada variable de decisión o elemento es representado por un gen, dependiendo de la representación cromosómica, un gen puede ocupar uno o varios bits, así si tenemos una codificación que emplee 3 bits para representar un gen o elemento, y una cadena cromosómica de 10 elementos ($n=10$), entonces, tendremos un cromosoma de longitud $L = 10 \times 3 = 30$.

Holland dio una justificación teórica para usar codificaciones binarias, comparó dos representaciones diferentes que tuvieran aproximadamente la misma capacidad de acarreo de información, pero de entre ellas, una tenía pocos alelos y cadenas largas (por ejemplo, cadenas binarias de 80 bits de longitud) y la otra tenía un número elevado de alelos y cadenas cortas (por ejemplo, cadenas decimales de longitud 24). Nótese que 2^{80} (codificación binaria) = 10^{24} (codificación decimal). La primera codificación da pie a un

grado más elevado de 'paralelismo implícito' porque permite más "esquemas" que la segunda ($3^{80} \gg 11^{24}$).

El número de esquemas se calcula mediante la relación:

$$NE = (c + 1)^L$$

Donde:

c Es la cardinalidad del alfabeto (c=2 en Cod. Binaria y c=10 en Cod. Real)

L Es la longitud cromosómica

En general, los esquemas utilizan un símbolo más (don't care = *) que la cardinalidad de su alfabeto, por esa razón se agrega una unidad.

De acuerdo a esto, es preferible tener muchos genes con pocos alelos posibles que contar con pocos genes con muchos alelos. Esto es sugerido no sólo por razones teóricas (de acuerdo al teorema de los esquemas formulado por Holland), sino que también tiene una justificación biológica, ya que en genética es más usual tener cromosomas con muchas posiciones y pocos alelos por posición que pocas posiciones y muchos alelos por posición. Sin embargo, Holland también demostró que el paralelismo implícito de los AGs no impide usar alfabetos de mayor cardinalidad (23), sin duda el alfabeto binario es el que ofrece el mayor número de esquemas posibles por bit de información.

Pero el uso de la representación binaria tiene varias desventajas cuando el AG se usa para resolver ciertos problemas con alta dimensionalidad (digamos con 50 variables) y queremos trabajar con una buena precisión (por ejemplo, cinco decimales), entonces el mapeo de números reales a binarios generaría cadenas extremadamente largas (del orden de 1000 bits en este caso), de este modo el AG tendría muchos problemas para producir resultados aceptables.

Hay un concepto utilizado en algunas representaciones que es la **Epístasis**, mediante el cual el valor de un bit puede suprimir la contribución de aptitud de otros bits en el genotipo.

Muchas veces, sobre todo en representación binaria, se producen soluciones inviables (que no pueden ser utilizadas por representar otra especie) y soluciones no factibles (que si bien se puede analizar, su comportamiento viola una serie de restricciones). Es deseable que en lo posible no haya individuos No Factibles en una población, habiendo casos en que el sistema se torna muy estricto y elimina estos individuos.

II.2.3.2 La Selección

Una parte fundamental del funcionamiento de un algoritmo genético es, sin lugar a dudas, el proceso de selección de candidatos a reproducirse. En el algoritmo genético este proceso de selección suele realizarse de forma probabilística (es decir, aún los individuos menos aptos tienen una cierta oportunidad de sobrevivir), sin embargo, pueden haber criterios que se puedan aplicar en etapas tardías de evolución, la selección es extintiva (los menos aptos son eliminados).

El mecanismo de selección permite orientar la búsqueda a aquellos puntos más promisorios o con la mayor adaptación observada. El operador de Selección genera, a partir de la población actual, una población intermedia del mismo tamaño reproduciendo con mayor número de copias a los individuos más aptos y eliminando o asignando un menor número de copias a los individuos menos aptos. El operador de Selección no produce nuevos puntos en ese espacio de búsqueda, sino que determina qué individuos dejarán descendencia en la próxima generación y en qué cantidad.

La selección está íntimamente ligada a dos conceptos que los debemos tratar antes de explicar la selección:

II.2.3.2.1 El valor de desempeño

Provee una medida de desempeño o cumplimiento del objetivo, es el resultado de un juego o una instancia de parámetros evaluados en la "Función de Evaluación" o "Función Objetivo", su valor depende únicamente de las variables que conforman el individuo evaluado. En problemas de Optimización MultiObjetivo (OMO) no hay una, sino varias Funciones Objetivo, entonces el valor de desempeño está dado por una función global que usa los resultados parciales de las funciones objetivo que la conforman.

II.2.3.2.2 El fitness, aptitud o valor de adaptación

El valor de la aptitud es un valor que se asigna a cada individuo y que indica que tan bueno es éste con respecto a los demás para la solución del problema. La función fitness transforma el valor de desempeño de un individuo en una probabilidad de supervivencia o en una ubicación de oportunidad de reproducción.

La evaluación de desempeño de una cadena o cromosoma es independiente del desempeño de otro cromosoma, el fitness o aptitud, en cambio, siempre es definido respecto a los demás cromosomas de la población en análisis.

Las técnicas de selección usadas en algoritmos genéticos pueden clasificarse en tres grandes grupos:

- Selección proporcional
- Selección mediante torneo
- Selección de estado uniforme

II.2.3.2.3 Selección Proporcional

Este grupo describe a un conjunto de esquemas de selección propuestos originalmente por Holland, en los cuales se elige a los individuos de acuerdo a su contribución de aptitud con respecto a la población de la misma generación.

La probabilidad de supervivencia o selección ρ_i^t del cromosoma o individuo "i" de la población $P(t)$ que corresponde a la generación "t", depende de la adaptación relativa de éste con respecto a la adaptación de toda población y está definida de la siguiente forma:

$$\rho_i^t = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^M f_j}$$

Donde:

ρ_i^t Probabilidad de Supervivencia del individuo "i" en la generación "t"

f_i Valor de Desempeño del elemento

M Población (número de habitantes)

El número esperado de copias " V_{esp} " del individuo "i" en la población intermedia de la generación "t" está dado entonces por la relación:

$$V_{esp_i}^t = M\rho_i^t$$

Que expresada en términos del valor de aptitud promedio es:

$$V_{esp_i}^t = \frac{f_i}{\bar{f}^t}$$

Los métodos más conocidos son de este grupo son:

II.2.3.2.3.1 La Ruleta

El algoritmo de la Ruleta propuesto por DeJong (25) es el siguiente:

Calcular la suma de valores esperados...

$$T = \sum_{j=1}^M f_j$$

Repetir “ M ” veces (“ M ” es el tamaño de la población):

- Generar un número aleatorio “ r ” entre 0.0 y “ T ”
- Ciclar a través de los individuos de la población sumando los valores esperados hasta que la suma sea mayor o igual a r
- El individuo que haga que esta suma exceda el límite es el seleccionado.

Es muy popular debido a su simplicidad, sin embargo, presenta un problema, el peor individuo puede ser seleccionado más de una vez y al tener complejidad asintótica del orden $O(n^2)$ y puede tornarse ineficiente para poblaciones grandes.

II.2.3.2.3.2 Sobrante Estocástico o (Remainder Stochastic Samplig)

Propuesta por Booker (26) y Brindle (27) como una alternativa para aproximarse más a los valores esperados.

La idea principal es asignar determinísticamente las partes enteras de los valores esperados para cada individuo y luego usar otro esquema (proporcional) para la parte fraccionaria. El sobrante estocástico reduce los problemas de la ruleta, pero puede causar convergencia prematura al introducir una mayor presión de selección.

El algoritmo es el siguiente:

- Asignar de manera determinística el conteo de valores esperados a cada individuo (valores enteros).
- Los valores restantes (sobrantes del redondeo) se usan probabilísticamente para rellenar la población.

Hay 2 variantes principales:

- El escalamiento Sigma, que expresa el Valor esperado de número de copias en función de la desviación estándar a fin de mantener la presión más o menos constante durante todo el proceso.
- Jerarquías, en el cual los individuos se clasifican en función a su aptitud y son seleccionados en base a su rango y orden de jerarquía.
- Y Selección Boltzmann., basada en el “recocido simulado” usa una función de variación de temperatura con lo cual varía la presión de selección a lo largo del proceso evolutivo.

II.2.3.2.4 Selección Mediante Torneo

Esta técnica fue propuesta por Wetzel (29) y estudiada en la tesis doctoral de Brindle (27). La idea básica del método es seleccionar con base en comparaciones directas de los individuos, por lo general, de dos en dos.

Hay 2 versiones de la selección mediante torneo:

- Determinística
- Probabilística

En ambos casos el algoritmo es el siguiente:

- Barajar los individuos de la población.
- Escoger un número “TT” de individuos (típicamente 2). Estévez (30)
- Compararlos con base en su aptitud.

En el caso de ser determinístico:

- El ganador del “torneo” es el individuo más apto.

En el caso de ser probabilístico:

- Se aplica una un $flip(\rho)$ (devuelve cierto a falso con un probabilidad “ ρ ”), si resulta 1, se escoge al más apto, en caso contrario se escoge al menos apto.

Esta técnica es eficiente y fácil de implementar, no requiere del escalamiento de la función y puede regularse la presión de selección variando el tamaño del torneo.

II.2.3.2.5 Selección de Estado Uniforme

Esta técnica fue propuesta por Whitley (31) y se usa en AGs no generacionales, en los cuales sólo unos cuantos individuos son reemplazados en cada generación (los menos aptos).

Esta técnica suele usarse cuando se evolucionan sistemas basados en reglas (sistemas clasificadores) en los que el aprendizaje es incremental. Esta técnica está muy ligada al concepto de Brecha Generacional.

En general, la técnica resulta útil cuando los miembros de la población resuelven colectivamente (y no de manera individual) un problema. Asimismo, los AGs generacionales se usan cuando es importante “recordar” lo que se ha aprendido antes.

II.2.3.2.6 Otras Técnicas de Selección

Existen otras técnicas con propósitos más específicos como la Disruptiva, Jerarquías no Lineales y la Competitiva¹⁵.

II.2.3.3 La Cruza

Éste es el operador de búsqueda más importante de los Algoritmos Genéticos, es un operador sexuado que intercambia material genético de dos padres produciendo descendencia que normalmente difieren de sus padres.

¹⁵ Puede encontrarse más información de estas técnicas en la publicación de Coello (4).

En los sistemas biológicos, la cruce es un proceso complejo que ocurre entre parejas de cromosomas. Estos cromosomas se alinean, luego se fraccionan en ciertas partes y, posteriormente, intercambian fragmentos entre sí. En computación evolutiva se simula la cruce intercambiando segmentos de cadenas lineales de longitud fija (los cromosomas).

Aunque las técnicas de cruce básicas suelen aplicarse a la representación binaria, éstas son generalizables a alfabetos de cardinalidad mayor y, en algunos casos, requieren de ciertas modificaciones.

Las tres técnicas básicas de cruce son las siguientes:

II.2.3.3.1 Cruza de un Punto

Esta técnica fue propuesta por Holland (18) y fue muy popular durante muchos años. Hoy en día, sin embargo, no suele usarse mucho en la práctica debido a sus inconvenientes. Hay varios esquemas que no pueden formarse bajo esta técnica de cruce (32).

El operador de recombinación o crossover trabaja con probabilidad de cruce " ρ_c ", esto permite que, en algunos casos, no haya recombinación y se mantengan los padres.

Dados " P " y " Q " un par de padres de longitud " L " bits, se escoge un punto " k " de forma aleatoria o determinística y se intercambian los bits a la derecha de esa posición a fin de obtener los hijos R y S , así:

$$k \in \{1, \dots, L-1\}$$

$$\text{Padres: } P = \{p_1, \dots, p_{k-1}, p_k, \dots, p_L\}; \quad Q = \{q_1, \dots, q_{k-1}, q_k, \dots, q_L\}$$

$$\text{Hijos: } R = \{p_1, \dots, p_{k-1}, q_k, \dots, q_L\}; \quad S = \{q_1, \dots, q_{k-1}, p_k, \dots, p_L\}$$

Está permitido si se emparejan dos descendientes de los mismos padres, esto garantizaría la perpetuación de un individuo con alto valor de desempeño (algo parecido ocurre en la ganadería, es una práctica llamada **inbreeding**).

ding que está destinada a potenciar ciertas características frente a otras). Sin embargo, si esto sucede demasiado a menudo, puede crear degeneración de la población (se producirían muchos descendientes de algún gen fuerte), que además puede tener caracteres no deseados, causando convergencia prematura.

La cruce de un punto destruye esquemas en los que la longitud de definición es alta. Esto produce el denominado sesgo posicional: los esquemas que pueden crearse o destruirse por la cruce dependen fuertemente de la localización de los bits en el cromosoma.

La cruce de un punto trata también de forma preferencial a algunas posiciones del cromosoma, como por ejemplo los extremos de una cadena. La cruce de un punto suele preservar también los **hitchhikers**, que son bits que no son parte del esquema deseado, pero que debido a su similitud con ellos gozan de los beneficios de la cruce (segmentos de cadena cromosómica que sobreviven, escondidos en algún sector sin aportar para el desempeño del mismo).

II.2.3.3.2 Crossover en dos o más Puntos

Jong (25) fue el primero en implementar una cruce de " n " puntos, como una generalización de la cruce de un punto.

El valor $n=2$, es el que minimiza los efectos disruptivos (o destructivos) de la cruce y de ahí que sea usado con gran frecuencia. No existe consenso en torno al uso de valores para valores de " n " mayores o iguales a 3, pero los estudios empíricos al respecto (60) no resultan concluyentes respecto a las ventajas o desventajas, en general, sin embargo, es aceptado que la cruce de dos puntos es mejor que la cruce de un punto.

Asimismo, el incrementar el valor de " n " se asocia con un mayor efecto disruptivo de la cruce.

En una cruce de " n " puntos los dos cromosomas padres se cortan por " n " puntos, y el material genético situado entre ellos se intercambia.

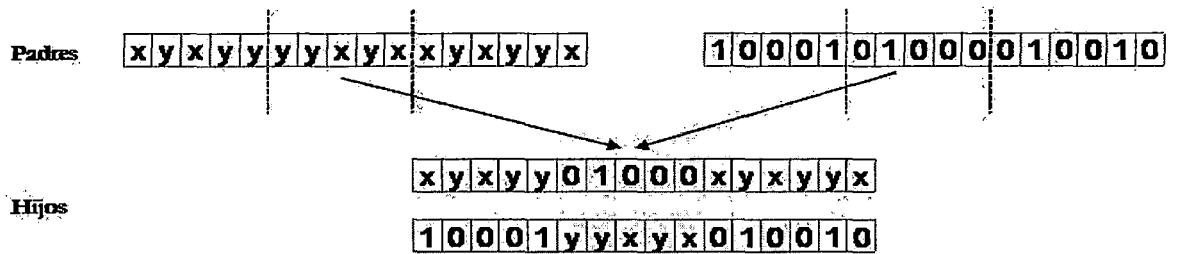


Fig. 13. Crossover de dos puntos

II.2.3.3.3 Cruza o Crossover Uniforme

Esta técnica fue propuesta originalmente por Ackley (33), en este caso, se trata de una cruce de “n” puntos, pero en la cual el número de puntos de cruce no se fija previamente.

La cruce uniforme tiene un mayor efecto disruptivo que cualquiera de las 2 cruces anteriores. A fin de evitar un efecto excesivamente disruptivo, suele usarse con $\rho_c = 0.5$, cuando se elige esta tasa de cruce hay una alta probabilidad de que todo tipo de cadena binaria de Longitud “L”, sea generada como máscara de copiado de bits.

La técnica probabilística es la que sigue: se genera un patrón aleatorio de binario y se intercambian los bits de los dos cromosomas que coincidan donde hay un 1 en el patrón, o bien se genera un número aleatorio para cada bit y, si supera una determinada probabilidad, se intercambia ese bit entre los dos cromosomas.

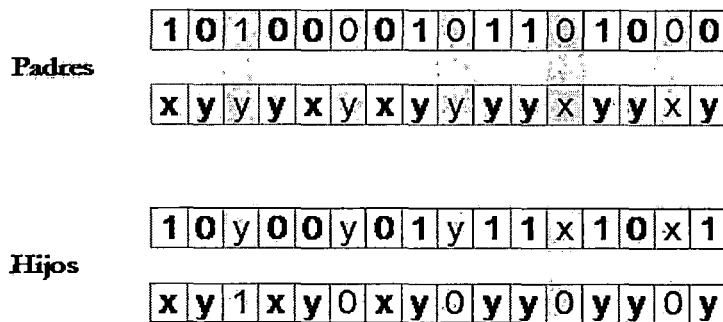


Fig. 14. Crossover uniforme

II.2.3.3.4 Otras Técnicas

Existen otras técnicas como la Cruza Acentuada, Cruza para permutaciones, Order Crossover, Order'based Crossover, Cycle Crossover, etc.

II.2.3.3.5 Cruza Para Representación Real

Si elegimos el uso directo de vectores de números reales para nuestra codificación, es entonces deseable definir operadores de cruce más acordes a esta representación. El énfasis principal es la capacidad de poder "romper" un cierto valor real, de manera análoga a como la cruce ordinaria "rompe" segmentos de cromosoma al usarse representación binaria. Las técnicas más comunes son las siguientes:

- Cruce en Un punto
- Cruce en Dos puntos
- Cruce Uniforme
- Cruce Intermedia
- Cruce Aritmética simple
- Cruce Aritmética total
- Simulated Binary Crossover
- Cruza basada en dirección

II.2.3.4 La Mutación

En el Algoritmo Genético simple, este operador juega un papel secundario, invirtiendo ocasionalmente el valor de un bit. Tasas de mutación pequeñas garantizan que un individuo no difiera mucho de su progenitor en el genotipo. La mutación sirve para evitar la pérdida de diversidad producida por la convergencia a un cierto valor de toda la población y que, por lo tanto, no pueden ser recuperados por el operador crossover

El operador de mutación invierte cada bit de la tira binaria sobre una base bit a bit con probabilidad de mutación " ρ_m ". Así:

Sea $Q = (q_1, q_2, \dots, q_L)$, un individuo antes de mutar, al cual se le aplica un operador de mutación con tasa de mutación = ρ_m

Entonces: $Q' = (q'_1, q'_2, \dots, q'_L)$ es el mismo individuo después de mutar.

Donde $q'_i = \begin{cases} q_i & \text{si } r > \rho_m \\ 1 - q_i & \text{si } r \leq \rho_m \end{cases}$ y

$r \in [0,1]$ Son uniformemente aleatorios y distintos para cada bit.

Una vez establecida la frecuencia de mutación, por ejemplo, uno por mil, se examina cada bit de cada cadena. Si un número generado aleatoriamente está por debajo de esa probabilidad, se cambiará el bit (es decir, de 0 a 1 o de 1 a 0). Si no, no se modificará el valor.

En la práctica, se suelen recomendar porcentajes de mutación de entre 0.001 y 0.01 para la representación binaria. Algunos investigadores, sin embargo, han sugerido que el usar porcentajes altos de mutación al inicio de la búsqueda y luego decrementarlos exponencialmente favorece el desempeño de un AG.

Otros autores sugieren que un límite inferior de la tasa de mutación está dada por la relación: $\rho_m = \frac{1}{L}$, donde " L " es la longitud cromosómica.

Las técnicas más comunes son las siguientes:

II.2.3.4.1 Mutaciones Para Representación de Permutaciones

II.2.3.4.1.1 *Mutación por Inserción*

Se selecciona un valor en forma aleatoria y se le inserta en una posición arbitraria.

Ejemplo:

P = 9 4 2 1 5 7 **6** 10 3 8

P' = 9 **6** 4 2 1 5 7 10 3 8

II.2.3.4.1.2 Mutación por Desplazamiento:

Es una generalización de la mutación por inserción en la que en vez de mover un solo valor, se cambian de lugares varios a la vez.

II.2.3.4.1.3 Mutación por Intercambio Recíproco

En este caso, se seleccionan dos puntos al azar y se intercambian estos valores de posición, por ejemplo:

P = 9 **4** 2 1 5 7 6 **10** 3 8

P' = 9 **10** 2 1 5 7 6 **4** 3 8

Existe además la Mutación Heurística, entre otras.

II.2.3.4.2 Mutaciones Para Representación Real

Existen varias técnicas, entre ellas:

- Mutación No Uniforme
- Mutación Límite
- Mutación Uniforme
- Parameter-Based Mutation

CAPÍTULO III. ESTADO DEL ARTE DE LA OPTIMIZACIÓN DE ESTRUCTURAS

III.1 Antecedentes

A comienzos de la década del 60 del siglo pasado comenzó una transformación considerada por muchos como el inicio de la optimización estructural. En 1960, Schmit (34) presentó un trabajo de optimización de una estructura discretizada¹⁶ utilizando el Método de Elementos Finitos (MEF). Desde entonces la optimización de formas y dimensiones en ingeniería estructural se ha ido haciendo más común, planteado habitualmente mediante formulaciones de mínimo peso, con restricciones no lineales impuestas con el fin de limitar los valores admisibles de desplazamientos y esfuerzos. S. Hernández (35) en 1990 y S. López (36) en el 2000, entre otros.

Los algoritmos de programación matemática utilizados para la Optimización de Estructuras son guiados por la gradiente y, por lo tanto, necesitan información proveniente de las derivadas de segundo orden, si consideramos que estas operaciones deben ser realizadas sobre matrices que guardan la información de cada micro espacio, podemos colegir que la carga computacional crecerá de forma exponencial (no polinomial) tornando el problema en "inviabile" a medida que las variables o las particiones crecen.

¹⁶La discretización consiste en la partición teórica de una estructura continua en partes pequeñas que son analizadas por separado haciendo posible resolver prácticamente cualquier solicitud, la solución global se aproxima sumando las partes. Obviamente, cuantas más pequeñas sean las partes mayor aproximación se obtendrá, pero se requerirá de más carga computacional.

En 1988, Bendsøe y Kikuchi (1) desarrollaron los conceptos básicos para la solución de problemas de optimización topológica, planteando formulaciones de máxima rigidez mediante la distribución de una cantidad predeterminada de “material” en un recinto cerrado, de forma que se maximice la rigidez (se minimice la energía de deformación) de la pieza resultante para un determinado estado de carga Kemmler (37). De esta manera, se evitaba trabajar con numerosas restricciones altamente no lineales pero con el riesgo de realizar planteamientos errados.

Existen otros trabajos, Cheng (38), Rozvany (39), de Optimización Estructural en medios continuos que se apoyan, como hemos visto, en la formulación de otro problema de naturaleza discreta. Esa aproximación relaja el problema hasta llegar a tres tipos de regiones, sólidas (con material), vacías (sin material) y regiones porosas (una cantidad de material combinada con micro cavidades, o sea un material compuesto). Cherkaev y otros (40) reportaron avances a esa fecha en la teoría matemática de materiales compuestos, los cuales se relacionan directamente con la optimización topológica.

La formulación “Solid Isotropic Material With Penalty” (41), (42) y (43) o simplemente SIMP constituye el método de máxima rigidez más extendido en la actualidad. En esta formulación hay una variable de diseño por elemento (la densidad relativa, o complemento a uno de la porosidad) cuyo valor adimensional debe estar comprendido entre 0 y 1. El objetivo es hallar los valores de las variables de diseño (la cantidad de material que hay que disponer en cada elemento) de forma que se minimice una función objetivo fuertemente no lineal (la energía de deformación) con una sola restricción sencilla (la cantidad total de material está limitada superiormente por un porcentaje predefinido, llamado factor de llenado, del volumen del recinto).

En el año 2002, F. Navarirrina (44) realiza un aporte en un trabajo de una viga de mínimo peso con restricciones en tensión para la optimización topológica de estructuras mediante el Método de Elementos Finitos, introduciendo la densidad relativa del material en el modelo numérico, a fin de ma-

nipular los valores de densidades relativas de los elementos, evitando de esa forma obtener resultados con estructuras porosas (no deseables).

Paralelamente, otro grupo de estudiosos apoyados en las herramientas de la Computación Evolutiva empiezan a utilizar la experiencia ganada hasta la fecha en optimización de estructuras con el MEF. En 1995, Osaki (45) plantea un AG para la optimización topológica de celosías, en su trabajo las secciones transversales de las barras son representadas por un arreglo binario, con un bit extra que indica la existencia o no de cada miembro, el cálculo estructural de los elementos resultantes es realizado por medio del MEF.

En marzo de 2000, Jakiela y otros (46) presentan un trabajo sobre diseño de una estructura usando Algoritmos Genéticos. El cromosoma es producto de un reacomodo de una matriz bidimensional donde los unos representan presencia de material y los ceros ausencia de él en un recinto. El método de cálculo se apoya nuevamente en el MEF.

Paralelamente, en la misma fecha G.Steven y otros (47), en el año 2000, presentan un trabajo considerando variaciones de topología y dimensionamiento, acuñando lo que ellos llamaron "Optimización Estructural Evolucionaria" (ESO por sus siglas en inglés), apoyado también en el MEF para el cálculo estructural, permite trabajar con estructuras tridimensionales, múltiples cargas y uniones fijas y flexibles.

Elaine T. Fonseca y otros (48), también en el año 2000, presentan un trabajo de análisis en vigas sometidas a cargas concentradas que producen sobre esfuerzos en zonas reducidas. Los algoritmos genéticos se usan como una alternativa a los elementos finitos en vista de que éstos presentan diferencias significativas.

Luciano F. da Silva y otros (49), en el mismo año, describen el uso de procesos apoyados en computación evolutiva para la determinación de diversos parámetros de anclajes en estructuras metálicas. Al año siguiente, De Lima y otros (50) presentan otro interesante trabajo de diseño de anclajes de estructuras metálicas mediante algoritmos genéticos.

En el año 2001, K. Dep y S. Gulati (51) plantean un AG para el diseño de celosías con mínimo peso. Las secciones transversales de las barras con codificación real son los alelos de sus cromosomas. Plantean las condiciones geométricas, estaticidad de la estructura, esfuerzos y deformaciones como restricciones con penalidad por violación muy altas.

A. Bello y otros (52), en el año 2002, presentaron un trabajo sobre la optimización de barras de una estructura de celosía mediante Algoritmos Genéticos. En este trabajo el algoritmo genético permite asignar perfiles metálicos desde catálogos de dimensiones comerciales a elementos en una estructura en celosía previamente calculada por métodos convencionales, cumpliendo coeficientes de seguridad de la normativa española MV103.

F. Cappello y A. Mancuso (53), en el año 2002, desarrollaron un A.G. para la optimización de efectos combinados de topología y forma de la estructura. En su trabajo plantean operadores genéticos adaptativos.

Wilfried Hansel, André Treptowy y otros (54), en el año 2002, plantean un algoritmo heurístico y genético para el diseño de piezas laminadas, usan la codificación similar a la de Osaki (45) utilizando un principio de superposición de capas.

S.Y. Wang y Tai (55), en el año 2004, presentan un trabajo de optimización de estructuras continuas con algoritmos genéticos donde utilizan la codificación de Voronoi-bar y concluyen que la representación es computacionalmente efectiva para problemas de OTE.

Nuevamente, S.Y. Wang y Tai (56), en el año 2005, prueban la representación "bit-array" para estructuras con mínimo peso, y destaca la importancia de una correcta sugerencia inicial de la conectividad.

A. Madeira (57) y otros, en el año 2005, presentan con éxito un desarrollo de optimización estructural multiobjetivo utilizando algoritmos genéticos y el Método de Elementos Finitos MEF.

Soon Yu Woon A, Liyong Tong B y otros (58) presentan, en el año 2005, un trabajo de optimización estructural de estructuras continuas utilizando algoritmos genéticos paralelos y una codificación especial basada en la respuesta estructural cargando el MEF en el sistema de evaluación.

III.2 Variaciones y Modelos

Los desarrollos de optimización de estructuras en celosías se han agrupado en tres grandes categorías o según Kalyanmoy (51)

- Dimensionamiento. En el cual se han dedicado a buscar áreas y secciones eficientes manteniendo constantes las demás variables.
- Configuración. En los cuales se abocan a buscar la mejor posición de los nudos dentro de un espacio geométrico, manteniendo constantes la topología, las características mecánicas, etc.
- Topología. Se busca la mejor combinación de elementos dentro de un espacio de búsqueda llamado "Ground Structure", manteniendo constantes sus coordenadas fijas y otras variables.

Si concebimos cada una de estas categorías como ejes dimensionales de un espacio de búsqueda, entonces un problema de OTE en sólo una de estas categorías podríamos convenir éste como un problema de Optimización de estructuras con criterios o criterios de optimalidad unidimensionales:

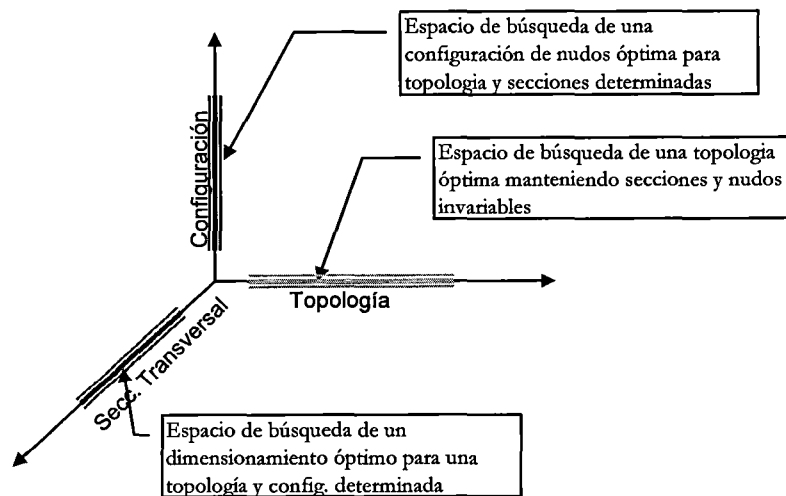


Fig. 15. Categorías de OTE - Criterios de optimalidad unidimensionales

Cuando se trata de abarcar más de una categoría, estaríamos ingresando a criterios de optimalidad bidimensionales o tridimensionales, tornándose el problema cada vez más complejo, existiendo un interés especial de la industria por resolver este tipo de problemas de optimización de estructuras. Los últimos desarrollos siguen básicamente dos metodologías que se explican a continuación:

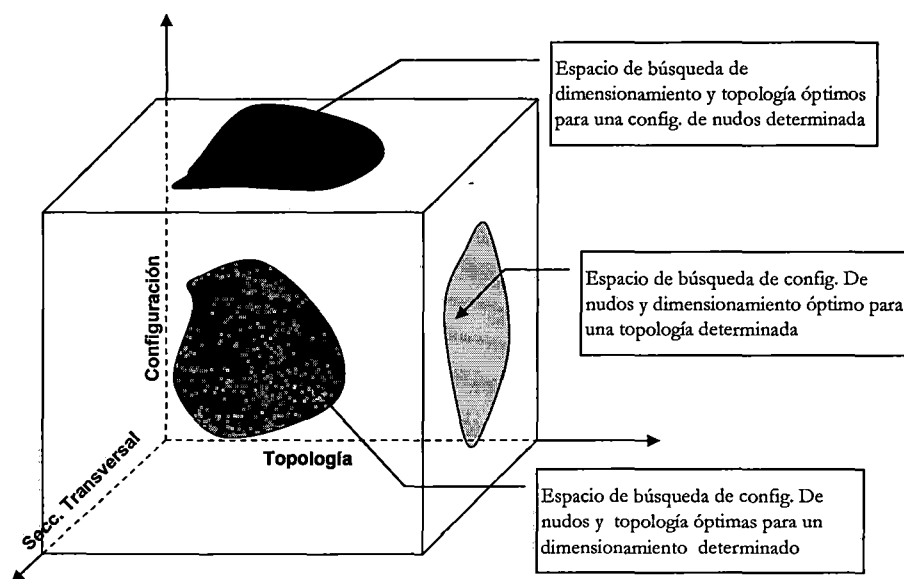


Fig. 16. Problemas de OTE con criterios de optimalidad multidimensionales

III.2.1 Distribución de Materia

Este modelo plantea distribuir una cantidad de material sobre un dominio acotado de dos o tres dimensiones (un cuerpo sólido o una lámina según sea al caso), de forma que se minimice el peso de la estructura y cumpla además con restricciones de tensión y deformación y satisfaga las solicitudes de geometría. A este modelo pertenece la metodología planteada por M. P. Bendsoe y N. Kikuchi (1; 1), consiste en la discretización o partición del dominio inicial en pequeños elementos cuyas características mecánicas son evaluadas en función de las propiedades del material, densidad y orientación.

Uno de los métodos más populares de Optimización Topológica son los desarrollados bajo la formulación del Solidi Isotropic Material with Penalti (SIMP) (42) (43) que distribuye el material buscando maximizar la rigidez para minimizar el peso utilizando la potencia del MEF y su posibilidad de obtener resultados parciales de estados de tensión y deformación zonificada (44) (13).

Una variante de este método es la de distribuir espacios “micro voids” dentro de un espacio acotado ocupado por material, por ejemplo, una plancha de acero para la optimización en 2D. (46), (55), (56), (53)

El modelo matemático tiene en general, la siguiente forma:

$$\begin{aligned} \text{Min} \quad & f(X), \quad X \in \mathfrak{R} \\ \text{S.a.} \quad & g_i(X) \geq 0, \quad i = 1, 2, \dots, I \\ & h_j(X) = 0, \quad j = 1, 2, \dots, J \end{aligned}$$

Donde:

X	Vector Solución
\mathfrak{R}	Dominio
$g_i(X)$	i-ava función de restricción de desigualdad

$h_j(X)$ j-ava restricción de igualdad

El modelo es transformado en una relación artificial no restringida, utilizada por el A.G. con la cual es posible obtener una función de desempeño, de la siguiente forma:

$$F(X) = \begin{cases} f(X) & \text{si } X \in \varphi \\ V_{\max} + Viol(X) & \end{cases}$$

Donde

$F(X)$ Relación artificial no restringida

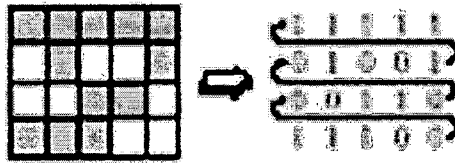
φ Zona de soluciones factibles $\varphi \in \mathfrak{R}$

V_{\max} Valor correspondiente a la peor solución factible, aunque se usa también un valor muy alto previamente definido.

$Viol(X)$ Es una relación de las Violaciones de las funciones de restricción, por lo general, es la suma de ellas multiplicadas por factores que pueden o no ser la unidad.

La evaluación del desempeño recurre al Método de Elementos Finitos para el cálculo estructural de la estructura obtenida.

La Codificación de este sistema atribuye "1" al espacio ocupado por material y "0" al espacio ocupado por un "Void" o vacío, como se indica en la Fig. 17. Codificación de distribución de materia, sin embargo, durante el proceso suelen activarse puntos y zonas aisladas que no estructuran (non structre) los cuales suelen ser las causas principales de la infactibilidad de un gran número de soluciones:



Phenotype (distribution of void/material) and binary genotype.

Fuente: W. Hansel et al. / *Composite Structures* 58 (2002) 287-294.

Fig. 17. Codificación de distribución de materia

Los últimos desarrollos en este campo plantean variaciones en la codificación genética a fin de acelerar el proceso de convergencia buscando reducir el número de individuos no viables. Estos trabajos bastante creativos plantean una serie de técnicas a fin de guiar la distribución de puntos siguiendo trayectorias, conectividad por proximidad desarrollos mediante capas como W. Hansel y otros (54), S.Y. Wang, bit-array, curvas de Bezier, K. Tai (55) y (56).

III.2.2 Distribución de barras

Este método concibe la existencia de una "Ground Structure" (45), (47) y (59), como región de dominio de la topología, formada por los nudos predefinidos en un espacio acotado y todas las posibles conexiones entre estos nudos que constituyen los elementos o barras.

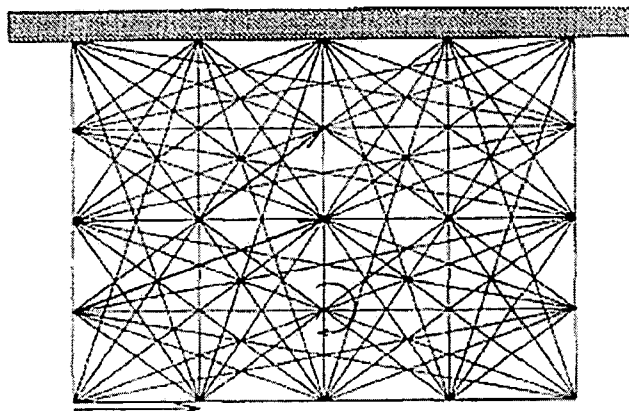


Fig. 1 Typical ground structure.

Fig. 18. Ground Structure. F: P. Hajela

Como las barras son en realidad uniones de dos nudos, el número máximo de combinaciones posibles corresponde a la cantidad de total¹⁷ de elementos posibles que se pueden obtener con los nudos especificados. Este máximo número de elementos posibles está dado por la relación:

$$b_{\max} = \binom{n}{2} = \frac{n(n-1)}{2}$$

Donde:

b_{\max} Es el Máximo Número de Elementos

n Es el número de nudos de la Ground Structure

En forma general el modelo matemático tiene la forma indicada:

$$\begin{aligned} \text{Min} \quad & f(X) = \sum_{i=1}^{NB} \psi_i X_i \\ \text{S.a.} \quad & g_j(X) \leq 0 \\ & h_k(X) = 0 \end{aligned}$$

Donde:

ψ_i Representa en algunos casos la densidad del material (40) y en otros casos un valor binario que activa o desactiva el elemento i -avo elemento al que corresponde (46).

X_i Vector que generalmente está en función de la Longitud y Área del i -ésimo elemento, considerando que esos son los datos de salida del programa de cálculo estructural.

NB Número de elementos o barras

$g_j(X)$ j -ava función de restricción de desigualdad

¹⁷ El número de barras de la Ground Structure (GE) no necesariamente debe ser el Máximo Número de Elementos, es posible plantear también una GE preoptimizada (51).

$h_k(X)$ k-ava restricción de igualdad

La mayoría de estos desarrollos han utilizado el MEF o el Principio de Trabajos Virtuales como método de cálculo universal para resolver la estructura. Estos métodos devuelven el área de sección transversal de cada elemento para condiciones de carga y límites de esfuerzo y deformación correspondientes al material elegido, es por eso que la presencia o ausencia de los elementos en una celosía están muchas veces condicionadas a un concepto de área mínima (un valor por debajo del cual se considera ausente al elemento) un área máxima para indicar que los límites de esfuerzo y/o deformación han sido excedidos, etc., y en algunos casos se coloca además un bit interruptor (on/off) adicional.

Igualmente, la función es llevada a una forma no restringida, la ecuación sería:

$$F(X) = \begin{cases} f(X) & \text{si } X \in \varphi \\ V_{\max} + Viol(X) \end{cases}$$

Estas consideraciones llevan a codificaciones cromosómicas en real o binario que representan las áreas transversales de los elementos y, en algunos casos, además el del bit de interruptor o compuerta que activa o desactiva ese miembro como los desarrollos de M. Ohsaki (45) y Kalyanmoy (51).

Existen otros tipos de representación en donde los genes representan coordenadas de los nudos manteniéndose invariables las conexiones entre ellas.

Otras representaciones indican el tipo de perfil AISC codificado en binario, manteniendo constantes las posiciones de los nudos y las conexiones entre ellos (topología) Galindo 2003 (60), Predes (61).

Las coordenadas en los nudos -previamente establecidas- no evolucionan y, en algunos casos, P. Hajela (59), se afina la forma en una segunda fase variando las coordenadas de los nudos dentro de un parámetro.

III.3 Software Existente

A lo largo de los años se ha desarrollado una infinidad de Software para el cálculo estructural, la mayoría de ellos basados en el Método de Elementos Finitos, dotados de código que permiten el ingreso de la forma de la estructura y calculan esfuerzos y deformaciones respecto a un sistema de cargas y normas. Como resultado, algunos de ellos dan además dimensiones de los elementos. Aquí mencionamos a los más conocidos:

III.3.1 SW de Cálculo Estructural

Existe en el mercado una gran cantidad de SW para el cálculo de estructuras, a continuación citaremos los más importantes:

1) ETABS

ETABS es ideal para el análisis y diseño de edificios y naves industriales, puede realizar análisis de estructuras complejas, realiza cálculo automático de coordenadas de centros de masas (X_m , Y_m), coordenadas de centros de rigideces (X_t , Y_t), fuerzas sísmicas, sus excentricidades y aplicación en el centro de masas, división automática de elementos (Auto-Mesh), etc. El programa usa e MEF.

2) Sap2000

Sap2000 Basic ofrece análisis estático y análisis dinámico modal espectral para elementos y placas. También diseña elementos de acero y concreto, y está limitado a 1,000 nodos.

Sap2000 Plus ofrece las mismas características que la versión standar, además de realizar análisis dinámico historial y análisis de elementos planos, sólidos y tipo Asolids. También incluye análisis de puentes y sin límites en el número de nodos.

Sap2000 Advanced expande las opciones del Plus con análisis dinámico historial de tiempo no lineal (amortiguadores o disipadores, aisladores de

base) y ofrece además análisis Pushover 3-D estático no lineal. Además, sólo para la versión Advanced, existen módulos extras que se adquieren por separado.

3) CSICOL

CSICOL es un software comprensivo usado para analizar y diseñar columnas. Se puede realizar por el programa el diseño de columnas de cualquier concreto, concreto reforzado y secciones transversales compuestas de concreto reforzado. CSICOL proporciona una herramienta llamada "Asistente Rápido de Diseño" que guía a los usuarios paso a paso durante el proceso completo del diseño de la columna. Esto hace que el proceso de diseño sea simple, organizado y eficiente.

El diseño se puede realizar de acuerdo con los códigos ACI 318-02, ACI 318-99 o CSA A-23.3-94.

4) Robobat

Ofrece una solución integrada y completa para el cálculo de estructuras de edificación, desde la modelización hasta la presentación de resultados. Su solver, basado en el Método de los Elementos Finitos, genera unos resultados rápidos y fiables. Usa una interface intuitiva y agradable, en entorno Windows, con multitud de iconos y barras de herramientas personalizables que hacen rápido y fácil su manejo.

III.3.2 SW de Algoritmos Genéticos

Con la aparición de los Algoritmos Genéticos se han desarrollado una serie de programas que permiten al usuario modelar un algoritmo genético, vienen cargados con una librería de operadores genéticos y controles que permiten ajustar los mismos a las necesidades del modelador, he aquí los más conocidos:

5) DGENESIS

DGENESIS es una implementación distribuida de un Algoritmo Genético Paralelo. Está basado en GENESIS 5.0 de John Grefenstette. Cada población es manejada por un proceso UNIX y las comunicaciones se realizan mediante sockets BSD. El usuario puede configurar varios aspectos de la migración y la topología usada en las comunicaciones entre las diversas poblaciones.

- Plataforma: Código fuente C/C++
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Erick Cantu-Paz
- Dirección: Instituto Tecnológico Autónomo de México
- E-mail: ecantu@lampport.rhon.itam.mx

6) EA Visualizer

EA Visualizer es tanto un framework general como un entorno de desarrollo para la visualización interactiva de algoritmos evolutivos. Para lograr un framework general para los algoritmos evolutivos se ha optado por la ruptura del algoritmo en 12 componentes. Cada uno de esos componentes pueden ser editadas de forma separada del resto mediante el uso del editor del programa.

- Plataforma: Código Java
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Peter Bosman
- Dirección: Utrecht University
- E-mail: peterb@cs.uu.nl

7) EO

EO es una biblioteca sobre la Computación Evolutiva, escrita en ANSI-C++ y basada en templates. Contiene clases para la mayoría de paradigmas de la Computación Evolutiva. Al estar basada en componentes, si no se encuentra la clase que se necesita, será muy fácil realizar una nueva clase que herede de alguna de las ya existentes.

- Plataforma: Código fuente ANSI-C++
- Tipo: GNU
- Desarrollador: J. J. Merelo
- Dirección: Universidad de Granada
- E-mail: merelo@users.sourceforge.net

8) ESCAPADE

ESCaPaDE es un entorno software que permite la ejecución de pruebas con varios algoritmos evolutivos, como por ejemplo las estrategias evolutivas.

- Plataforma: Windows
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Frank Hoffmeister
- Dirección: University of Dortmund
- E-mail: hoffmeister@ls11.informatik.uni-dortmund.de

9) GAGA

GAGA (GA for General Application) es una función autocontenida y reentrante que puede ser adaptada para la minimización de varias funciones de coste "difíciles".

- Plataforma: Linux, Unix
- Tipo: Freeware

- Desarrollador: Jon Crowcroft
- Dirección: University College London
- E-mail: jon@cs.ucl.ac.uk

10) GALIB

Galib es una biblioteca de funciones en C++ que proporciona al programador de aplicaciones un conjunto de objetos para el desarrollo de algoritmos genéticos. Usando Galib es posible resolver problemas de optimización mediante la construcción de un algoritmo genético, usando estructuras de datos y operadores estándar o específicos de selección, cruce y mutación, escalado y criterios de finalización.

- Plataforma: Unix, Windows y MacOS
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Matthew Wall
- E-mail: mbwall@mit.edu

11) GENESIS

Genesis es un GA generacional escrito en C por John Grefenstette. Como fue el primer programa sobre GA ampliamente distribuido, Genesis ha servido como base a otros paquetes sobre GA.

- Plataforma: Código C
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: John Grefenstette

12) GENITOR

GENITOR es un paquete modular de GAs que contiene ejemplos de representaciones reales, enteras y binarias. Entre sus características se incluyen tanto operadores secuenciales como operadores que funcionan sobre varias subpoblaciones.

- Plataforma: Código ANSI-C
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Darrell Whitley
- Dirección: Colorado State University.

13) GP

- Implementación del paradigma de la programación genética en el lenguaje C, siguiendo el código original en LISP descrito en Koza, J. R. (1990) Genetic Programming. MIT Press: Cambridge (MA) Koza (1990).
- Plataforma: Código fuente ANSI C para PC, SUN y VAX minis
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: M. A. Pollatschek
- E-mail: bani@ie.technion.ac.il

14) LEAP

LEAP (Library for Evolutionary Algorithm Programming) es una biblioteca que implementa un framework par los Algoritmos Evolutivos. Incluye diferentes técnicas, como los algoritmos genéticos y la programación genética, en un único framework.

- Plataforma: Código fuente C++
- Tipo: Freeware

- Desarrollador: Jano van Hemert y Bart Craenen
- Dirección: Leiden University
- E-mail: jvhemert@wi.leidenuniv.nl, bcraenen@cs.vu.nl

15) JGDSYSTEM

Descripción:

Java Geographically Distributed System es un sistema Java que permite resolver de manera geográficamente distribuido problemas de optimización mediante el uso de Algoritmos Genéticos.

- Plataforma: Cualquiera con una JVM
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Víctor Cuenca Velásquez y Enrique Alba Torres
- Dirección: Universidad de Málaga
- E-mail: vicuva@navegalia.com, eat@lcc.uma.es

16) NEOS

Descripción:

En la actualidad NEOS puede resolver problemas en las siguientes áreas: Programación Lineal, Optimización sin restricciones, Programación lineal estocástica, Optimización lineal en grafos.

- Plataforma: El servidor NEOS permite el acceso general a través de internet
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Argonne National Laboratory y Northwestern University

17) PGAPACK

PGAPACK (Parallel Genetic Algorithm PACKage) es una biblioteca de algoritmos genéticos en paralelo de propósito general desarrollado por Argonne National Laboratory. La versión beta V0.2 tiene las siguientes características: Enlazable con aplicaciones Fortran o C. Tipos de datos binarios, enteros y reales. Estructuras de datos orientadas a objetos. Población de reemplazo controlable de forma paramétrica. Múltiples elecciones para los operadores de selección, cruce y mutación. Fácil integración de heurísticas de descenso. Totalmente extensible para la inclusión de operadores de usuario y nuevos tipos de datos.

- Plataforma: Numerosas estaciones de trabajo de 32 bits con compiladores ANSI C (Desarrollado en C++)
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: David Levine
- E-mail: pgapack@mcs.anl.gov

18) SSGA

SSGA es un Algoritmo Genético de estado estacionario desarrollado en Java y muy fácil de utilizar. Entre sus características principales de implementación cabe destacar la selección por Torneo, el cruce SPX y el reemplazo de los peores individuos.

Plataforma: Código fuente Java

- Tipo: Freeware
- Desarrolladores: Enrique Alba y Antonio Nebro
- Dirección: Universidad de Málaga
- E-mail: eat@lcc.uma.es, antonio@lcc.uma.es

19) LEDA

LEDA (A Library of Efficient Data Types and Algorithms) es una biblioteca de tipos de datos y algoritmos para computación combinatoria. Se implementa mediante una Librería de clases en C++. LEDA no es estrictamente de dominio público, pero puede usarse libremente para la investigación y la enseñanza.

- Plataforma: Disponible para la mayoría de compiladores de C++ (cfront2.1, cfront3.0, g++, borland,zortech)
- Tipo: Libre para investigación y enseñanza
- Desarrollador: Stefan Naeher
- E-mail: stefan@mpi-sb.mpg.de

20) BUGS

BUGS es un programa interactivo para mostrar el comportamiento de un Algoritmo Genético mostrando los Operadores Genéticos básicos (selección, cruce y mutación).

- Plataforma: Código fuente C con X Windows
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Joshua Smith
- Dirección: Williams College, MIT Media Lab, Cambridge, MA 02139, U.S.A.
- E-mail: jrs@media.mit.edu

21) GA Demo 1

Applet de Java que permite ver una representación gráfica del funcionamiento de un Algoritmo Genético. Permite cambiar la configuración del algoritmo.

- Plataforma: Navegador que permita ejecutar Applets de Java
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Marshall C. Ramsey
- Dirección: University of Arizona
- E-mail: mramsey@bpa.arizona.edu

22) GA Demo 2

Applet de Java que permite ver una representación gráfica del funcionamiento de un Algoritmo Genético. Permite cambiar la configuración del algoritmo y la función de fitness a optimizar.

- Plataforma: Navegador que permita ejecutar Applets de Java
- Tipo: Freeware
- Desarrollador: Enrique Alba y Carlos Cotta
- Dirección: Universidad de Málaga
- E-mail: eat@lcc.uma.es, ccottap@lcc.uma.es

23) ACE

ACE (o ADAPTIVE Communication Environment) es un framework gratuito y orientado a objeto que implementa varios patrones para las comunicaciones y la ejecución paralela de programas.

- Plataforma: Independiente de la plataforma
- Tipo: Freeware

24) CORBA

CORBA define la infraestructura para la arquitectura OMA (Object Management Architecture) de OMG, especificando los estándares necesarios para la invocación de métodos sobre objetos en entornos heterogéneos.

25) Globus

Globus desarrolla todas las técnicas necesarias para la computación en grids. Los Grids son entornos persistentes que permiten a las aplicaciones software integrar diferentes tipos de recursos (computacionales, de información, etc.) y, posiblemente, estos recursos están administrados por diferentes organizaciones en diferentes lugares.

26) Java RMI

Java Remote Method Invocation (RMI) permite al programador crear software distribuido basado en la tecnología Java, en el cual se puede invocar a los métodos de objetos Java remotos que se ejecutan en otras JVM, que se encuentran posiblemente en diferentes ordenadores.

- Plataforma: Independiente de la plataforma
- Tipo: Freeware

27) MPICH

MPICH es una implementación portable y de libre disposición de la biblioteca estándar de Paso de Mensajes MPI.

- Plataforma: Unix, Windows
- Tipo: Freeware

28) PCN

PCN es un sistema para desarrollar y ejecutar programas en paralelo. Comprende un lenguaje de programación de alto nivel, herramientas para desarrollar y depurar programas en dicho lenguaje, así como interfaces hacia Fortran y C que permiten reutilizar el código existente en programas multilinguaje en paralelo. El código desarrollado con PCN es portable a diferentes estaciones de trabajo, redes y computadores multiprocesador N. Optimización No Lineal.

- Plataforma: Delta, Ipsc860, Iris, Next040, Rs6000 y Sun4
- Tipo: Freeware
- Desarrolladores: Ian Foster y Steven Tuecke

29) PVM

PVM (Parallel Virtual Machine) es un paquete software que permite usar una gran cantidad de ordenadores UNIX y/o NT conectados mediante alguna red como si fuera un único ordenador.

- Plataforma: Windows, Unix/Linux
- Tipo: Freeware

30) SOAP

SOAP es un protocolo estándar que permite intercambiar información en entorno distribuidos y descentralizados. Este protocolo está basado en XML.

31) E

E es una herramienta avanzada de Algoritmos Evolutivos (EA) diseñada para la resolución de problemas muy difíciles. E usa procesos evolutivos para descubrir relaciones, funciones y programas a partir la información adquirida del conjunto de datos de entrenamiento.

- Tipo: Software Comercial
- Plataforma: Windows
- Vendedor: System Dynamics International
- E-mail: info@sdi-inc.com

32) Evolutionary Optimizer (EVO)

Evolutionary Optimizer (EVO) es una herramienta para la optimización de sistemas cuyas propiedades son determinadas por parámetros numéricos

(como por ejemplo los controladores difusos). La optimización se lleva a cabo siguiendo un proceso que imita la evolución biológica.

- Tipo: Software Comercial
- Vendedor: TransferTech GmbH
- Dirección: Cyriaksring 9A, 38118 Braunschweig, Germany
- Teléfono: +49-531-890-255
- Fax: +49-531-890-355
- E-mail: info@transfertechn.de

33) GA Toolbox For Matlab

Genetic Algorithm Toolbox es un módulo que debe ser usado con MATLAB y contienen rutinas que implementan Algoritmos Genéticos (GAs) y otras técnicas de la Computación Evolutiva.

- Tipo: Software Comercial
- Vendedor: Dr Andy Chipperfield
- Dirección: Automatic Control & Systems Engineering, University of Sheffield, UK
- E-mail: chip@acse.shef.ac.uk

34) eatbx

GEATbx es la implementación más grande de Algoritmos Evolutivos en Matlab. Se han integrado un amplio número de operadores en un único entorno, con lo que consigue una poderosa herramienta de optimización aplicable a un gran rango de problemas.

- Tipo: Software Comercial
- Plataforma: Cualquiera que tenga soporte para Matlab (Windows, Linux, etc.)

- Vendedor: T&R Computer-Vertrieb GmbH
- Dirección: Klaistower Straße 64/65, Germany
- Teléfono: ++49 3327 4680189
- Fax: ++49 3327 43489

35) RPL2

RPL2 es un lenguaje interpretado y extensible que permite crear y utilizar programas que hagan uso de la computación evolutiva.

- Plataforma: Unix workstation networks (Sun, SGI, Dec Alpha)
MS-DOS or Windows-based PCs (serial version only), SGI Challenge XL, Cray Y-MP (serial) and T3D (parallel), Meiko CS-2
- Tipo: Comercial, gratis para uso académico
- Vendedor: Quadstone Ltd.
- Url: www.quadstone.com/

III.3.3 Optimización de Estructuras

El Software de optimización de estructuras es relativamente reciente, es aplicado como un anexo a algunos programas de cálculo, tienen aún muchas limitaciones, sus principales desarrollos de optimización se basan en programación matemática y elementos finitos, sus objetivos, por lo general, están en el dimensionamiento óptimo, siendo por lo general la optimización topológica aún un tema desarrollado a nivel de investigación.

36) Altair® Optistruct® 7.0

OptiStruc utiliza el MEF y programación matemática, ofrece entre otras cosas:

- **Morfología del Modelo.** Una propuesta para morfología de mallado y geometría la cual simplifica cambios de diseño basado en malla para modelos planos o sólidos, así como automatizar la creación de variables de diseño para optimización de tamaño y forma, es uno de los pocos en el mercado con optimización topológica y topográfica con limitación de esfuerzos en OptiStruct para generar el diseño conceptual más eficiente para estructuras críticas de esfuerzos, como las de una aeronave.

37) ANSYS Civilfem

Programa de Elementos Finitos para cálculos y análisis Estructurales Avanzados, tanto de Ingeniería Civil como Arquitectura y análisis Geotécnicos, una herramienta que incluye análisis lineales, no lineales, parametrización y optimización de cualquier variable que intervenga en el cálculo, análisis estáticos y dinámicos de acuerdo con los requerimientos de la Industria de la Construcción y Minera, además de módulos específicos para cálculos de puentes, estructuras pretensadas y geotécnicos. Este programa utiliza el MEF y Prog. Matemática.

38) Metal 3D

Metal 3D es un ágil y eficaz programa pensado para realizar el cálculo de estructuras en 3 dimensiones de barras de madera, de acero, hormigón o cualquier material. Si la estructura es de barras de madera o de acero, puede obtener su redimensionamiento y optimización. Calcula cualquier tipo de estructura realizando todas las comprobaciones exigidas por la norma. Está implementado para las normativas nacionales e internacionales de hormigón y de acero. Realiza el cálculo, dimensionamiento y comprobación de la resistencia al fuego de perfiles de madera. Efectúa el análisis (Análisis Modal Espectral) siguiendo las normas nacionales (NCSE-2002) e internacionales. Con viento y sismo considera los efectos de 2º orden (P-delta).

39) PADO

Dado un tipo de pórtico y partiendo del prototipo inicial y sus cargas, PADO genera de forma automática cambios en el diseño de partida hasta identificar de forma racional aquel que satisfaga con la mayor excelencia todas las restricciones que se le han planteado.

Autores: Universidad de la Coruña, Escuela Tecnológica Superior: Ingenieros de caminos, canales y puertos - J.A. Jurado, S. Hernández, A. Mosquera.

40) VTOP

VTOP (Vigas de Tendones Óptimos de Pretensado) tiene como finalidad conseguir el trazado longitudinal óptimo de los tendones de pretensado de una viga de hormigón. El programa permite considerar hasta tres cordones diferentes. Los datos de entrada son las características geométricas de la sección transversal de la viga, las características resistentes del hormigón y los parámetros de pérdida de fuerza de tensado a lo largo de la viga. VTOP permite considerar cualquier distribución de esfuerzos a lo largo de la pieza y tanto la entrada de datos como la presentación de resultados se realiza mediante una interfaz gráfica que facilita el uso del programa.

Autores: Universidad de la Coruña, Escuela Tecnológica Superior: Ingenieros de caminos, canales y puertos - A.N. Fontán, S. Hernández.

41) BALDO

BALDO (Barras de Aluminio de Diseño Óptimo), optimiza las dimensiones de un perfil de aluminio frente a unos determinados esfuerzos axiales, flectores y cortantes. La forma del perfil será tipo I, pudiéndose contemplar inestabilidades locales en cada una de las alas, en el alma, o inestabilidades globales de la barra. La barra de aluminio optimizada cumplirá las normativas técnicas existentes.

Autores: Universidad de la Coruña, Escuela Tecnológica Superior: Ingenieros de caminos, canales y puertos - A.N. Fontán, S. Hernández.

CAPÍTULO IV. METODOLOGÍA PROPUESTA

IV.1 Características de Especie

Una especie está definida por caracteres genéricos que tienen en común todos los individuos que pertenecen a ella y que además los distinguen de los individuos de las demás especies. La principal propiedad de una especie es que permite la reproducción entre sus miembros y que el producto de esta reproducción sea otro individuo viable que pertenezca a la misma especie.

En la medida en que podamos diseñar una especie que permita una mayor diversidad de individuos, la haremos más resistente a la presión evolutiva, incrementando el paralelismo o el ángulo de visión de búsqueda, permitiendo alcanzar altos niveles evolutivos en menos cantidad de generaciones, es decir, una convergencia más rápida.

Este es justamente uno de los problemas más complicados que presentan ambas metodologías tradicionales, los individuos resultantes de los cruces y mutaciones resultan de otra especie, no pueden ser incorporada a la población, por lo que se viene trabajando en una serie de mecanismos que interpreten al neonato y corrijan su “mal formación genética” o restrinjan el cruce insertando cada vez más procesos determinísticos.

IV.2 MODELO DE OPTIMIZACIÓN

Consideremos el conjunto Ω_{GS} formado por los puntos de una red bidimensional discreta y Ψ_{GS} el conjunto de todas las posibles combinaciones que se pueden formar con esos puntos. Ambos constituyen el espacio de solu-

ciones. Llamemos N al conjunto de elementos de Ω_{GS} seleccionados de mediante la variable de decisión S_j al que llamaremos “nudos”. Asociado a este subconjunto N , el conjunto Ψ agrupa a todas las posibles combinaciones que se pueden formar en uniendo estos nudos. A su vez, llamemos B al conjunto de combinaciones de Ψ seleccionados mediante la variable Z_{ij} . A los elementos del conjunto B se les denominará barras:

$$\begin{aligned} N &\subset \Omega_{GS} \\ B &\subset \Psi \subset \Psi_{GS} \end{aligned}$$

La estructura está formada por el conjunto de nudos N y el conjunto de barras B .

IV.2.1 Nomenclatura

Para continuar desarrollando la metodología propuesta, es necesario definir la nomenclatura a usar en el proceso:

Ω_{GS}	Conjunto que agrupa a todos los puntos de la red o posibles nudos
Ψ_{GS}	Conjunto que agrupa todas las posibles conexiones en la red
Ψ	Subconjunto de Ψ_{GS} formado por todas las posibles nexos entre todos puntos activos o “nudos”
N	Subconjunto de Ω_{GS} formado por todos los nudos (puntos activos)
B	Subconjunto de Ψ formado por todas las barras (nexos activos)
n	Número de nudos o cardinalidad de N
b	Número de barras o cardinalidad de B
x_j	Coordenada en el eje horizontal (x) del nudo j

y_j	Coordenada en el eje vertical (y) del nudo j
\underline{x}	Límite inferior de la coordenada x
\bar{x}	Límite superior de la coordenada x
\underline{y}	Límite inferior de la coordenada y
\bar{y}	Límite superior de la coordenada y
Δ_i	Desplazamiento del nudo i
f_{ij}	Tensión axial en la barra ij
l_{ij}	Longitud de la barra ij , tal que $l_{ij} = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2}$
δ_{ij}	Deformación de la barra ij por efecto su tensión axial
A_{ij}	Área de la sección transversal la barra ij
nco	Número de Criterios de Optimalidad
m	Número de elementos de la matriz de coeficientes \mathbf{C}
n	Número de puntos de la red o cardinalidad de Ω_{GS}
l_{\min}	Mínima longitud de barra admisible
l_{\max}	Máxima longitud de barra admisible
∂_{adm}	Deformación admisible de la estructura
σ_{adm}^t	Esfuerzo admisible a la tracción
σ_{adm}^c	Esfuerzo admisible a la compresión
FS	Factor de Seguridad
f_{adm}^t	Tensión axial admisible

C_c	Valor crítico de esbeltez
C_{\max}	Valor máximo de esbeltez
σ_y	Esfuerzo de fluencia
E	Módulo de Elasticidad de Young
λ	Esbeltez del elemento
I	Momento de Inercia de la sección transversal del elemento
γ	Peso específico del material constitutivo de las barras
σ	Límite de fluencia del material
rg	Radio de Giro (se toma el menor respecto a la dirección X o Y)
L_e	Longitud efectiva
L	Luz libre (distancia entre apoyos)
p	Es el tamaño de población P
d_k	Valor de la relación de optimalidad o función objetivo k
$\overline{d_k^P}$	Mayor valor alcanzado por el criterio de optimalidad k en la población P
w_k^o	Es el valor de ponderación de la relación de optimalidad k , tal que $w_k^o \in [0,1]$ y $\sum_{k=1}^{nco} w_k^o = 1$
g_h	Valor de la relación de restricción
$\overline{g_h^P}$	Máximo valor de la relación de restricción h en la población P
w_h^r	Es el valor de ponderación de la relación de restricción h tal que $w_h^r \in Z^+ \neq 0$ $h = \{1,2,\dots,p\}$

C Matriz de coeficientes

c_{kl} Elementos de la matriz de coeficientes **C**

$$S_j = \begin{cases} 1 & \text{Si el punto } j \text{ está activo} \\ 0 & \text{Caso contrario} \end{cases}$$

$$Z_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{Si se usa la barra } ij \\ 0 & \text{Caso contrario} \end{cases}$$

g^c_j Es el grado de conectividad del nudo j

Si bien el objetivo del presente trabajo es la optimización mono objetivo, el modelo permite la optimización multi objetivo, planteándose la alternativa de ponderación de criterios de optimalidad considerando que, en el caso particular de optimización topológica de estructuras, se puede priorizar objetivos como, por ejemplo, menor costo pero mayor facilidad de ensamble, o menor peso aunque no se escatime en costos, etc.

IV.3 Modelo Matemático

Minimizar

$$\gamma \sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n (A_{ij} l_{ij} \times Z_{ij}) \dots\dots\dots (1)$$

Subject to

$$\Delta_j s_j \leq \Delta_{adm} \quad j = \{1, 2, \dots, n\} \dots\dots\dots (2)$$

$$f_{ij} z_{ij} \leq f_{adm}^t \quad \forall f_{ij} \geq 0 \quad i, j = \{1, 2, \dots, n\} \dots\dots\dots (3)$$

$$-f_{ij} \leq F_{cr}^c \quad \forall f_{ij} < 0 \quad i, j = \{1, 2, \dots, n\} \dots\dots\dots (4)$$

$$l_{\min} \leq l_{ij} \leq l_{\max} \quad i, j = \{1, 2, \dots, n\} \dots\dots\dots (5)$$

$$\sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n Z_{ij} = 2 \times \sum_{j=1}^n S_j - 3 \dots\dots\dots (6)$$

$$c = \varphi(x_i, y_j, Z_{ij}) \in \mathbf{C} / \exists \mathbf{C}^{-1}. \quad \forall i, j \in [1, n] \dots\dots\dots (7)$$

$$\underline{x} \leq x_j \leq \bar{x} \quad j = \{1, 2, \dots, n\} \dots\dots\dots (8)$$

$$\underline{y} \leq y_j \leq \bar{y} \quad j = \{1, 2, \dots, n\} \dots\dots\dots (9)$$

$$z_{ij} \in \{0, 1\}, \quad i, j = \{1, 2, \dots, n\} \dots\dots\dots (10)$$

$$s_j \in \{0, 1\} \quad j = \{1, 2, \dots, n\} \dots\dots\dots (11)$$

La función objetivo (1) busca minimizar el peso de la estructura, el mismo que está expresado en función de la densidad del material multiplicado por la suma del volumen de los elementos de la estructura.

El sistema propuesto soporta la Optimización Multiobjetivo, es decir, que podríamos modelar, por ejemplo, la homogeneidad de los elementos para facilitar el ensamble, respuesta de la estructura a un determinado modo de vibración, etc.

De ser así, debemos introducir las demás funciones objetivo modeladas en función de las variables de decisión y de respuesta de la función de evaluación.

Las expresiones de la (2) a la (4) son restricciones normativas, sus valores límite están dados en general por las normas de diseño y recomendaciones reglamentarias.

Las relaciones (5) a (7) son restricciones de hipótesis de cálculo para el Método Matricial de de Celosías de Nudos Articulados.

Las relaciones (8) a (11) son restricciones de límite e integridad de variables.

IV.3.1 Criterios de Optimalidad

En los problemas de Optimización Topológica se han buscado convencionalmente minimizar el peso de la estructura, sin embargo, al proyectista estructural puede que le interese optimizar otros criterios además del peso. En el presente trabajo se están proponiendo tres criterios de optimalidad, los cuales podremos elegir por separado o en combinación, no obstante, pueden plantearse otros criterios de optimalidad en función de las necesidades del proyectista.

IV.3.1.1 Minimizar el peso de la estructura

El peso de la estructura está dado por la relación:

$$W = \gamma \sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n (A_{ij} l_{ij} \times Z_{ij})$$

Donde:

A_{ij} Área de transversal de la barra ij

γ Peso específico del material, se considera constante

σ Límite de fluencia del material, se considera constante

$l_{ij} = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2}$ Longitud de la barra ij

Considerando que el área de la sección transversal de cada barra está calculada en función del esfuerzo axial en ella producida y el límite de fluencia del material, tenemos entonces que $A_{ij} = \frac{f_{ij}}{\sigma}$, entonces considerando un mismo material para las barras y, por lo tanto, la densidad uniforme de los elementos, el peso de las barras puede expresarse en función del producto de la longitud de cada barra por su tensión axial en valor absoluto y la densidad del elemento:

$$W_{ij} = \gamma A_{ij} l_{ij}.$$

IV.3.2 Restricciones

Por convención:

- Los esfuerzos a tracción tiene signo positivo (+)
- Los esfuerzos a compresión tiene signo negativo (-)
- Se considerará que todos los elementos o barras tienen la misma relación geométrica de la sección transversal y están hechos del mismo material.

Explicaremos brevemente los conceptos teóricos de las restricciones y sus modelos integrados al modelo matemático del algoritmo.

IV.3.2.1 Restricción por deformación

La deformación de la estructura está limitada por normas y recomendaciones en función al uso de la misma, ésta la podemos medir en función del desplazamiento de sus nudos exteriores, sin embargo, este desplazamiento está sujeto a la deformación de las barras concurrentes a éste y su conciliación geométrica de éstas y los demás nudos de la red.

Analicemos inicialmente la deformación de una barra por efecto de su tensión axial. Conforme a la ley de Hooke, dentro del rango elástico, que es una condición de este problema, la deformación de una barra cualquiera por la acción de una fuerza axial actuante está dada por:

$$\delta = \frac{fl}{AE}$$

Las normas especifican parámetros de deformación máxima para estructuras de acuerdo al uso de la misma, importancia de la edificación, etc., en este sentido, la deformación de la estructura estará dada por el desplazamiento nodal a causa de las deformaciones de las barras coincidentes en ellas.

Para obtener el desplazamiento de los nudos debemos considerar una correspondencia geométrica entre todos los desplazamientos, esta la obtenemos a través de la matriz de coeficientes que nos permitió encontrar los esfuerzos en las barras desarrollado en el Marco Teórico.

Entonces producto de este cálculo obtendremos los desplazamientos nodales debiéndose verificar que ninguno de ellos exceda del valor dado por el reglamento, planteando la siguiente relación:

Ningún desplazamiento nodal debe ser superior al límite.

$$\Delta_j s_j \leq \Delta_{adm} \quad j = \{1, 2, \dots, n\}$$

IV.3.2.2 Restricción por Tracción

El esfuerzo admisible a la tracción está dado por la siguiente relación:

$$\sigma'_{adm} = \frac{\sigma_y}{FS}$$

Por lo tanto, expresado en términos de tensión axial, tenemos que:

$$f'_{adm} = \frac{\sigma_y \times A}{FS}$$

En caso de acero, por ejemplo: $f'_{adm} = 1500 \times A$

Por lo tanto, podemos expresar la restricción por tracción como sigue:

No deben producirse tensiones axiales superiores a la Tensión Admisible

$$f_{ij} \times Z_{ij} \leq f'_{adm} \quad \forall f_{ij} \geq 0 \quad y \quad \forall ij \in \forall i, j \in [1, n]$$

IV.3.2.3 Restricción por Flexo Compresión

Una barra sometida a esfuerzos de compresión puede fallar por aplastamiento, si se comporta como “columna corta” o por pandeo si se comporta como “columna larga” en función de la relación de longitud de la barra sobre la menor dimensión transversal de la sección¹⁸ (Esbeltez). De acuerdo a las necesidades del proyectista estructural, éste podría restringir la longitud de las barras hacia arriba o hacia abajo, para trabajar únicamente con columnas cortas o largas.

Sometida a una compresión crítica, una barra de sección maciza o tubular con comportamiento de “columna larga” puede sufrir pandeo lateral en cualquier dirección transversal, en caso de perfiles y secciones rectangulares que no poseen igual rigidez flexionante en ambas direcciones, deberá considerarse la dirección con el menor valor del momento de inercia (“I”). Según la

¹⁸ Para efectos de predimensionamiento se suele considerar columnas largas aquellas cuya menor dimensión transversal es menor a un décimo (1/10) de la longitud de la barra.

teoría de Euler, el valor de la compresión crítica está dado por la siguiente ecuación:

$$P_{cr} = \frac{\pi^2 EI}{l^2}$$

Donde, E, I y L son el módulo de elasticidad de Young, el Momento de Inercia en la dirección de menor rigidez y la Longitud de la barra respectivamente. La norma nos especifica que el valor de la fuerza axial de compresión debe estar por debajo de la fuerza a compresión crítica:

$$f_{adm}^c = \frac{P_{cr}}{FS} \Rightarrow f^c \leq \frac{\pi^2 EI}{l^2 \times FS}$$

Necesitamos establecer un parámetro o factor crítico en función de las propiedades mecánicas del material y las características físicas de la sección que se considerarán constantes, así como los factores de seguridad que se considerarán constantes. Si de llamamos F_{cr}^c a la parte constante de la ecuación de Euler tenemos:

$$F_{cr}^c = \frac{\pi^2 EI}{FS} \quad \text{y entonces podemos hacer: } f^c \times l^2 \leq F_{cr}^c$$

Como F_{cr}^c es un valor positivo (+) y por convención los esfuerzos a compresión tienen signo negativo (-), por lo que en forma general podemos plantear la restricción de la siguiente forma:

El producto de la fuerza axial de toda barra sometida a compresión por el cuadrado de su longitud debe ser inferior al Factor Crítico por Compresión”.

$$-f_{ij} \leq F_{cr}^c \quad \forall f_{ij} < 0 \quad i, j = \{1, 2, \dots, n\}$$

IV.3.2.4 Restricción de Longitud

IV.3.2.4.1 Máxima longitud (Esbeltez)

De acuerdo a la relación:

$$C_c < \lambda < C_{\max} \quad (a)$$

Pero la esbeltez está dada por la relación:

$$\lambda = \frac{L_e}{rg} \quad \text{Tal que } rg = \sqrt{\frac{I}{A}}, \text{ por lo tanto podemos expresar } \lambda = \frac{L_e}{\sqrt{\frac{I}{A}}}$$

Por otro lado tenemos que en el caso del acero:

$$C_c = \sqrt{\frac{2\pi^2 E}{\sigma_y}} \quad \text{y } C_{\max} = 200$$

Y para madera (secciones rectangulares)

$$C_c = 0.7025 \sqrt{\frac{E}{\sigma_{c,p}}} \quad \text{y } C_{\max} = \frac{EA}{\lambda^2}$$

Por condiciones del problema, las barras están hechas del mismo material, por lo tanto, E, I, σ_y son constantes y además comparten la geometría de la sección transversal, es decir, la fórmula para el cálculo del área de la sección transversal de los elementos es constante. Si multiplicamos por el radio de giro, tanto la esbeltez como los valores límite en (a) tenemos: expresada la restricción en función de l , así:

$$\sqrt{\frac{I}{A}} \times C_c < l \leq \sqrt{\frac{I}{A}} \times C_{\max}$$

Podemos ahora definir el parámetro de máxima longitud para las barras:

$$l_{\max} = \sqrt{\frac{I}{A}} \times C_{\max}$$

Cabe señalar que el valor $l_{crit} = \sqrt{\frac{I}{A}} \times C_c$ es la longitud crítica a partir de la cual la barra es considerada columna larga y los efectos de compresión son considerados de suma importancia para el peligro de falla por flexión, sin

embargo, para efectos de cálculo bajo una posición conservadora analizaremos siempre toda barra a compresión como una columna larga.

Así para la instancia del acero podemos obtener las constantes:

$$L_{\max} = \sqrt{\frac{I}{A}} \times 200$$

Para el caso de la madera los valores dependerán de la clase de madera. En el Capítulo II se pueden encontrar tablas de valores.

Podemos expresar la restricción de longitud por esbeltez como sigue:

Toda barra debe tener una longitud menor o igual a la longitud máxima longitud por esbeltez.

$$l_{ij} \leq l_{\max} \quad \forall \quad i, j = \{1, 2, \dots, n\}$$

IV.3.2.4.2 Mínima longitud (articulación de nudos)

Como se indicó en el marco teórico, si bien los nudos realmente no giran libremente, los consideraremos articulados considerando la diferencia entre la longitud de las barras y el diámetro de las mismas. A fin de mantener la validez de esta hipótesis debemos verificar que la longitud de las barras sean por lo menos 6 veces su máxima dimensión transversal

Entonces:

Donde:

$$l_{\min} = 6 \times \bar{t}$$

l_{\min} Mínima Longitud Admisible

\bar{t} Mayor longitud transversal de elemento

Podemos expresar la restricción por mínima longitud como sigue:

Toda barra debe tener una longitud mayor o igual a la mínima longitud admisible.

$$l_{\min} \leq l_{ij} \quad \forall \quad i, j = \{1, 2, \dots, n\}$$

IV.3.2.5 Restricción de Isostaticidad

Es una condición del problema que la estructura sea isostática interior y exteriormente. La condición de isostaticidad exterior para una estructura bidimensional es que existan sólo tres reacciones que las podemos modelar a través de las condiciones geométricas indicadas en el párrafo anterior.

Sin embargo, para que la estructura sea isostática interiormente debe haber una correspondencia entre el número de barras y el número de nudos de un estructura, vale decir, entre la cardinalidad de los conjuntos N y B descritos líneas arriba.

La cantidad de elementos de estos subconjuntos las describimos a través de sus variables de decisión de la siguiente manera:

El número de barras en una estructura debe ser igual al doble del número de nudos menos tres.

$$\sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n Z_{ij} = 2 \times \sum_{j=1}^n S_j - 3 \quad \forall i, j \in [1, n]$$

IV.3.2.6 Restricción por Estructuración

La estructura debe cumplir con ciertas condiciones geométricas, cuando esto no ocurre la matriz de coeficientes o invariante se torna singular, por lo tanto, no tiene inversa y el sistema de ecuaciones no puede ser resuelto. Esta condición la expresamos a través de la matriz de coeficientes:

La matriz de Coeficientes o invariante debe tener inversa.

$$\exists \mathbf{C}^{-1} \quad \forall i, j \in [1, n]$$

Donde:

C Es la matriz de coeficientes de $m \times m$, cuyos elementos c_{kl} están definidos como:

$$c_{kl} = \varphi(x_i, y_i, Z_{ij}) \quad k, l = \{1, 2, \dots, m\} \quad y \quad i, j = \{1, 2, \dots, n\}$$

IV.3.2.7 Restricciones Geométricas

Por condiciones del problema ciertos nodos deberán tener un valor prefijado y constante en alguno de los ejes o en ambos. Estos nodos condicionados o básicos, están asociados a los apoyos o nudos cargados.

Por otro lado, todos los nudos se encuentran acotados en límites generales que conforman el dominio espacial de la estructura. Aplicando límites específicos para cada nudo podemos modelar el comportamiento general como el comportamiento de los nudos condicionados o básicos, basta con determinar los valores máximos y mínimos convenientemente, así plateamos las relaciones:

Las coordenadas nodales deben estar dentro de parámetros propios.

$$\underline{x} \leq x_j \leq \bar{x} \quad j = \{1, 2, \dots, n\}$$

$$\underline{y} \leq y_j \leq \bar{y} \quad j = \{1, 2, \dots, n\}$$

IV.3.3 Enfoque Multi Objetivo

El trabajo desarrollado introduce conceptos valiosos en la representación cromosómica, zonas intrónicas, operadores especializados y cargar un método de cálculo aunque antiguo, efectivo.

Sin embargo, gracias a la eficiencia del algoritmo y del sistema, podemos ingresar al campo de la optimización multi objetivo de estructuras, es así que se sugiere el método de pesos ponderados, considerando que, como herramienta para el diseñador podría resultar útil priorizar, ponderar o anular criterios de optimalidad.

IV.3.3.1 Los Criterios de Optimalidad

El problema se puede transformar a un problema Mono Objetivo aproximando las sumas ponderadas de los criterios de optimalidad o funciones objetivo debiendo tener las siguientes consideraciones:

IV.3.3.1.1 Factor de escala

Como las funciones objetivo o criterios de optimalidad están a diferente escala y magnitud se hace necesario incorporar un factor de escala que estandarice valores, así cada valor de función objetivo lo dividiremos entre su valor máximo, así:

$$\frac{d_k}{\overline{d_k^P}} \in \langle 0,1 \rangle$$

Donde

$\overline{d_k^P}$ Mayor valor alcanzado por el criterio de optimalidad k en la población P en la generación t

IV.3.3.1.2 Factor de ponderación

Se le incorpora también una variable de ponderación w_k^o que permita activar o desactivar criterios de optimalidad así como ponderar aquellos criterios que resulten más importantes para el proyectista, tal que:

$$w_k^o = [0,1] \quad \text{tal que } w \in [0,1] \text{ y } \sum_{k=1}^{nco} w_k^o = 1$$

Así podemos entonces representar todas las funciones objetivo en una sola:

Minimizar:

$$D = \sum_{k=1}^{nco} w_k^o \times \frac{d_k}{d_k^P}$$

IV.3.4 **Administración de las Restricciones**

En algunos casos, cuando se trata optimización multi objetivo como este, conviene expresar las restricciones como una función objetivo de penalización que se desea minimizar (62) a fin de que podamos facilitar el cálculo del fitness.

Para conseguir este objetivo definimos una relación de penalización por cada restricción, la cual se represente el grado de desviación o incumplimiento de la regla de cada elemento así como del número de elementos que lo hacen con el objetivo de determinar un castigo acorde con la gravedad de la violación de la regla por parte individuo.

IV.3.4.1.1 Penalización

Transformamos cada restricción en relaciones de penalización. El resultado de estas transformaciones se presenta a continuación:

$$g_i = \sum_{i=1 / \partial_i > \partial_{adm}}^n \partial_i \times S_i - \delta_{adm}$$

$$g_2 = \sum_{j=1}^n \sum_{i=1 / \forall f_{ij} > f'_{adm}}^n f_{ij} \times Z_{ij} - f'_{adm}$$

$$g_3 = \sum_{j=1}^n \sum_{i=1 / f_{ij} < 0 \text{ y } |f_{ij}| > F'_{cr}}^n |f_{ij}| \times l_{ij}^2 \times Z_{ij} - F'_{cr}$$

$$g_4 = \sum_{j=1}^n \sum_{i=1 / l_{ij} > L_{max}}^n l_{ij} \times Z_{ij} - L_{max}$$

$$g_5 = \sum_{j=1}^n \sum_{i=1 / l_{ij} < L_{min}}^n L_{min} - l_{ij} \times Z_{ij}$$

$$g_6 = \begin{cases} 1 & \text{si } \sum_{j=1}^n \sum_{i=1}^n Z_{ij} \neq 2 \times \sum_{j=1}^n S_j - 3 \\ 0 & \text{Caso contrario} \end{cases}$$

$$g_7 = m - R(\mathbf{C})$$

$$g_8 = \begin{cases} 0 & \text{si } \underline{x} \leq y_j \leq \bar{x} \quad \forall i, j = \{1, 2, \dots, n\} \\ 1 & \text{Caso contrario} \end{cases}$$

$$g_9 = \begin{cases} 0 & \text{si } \underline{y} \leq y_j \leq \bar{y} \quad \forall i, j = \{1, 2, \dots, n\} \\ 1 & \text{Caso contrario} \end{cases}$$

Donde:

$$l_{ij} = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2}$$

$$c_{kl} = \varphi((x_i, y_i)Z_{ij}) \text{ para: } k, l = \{1, 2, \dots, m\} \text{ y } i, j = \{1, 2, \dots, n\}$$

c_{kl} Elementos de la matriz de coeficientes \mathbf{C}

m Número de elementos de la matriz de coeficientes \mathbf{C}

$R(\mathbf{C})$ Rango de la matriz de coeficientes \mathbf{C}

Se entiende que cuando un individuo no ha violado alguna restricción, ni ninguno de sus elementos, no tiene penalidad alguna. El valor global de restricción que represente la desviación o el grado de violación de las restricciones debe ser tal que podamos realizar comparaciones adecuadas entre los individuos de una población para realizar una correcta selección, es así que incorporamos dos variables:

IV.3.4.1.2 Factor de Escala

Considerando que las relaciones de restricción se encuentran en magnitudes y escalas diferentes se hace necesario incorporar una variable de escala que permita estandarizar los valores de todos los criterios, así si dividimos todos los valores del mismo criterio entre su valor máximo (del mismo criterio dentro de la población P) obtendremos una gama de valores estandarizados:

$$\frac{g_h}{\overline{g_h^P}} \in \langle 0,1 \rangle$$

Donde:

g_h Valor de la relación de restricción h

$\overline{g_h^P}$ Máximo valor de la relación de restricción h en la población P

IV.3.4.1.3 Variable de Ponderación

Existen restricciones de mayor trascendencia para la convergencia, por lo tanto, su violación requiere un mayor castigo que otros haciéndose necesaria una ponderación, es así que incorporamos la variable w^r , tal que:

$$w_h^r \in Z^+ \neq 0 \quad h = \{1, 2, \dots, p\}$$

Donde

w_h^r Es el valor de ponderación de la relación de restricción h

Las relaciones de restricción podemos expresarlas como una función objetivo a minimizar

Minimizar:

$$G = \sum_{h=1}^9 w_h^r \times \frac{g_h}{g}$$

IV.3.4.2 El Modelo Mono Objetivo

Finalmente, podemos representar el problema con un modelo mono objetivo cuyas restricciones pasan a ser otra función objetivo, quedando el modelo final como sigue:

Minimizar:

$$D = \sum_{k=1}^{nco} w_k^o \times \frac{d_k}{d_k^p} + \sum_{h=1}^9 w_h^r \times \frac{g_h}{g}$$

S.a.

$$Z_{ij} = \{1,0\} \quad \forall i, j \in [1, n]$$

$$S_i = \{1,0\} \quad \forall i, j \in [1, n]$$

Donde se debe verificar que:

$$w_k^o \in [0,1] \quad \text{tal que } w \in [0,1] \text{ y } \sum_{k=1}^{nco} w_k^o = 1$$

$$w_h^r \in Z^+ \neq 0 \quad h = \{1,2,\dots,p\}$$

IV.3.5 Esquema de Solución del Problema

Como datos del problema tendremos las condiciones de carga y las condiciones geométricas que la estructura debe cumplir, se define previamente el material y la sección de las barras. Las normas, reglamentos y recomendaciones determinan los valores límite con los que se configura las restricciones. El sistema OTEMO recoge esta información y la transforma en una función mono objetivo.

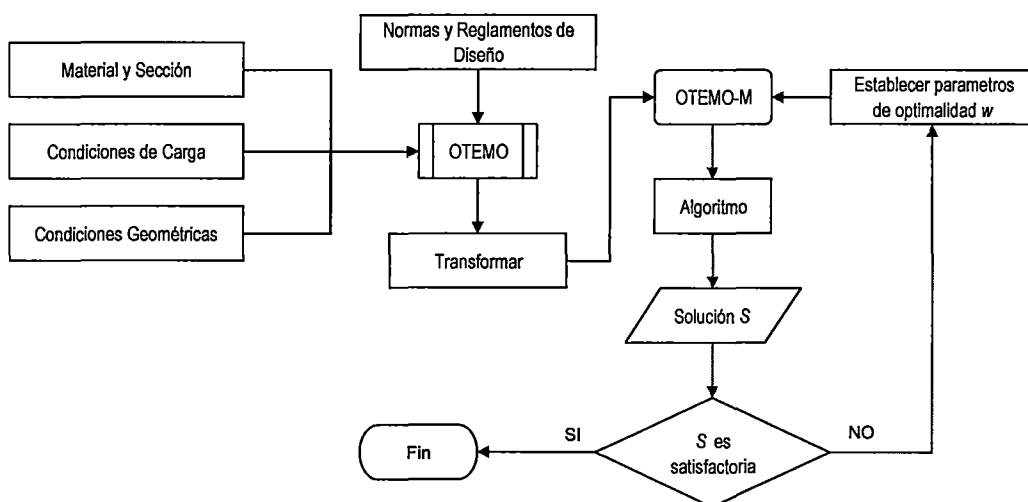


Fig. 19. Esquema de solución del problema

El proyectista mediante la calibración de pesos ponderados w_k^o modela los criterios de optimalidad con los que se alimentarán los parámetros del algoritmo genético

Luego de someter el sistema al periodo evolutivo definido, la solución obtenida es aceptable, el programa concluye, de lo contrario debe reajustar los parámetros w_k^o y correr nuevamente el programa hasta que los resultados sean conformes. El diagrama de flujo del algoritmo genético es mostrado en la Fig. 20.

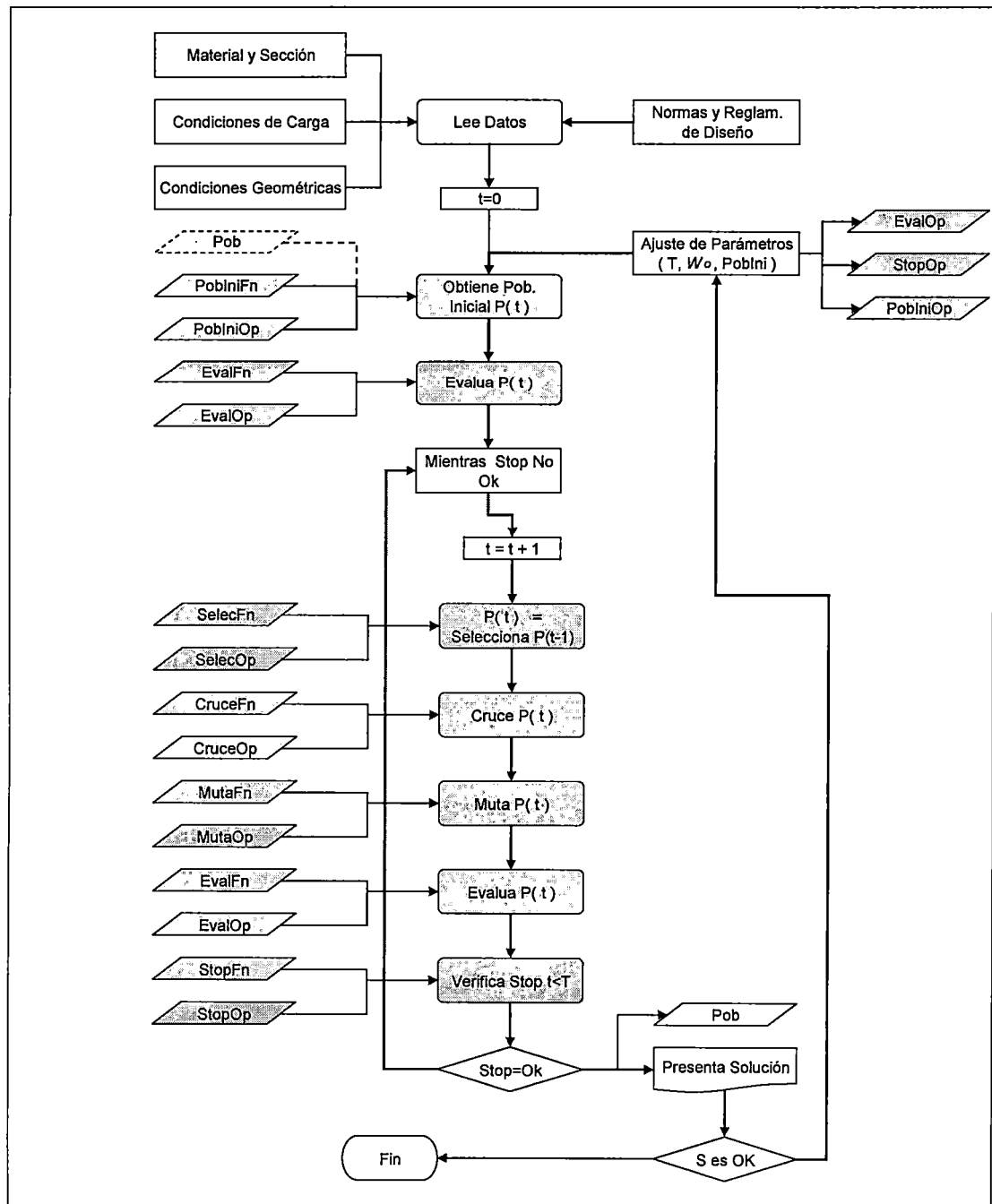


Fig. 20. Diagrama de Flujo

IV.4 La Representación

Nuestro trabajo se ajusta a plantear un algoritmo para OTE que nos permita resolver una búsqueda de topología evolucionando número de nudos, número de elementos, las conexiones y el área transversal de las barras, mante-

niendo constante la geometría de la sección transversal de las barras y las características mecánicas del material.

El espacio de búsqueda de este tipo de problemas está restringido, además de las condiciones del material y de la sección, por condiciones de conectividad y topología muy sensibles a los cambios. De todas las posibles configuraciones o ensambles, sólo aquellas configuraciones que cumplan con el criterio de Grubber $b = 2 \times n - 3$, que tengan un grado de conectividad mayor a dos por cada nudo y, además, que cumplan con las condiciones de equilibrio, podrán ser consideradas “estructuras isostáticas” y, por lo tanto, evaluadas y útiles para la población.

De todo el posible universo de combinaciones de barras, el número de elementos inviables resulta mucho mayor que la población (elementos viables), complicando el problema aún para los Algoritmos Genéticos. Esto ha forzado a los desarrolladores a limitar la solución del problema con una búsqueda unidimensional de posibilidades, manteniendo algunos aspectos invariables a fin de asegurar la presencia de elementos viables luego de las operaciones genéticas.

Existen, sin embargo, representaciones como la propuesta por Kalyanmoy (51), que se aventuran al campo de búsqueda bidimensional¹⁹ mono objetivo (menor peso) y codifican la topología mediante la presencia y ausencia de barras dentro de la Ground Structure, dejando las condiciones de isostaticidad, ensamble, presencia de nudos básicos, entre otros, a criterio de “premio y castigo” como condiciones de adaptabilidad del individuo. Si bien esta codificación puede reproducir todo tipo de topología, genera un alto índice de individuos que resultan “inviables” luego de una operación de cruce o mutación, aun considerando que se ha generado una población grande de individuos viables dificultando su convergencia.

¹⁹ Nos referimos al espacio de soluciones, ya que siendo un problema de OTE de búsqueda bidimensional o unidimensional, puede resolver estructuras bidimensionales o tridimensionales.

En la codificación que estamos planteando no representamos posiciones en el espacio ni la presencia barras en la G.E., sino “ordenes de ensamble”, lo cual nos permite construir individuos “elementos viables”, representar cualquier tipo de estructura “isostática”, cumpliendo las condiciones topológicas (nudos básicos), sin restringir la variación evolutiva en el número de elementos, pudiendo soportar cualquier tipo de operación genética que cumpla con las condiciones de ensamble.

IV.4.1 Discretización del Espacio Bidimensional

Para facilitar la representación hemos definido una malla o red en el espacio bidimensional continuo que representa el dominio geométrico de la estructura, así cada punto de la red tendrá coordenadas definidas por el número de particiones de la red que deberán definirse como condiciones iniciales del problema, tal como se muestra en la Fig. 21.

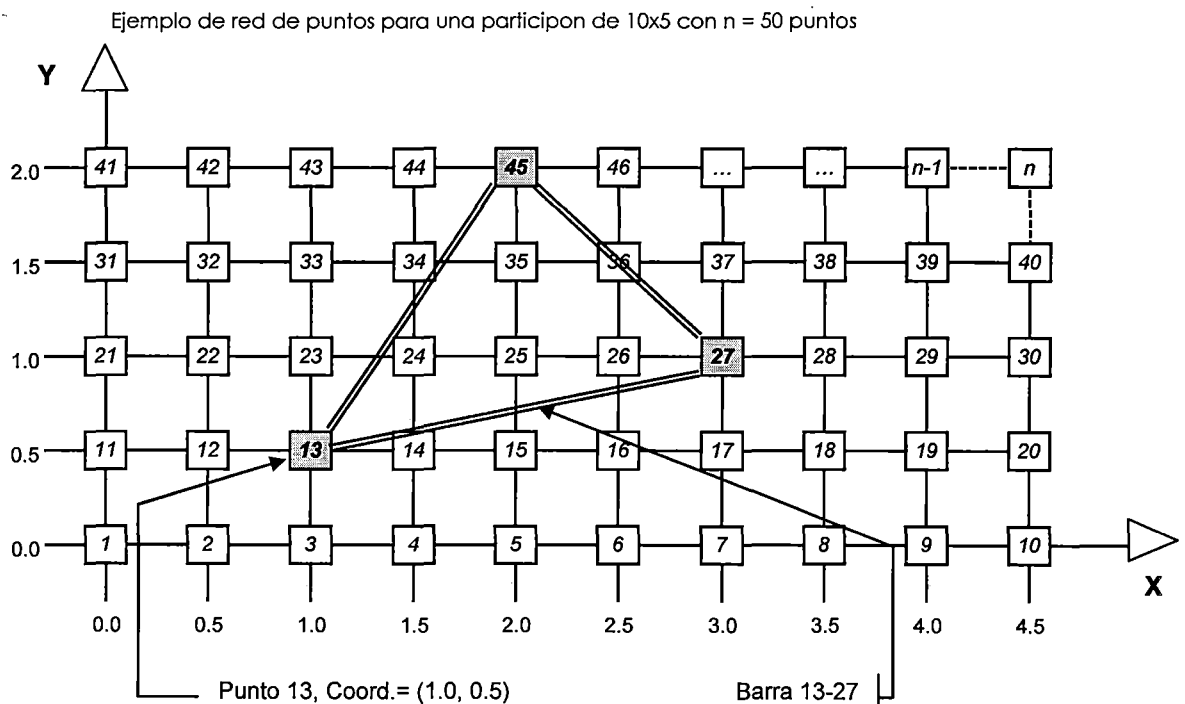


Fig. 21. Espacio Bidimensional Discreto

La representación planteada en este trabajo es una codificación binaria que representa las barras o conexiones presentes entre los nudos por medio de la variable de decisión $Z_{ij} = \{1,0\} \quad \forall i, j \in [1, n]$, donde i y j son los puntos de salida y llegada de la conexión.

Todas las posibles conexiones de los puntos entre sí están representadas en la matriz de la Fig. 22(a), las celdas donde aparece un "1" significa que esa conexión está siendo empleada en la barra (está activa) y en caso contrario el "0" implica que la conexión está inactiva. Si empezamos a leer esta matriz de izquierda a derecha y de arriba hacia abajo podemos tener una ubicación para celda, entonces la representación matricial podemos convertirla en representación cromosómica, tal como se indica en la misma figura parte (c).

La variable de decisión S_i representa la actividad de los puntos de la red (b), el componente de este vector toma el valor de "1" cuando el punto correspondiente participa en alguna conexión o tiene algún grado de conectividad, en caso contrario toma el valor de "0".

Se puede generar una ristra o forma cromosómica matriz de decisión Z_{ij} , entonces el vector S_i puede obtenerse a partir de esta matriz analizando el grado de conectividad de cada punto de la siguiente manera:

$$gc_j = \sum_{j=1}^n Z_{ij} + \sum_{i=1}^n Z_{ij} \quad \forall i > j / i, j = \{1, 2, \dots, n\}$$

$$S_j = \begin{cases} 1 & \text{si } gc_i > 0 \\ 0 & \text{caso contrario} \end{cases}$$

Donde:

gc_j Es el grado de conectividad del nudo j

En la Fig. 22 (a) puede verse además, en color azul al lado derecho e inferior de la matriz, los grados de conectividad de salida y llegada, respectiva-

mente. El grado de conectividad es la suma de ambos valores, se dice que el punto está activo cuando su grado de conectividad es por lo menos 1.

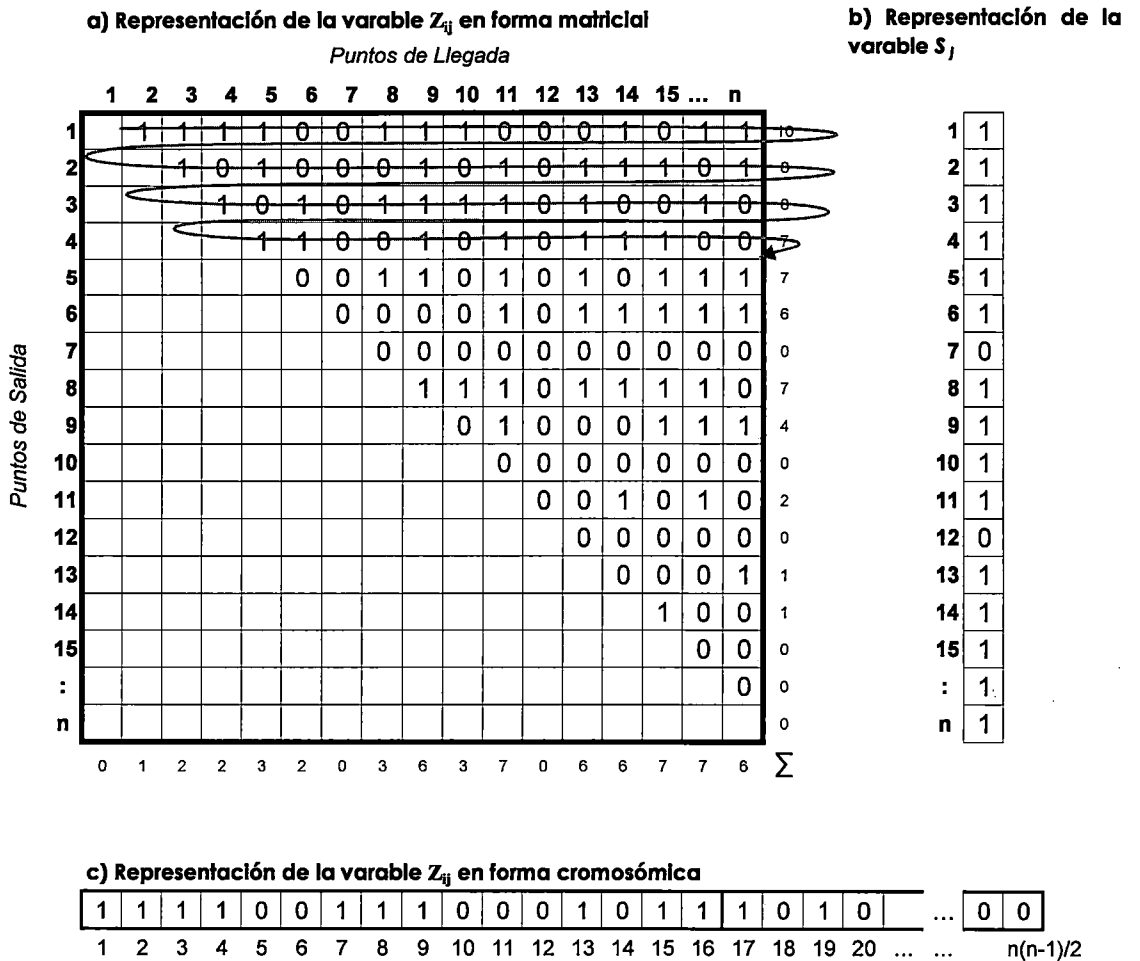


Fig. 22. Representación de las variables de decisión

IV.4.2 El Cromosoma Propuesto

La representación planteada es una codificación entera de naturaleza combinatoria. Tiene longitud fija con una zona intrónica (no representativa) y un acople final de tres bits de información.

El alfabeto de los alelos está dado por números enteros que corresponden a las etiquetas de los nudos, van desde 1 hasta el número de nudos n , reservándose el número cero (0) para indicar la zona intrónica.

Los alelos indican los nudos que se van a utilizar por lo que nuestro modelo se comporta como una representación entera pero a su vez posición de los genes dentro del cromosoma aporta información para el ensamble de los mismos lo que le da una característica combinatoria. En nuestra representación en realidad codificamos órdenes de ensamble en lugar de presencia o ausencia de puntos, nudo o barras, obligándonos al uso de una zona intrónica lo que lo distingue sobre las codificaciones convencionales para OE.

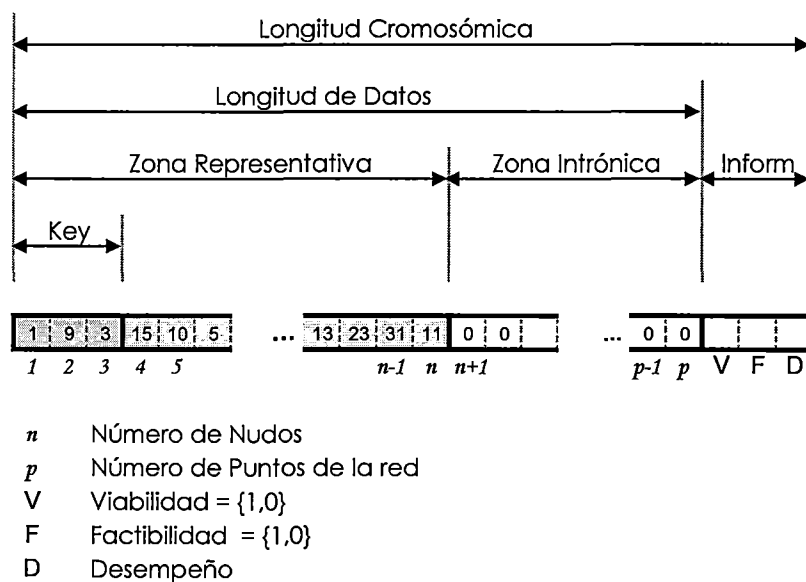


Fig. 23. Representación Propuesta

A continuación describiremos cada zona de la cadena cromosómica.

IV.4.2.1 Zona Representativa

Es el sector del cromosoma que contiene información las instrucciones de ensamble del individuo, es decir, "representan un fenotipo". Los alelos en este sector son números enteros que corresponden a las etiquetas de los nudos de la red que define el dominio espacial bidimensional.

Esta zona está subdividida a su vez en dos partes El Key o Llave y la zona combinatoria.

IV.4.2.1.1 Zona Combinatoria

Esta zona tiene un comportamiento que corresponde a una “COMBINACIÓN”, si bien la ubicación del gen dentro del cromosoma es parte de la instrucción de ensamble similar al de una representación de permutación (la que corresponde por ejemplo el problema del agente viajero), a diferencia de éste, el alfabeto de alelos puede ser mayor a la cantidad de bits disponibles en este sector, es decir, los genes no sólo van a intercambiar de posición dentro de la cadena representativa por efecto de los operadores, sino además con un “limbo” o fuente de nudos externa.

La longitud de esta zona corresponde al número de nudos de la celosía o dicho de otro modo, de los puntos activos de la red. El ingreso o eliminación de un gen va a producir una variación de longitud de la zona representativa y una variación inversa de la misma longitud en la zona intrónica, de esta manera, la longitud final del cromosoma se mantiene inalterada.

IV.4.2.1.2 Key

Está formada por los tres primeros genes, el decodificador o el algoritmo constructor ensambla la estructura a partir del triángulo formado por estos tres primeros genes. La representación en esta subzona no es similar a la siguiente, no tiene un comportamiento combinatorio sino más bien la de una representación entera, la ubicación de los genes pierde importancia y la adquiere el alelo.

IV.4.2.2 Zona Intrónica

La zona intrónica está formada por una cadena de bits que “no representan”, el único valor o alelo que posee estos genes es cero (0) y actúan más bien como una reserva de memoria cromosómica.

La zona intrónica aporta una gran flexibilidad a la representación combinatoria que estamos planteando, permite literalmente agregar o quitar genes de

representación sin variar la longitud cromosómica, lo que hace posible el cruce de cromosomas de diferente longitud representativa y la supervivencia de su descendencia. Del mismo modo, permite la mutación de permutación, mutación de combinación e incluso variar la longitud representativa mediante mutación.

El mayor aporte de la zona intrónica es que permite integrar o definir como una sola especie a estructuras que bajo otra visión serían consideradas como especies diferentes, lo cual nos da una ventaja sobre las representaciones anteriores, pues podemos realizar cruces entre elementos de diferentes número de nudos o barras sin perder viabilidad en el intento, es decir, con la seguridad de que los cromosomas hijos sobrevivirán a una operación genética especializada.

Con este aporte estamos solucionando el problema del alto índice de inviabilidad o mortandad de los cromosomas recién formados, lo que ha sido por mucho tiempo una de las principales dificultades de la representación en los problemas de OTE.

Nuestro planteamiento de un cromosoma con una zona representativa y una zona intrónica cumple con los principios de inspiración biológica de Holland, Bremermann y otros, la zona intrónica está presente en los cromosomas naturales y su presencia se hace más constante a medida que la complejidad del organismo aumenta. La presencia de intrones en nuestra representación aporta flexibilidad contribuyendo a la supervivencia del cromosoma frente a la acción de operadores sin interferir en el resultado final (obviamente, los operadores deben ser especializados para soportar esta representación). Por lo expuesto, esta representación es perfectamente aceptable dentro del campo de los Algoritmos Genéticos.

IV.4.2.3 Zona de Información

Esta zona no es básicamente parte del cromosoma, no está en el radio de influencia de los operadores genéticos, es más bien un acople al mismo y su finalidad es brindar información sobre el cromosoma al cual acompañan.

Estamos separando tres bits de información, en este orden de lectura después del último Bit de la zona intrónica:

- Viabilidad
- Factibilidad
- Desempeño

IV.4.3 Embriogénesis – El Algoritmo Ensamblador

Se propone una técnica embrionaria artificial alternativa al mapeo Genotipo – Fenotipo (6), que construye el fenotipo usando instrucciones previamente establecidas con la información extraída del genotipo.

IV.4.3.1 El Sustento Teórico

El algoritmo ensamblador debe construir una estructura que corresponda a la especie definida, para ello se ha desarrollado un procedimiento extraído de las instrucciones reales que recibe un obrero al momento de ensamblar una Celosía de Nudos Articulados en base a datos de diseño dados en forma literal. Demostraremos que bajo esta codificación toda representación cromosómica construirá necesariamente estructuras Isostáticas de nudos articulados viables, siempre y cuando los puntos activos no se encuentre sobre una recta.

Recordemos que la estructura que nos aboca debe necesariamente cumplir dos condiciones para ser considerada viable:

1.- Estar en equilibrio

Según la primera condición de equilibrio, un cuerpo se encuentra en equilibrio o MRU²⁰ cuando las fuerzas que obran en él se compensan destruyéndose mutuamente [82], dicho de otra manera, cuando la suma de todas las fuerzas ejercidas sobre él es igual a cero [81].

$$\sum f = 0$$

²⁰ MRU Movimiento Rectilíneo Uniforme. Se produce cuando no existe aceleración.

Según la Segunda Ley del Equilibrio, un cuerpo permanece en reposo o rota con velocidad uniforme cuando la suma de todos sus momentos son iguales a cero [81].

$$\sum M = 0$$

2.- Ser Isostática

Debe cumplir con el criterio de Grubler, es decir, con la relación:

$$\text{Num.de Barras} = 2 * \text{Num.de Nudos} - 3$$

Por lo tanto, si aseguramos que estos dos principios se cumplan para cualquier codificación cromosómica, podremos tener la seguridad de que los individuos o el fenotipo que representan sean efectivamente viables después de cualquier operación genética.

El Triángulo de Fuerzas

Según la ley de LAMY o ley de los senos, en un triángulo cualquiera los lados son proporcionales a los senos de los ángulos opuestos.

$$\frac{F1}{\text{sen}\alpha} = \frac{F2}{\text{sen}\beta} = \frac{F3}{\text{sen}\gamma}$$

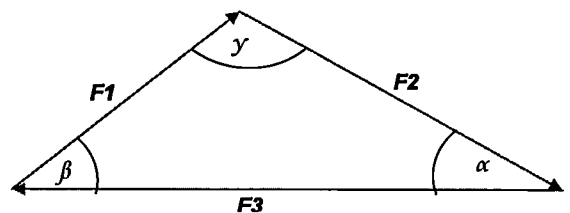


Fig. 24. Triángulo de fuerzas

Por condiciones de hipótesis, los nudos son articulados, por lo tanto, los momentos o torque se disipan cumpliéndose automáticamente con la segunda ley de Newton, lo que traslada el problema a conseguir el equilibrio únicamente a través de fuerzas axiales que corren a lo largo de las barras. En este sentido, cada vez que formamos un triángulo con las barras y sometemos esta estructura a un sistema de cargas exteriores mutuamente neutralizantes, en el interior de la estructura se forma necesariamente un TRIAN-

GULO DE FUERZAS, en el cual se cumple la ley de Lamy, las fuerzas internamente se contrarrestan cumpliéndose la primera ley de equilibrio.

Extendiendo la condición, si formamos una red de triángulos y la sometemos a un sistema exterior de cargas mutuamente neutralizantes, los momentos se disiparán y las fuerzas actuantes se distribuirán en el interior neutralizándose triángulo a triángulo, cumpliendo con la primera condición de equilibrio.

Podemos asegurar, entonces, que una estructura triangulada debidamente apoyada puede permanecer en equilibrio para cualquier sistema de cargas dentro de un rango de esfuerzos y deformación aceptables.

En cuanto a la condición de isostaticidad externa, ésta la podemos asegurar si indicamos como condición del problema que los apoyos tengan 3 grados de libertad y, en cuanto a la isostaticidad interna, verificaremos durante el ensamble que el número de barras corresponda exactamente a dos veces el número de nudos menos 3 (las tres barras del triángulo base).

IV.4.3.2 Decodificación y Ensamble

Podemos decir entonces que uniendo tres puntos no colineales cualquiera en un sector del espacio bidimensional continuo mediante barras o elementos que formen un triángulo, podemos formar una estructura en equilibrio para cualquier sistema de cargas.

El sistema lee el cromosoma, lo decodifica en instrucciones de ensamble que son ejecutadas por el algoritmo constructor en base a una estrategia o método constructivo, el mismo que se explica a continuación:

Paso 1:

Ensamblar el triángulo base con los tres primeros nudos. Si estos tres primeros nudos resultaran colineales, el algoritmo recurre a un algoritmo de mutación particular,

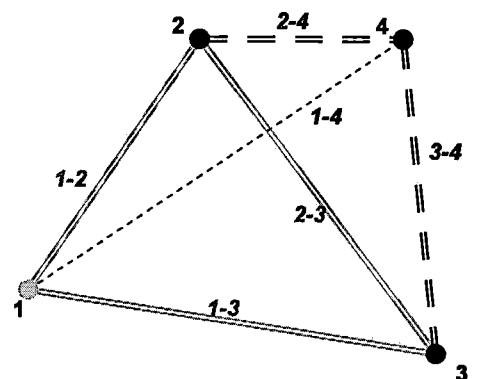


Fig. 25. El algoritmo Constructor - Paso 2

que intercambia el tercer gen con el primero en la cadena cromosómica que satisfaga la condición de no colinialidad, si esto no se consigue hasta el final resulta entonces que todos los nudos de la estructura son colineales y, por lo tanto, no constituye una estructura. Este es el único caso en que la estructura podría resultar inviable.

Paso 2

Una vez formado este Triangulo Base, el segundo triángulo es formado por la unión de dos nudos del triángulo anterior con el nuevo nudo (el que se ubica en el cuarto gen de la cadena).

Para esto se sigue una regla, las uniones deben realizarse conectando el nuevo punto con los dos puntos más cercanos del triángulo anterior, es así que en la figura se conecta 3-4 y 2-4, desechándose 1-4 (ver Fig. 25).

Paso 3

El siguiente triángulo es formado por la unión del nuevo nudo con los dos nudos del triángulo anterior siguiendo la misma regla.

Sin embargo, siguiendo esta regla, los tres puntos resultarán colineales, se desecha uno de los dos nudos (el más lejano) y se conecta el nuevo punto con el tercer vértice del triángulo.

Es así, por ejemplo, que la barra 3-5 es considerada en lugar de la 2-5 aún siendo esta de menor longitud, debido a que los puntos 2, 4 y 5 son colineales.

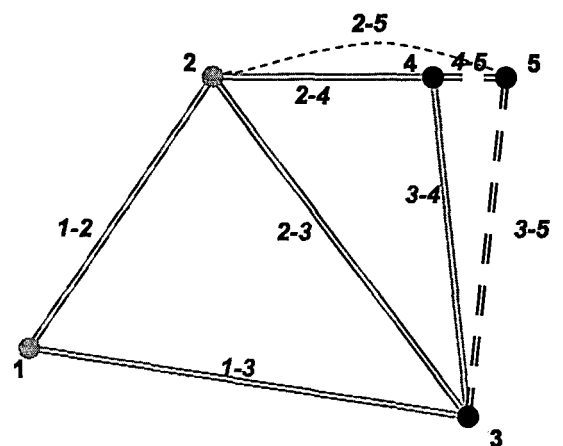


Fig. 26. El Algoritmo Constructor - Paso 3

La finalidad del algoritmo constructor es convertir una cadena cromosómica en una matriz, cuya información pueda ser utilizada para ensamblar la matriz de coeficientes (invariante) o graficar la estructura.

IV.4.4 Operadores Genéticos Propuestos

IV.4.4.1 Cruce 2PMP

El operador que estamos proponiendo es una variación del operador Order Crossover (OX) para permutaciones planteado por Davis (63), modificado para resistir combinaciones, mediante el cual se considera que los cromosomas padres pueden contener alelos diferentes no sólo en orden sino también en número y en valor.

Por condiciones geométricas, tengamos como nudos básicos los nudos 13, 1, 9 y 15.

Consideremos dos padres P1 y P2:

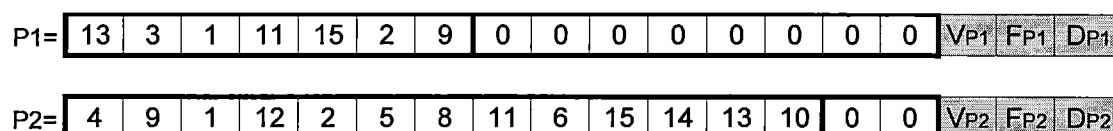


Fig. 27. Cruce 2PMP - padres

Encontramos dos puntos de corte al azar

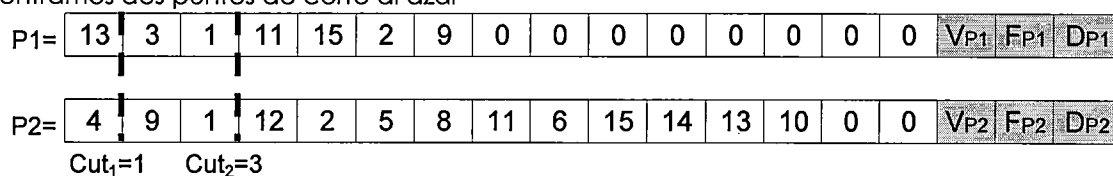


Fig. 28. Cruce 2PMP – Puntos de Corte

Los puntos de corte deben ubicarse necesariamente dentro de la zona representativa de ambos padres, en este caso para el padre 1 la zona representativa tiene una longitud de 7 bits y para el padre 2 es de 13 bits, por lo tanto, los puntos de corte pueden estar entre 1 y 7. Aleatoriamente, obtenemos los puntos de Corte Cut₁=1 y Cut₂=3 determinándonos una sub-cadena de corte en cada padre.

IV.4.4.2 Mutación

Tenemos 5 operadores de mutación, 2 para permutaciones y 3 para combinaciones.

IV.4.4.2.1 Inserción Combinatoria

Sea el padre P:

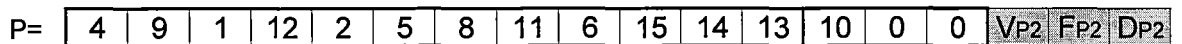
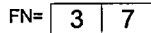


Fig. 31. Inserción Combinatoria - Padre

Insertamos un gen que se extrae del receptáculo en un punto del cromosoma, teniendo cuidado de los nudos básicos, se explica los pasos:

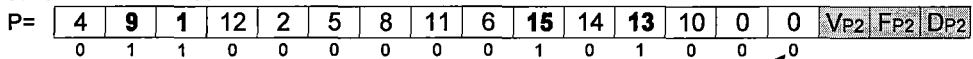
1 Obtenemos la Fuente de Nudos

Está formada por todos los puntos de la red no activos (que no están en el cromosoma)



2 Ubicamos una posición aleatoria en la fuente de nudos $r = 2$

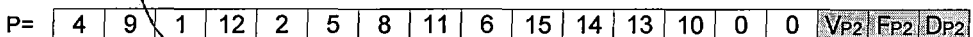
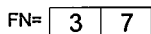
3 Ubicamos los Nudos Básicos



5 Verificamos que el último nudo sea NO BASICO

4 Ubicamos un punto aleatorio dentro de la zona intrónica $Cut_1 = 6$

6 Insertamos el nudo correspondiente de la fuente en en punto de corte de mutación



Finalmente:

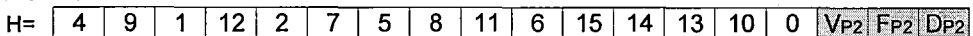


Fig. 32. Inserción Combinatoria - Pasos

IV.4.4.2.2 Intercambio Combinatorio

El intercambio combinatorio es otro proceso de mutación propuesta, partiendo del padre definido en el ítem anterior, se intercambia genes con el receptáculo, veamos los pasos:

Seguimos los pasos del 1 al 3 de la inserción combinatoria

4 Ubicamos un punto aleatorio NO BASICO dentro de la zona intrónica

5 Intercambiamos el alelo del bit seleccionado del cromosoma por el del bit de la fuente

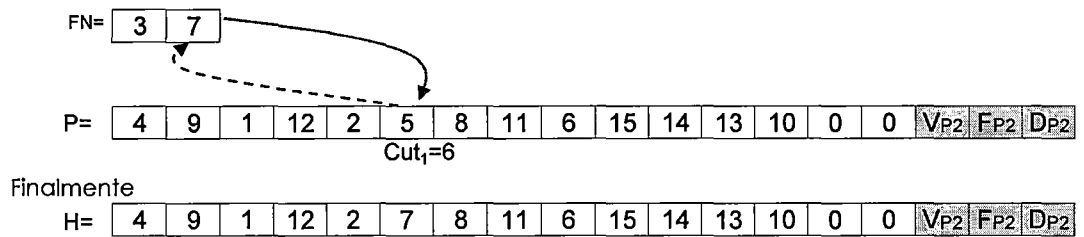


Fig. 33. Intercambio Combinatorio - Inserción

Luego de la inserción se procede a la eliminación

5 Eliminamos el bit del cromosoma seleccionado y se incrementa in bit in trónico en el último lugar de la cadena

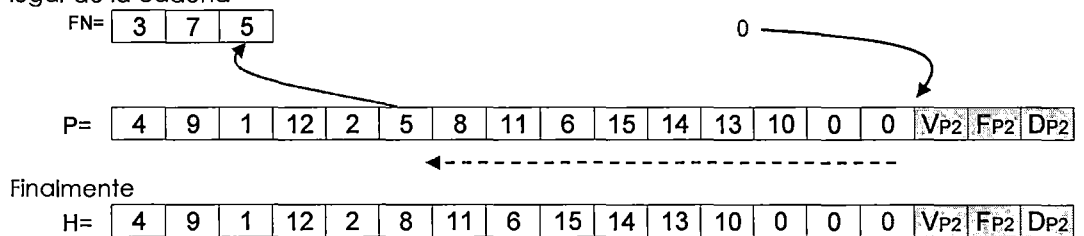


Fig. 34. Intercambio Combinatorio – Eliminación

IV.5 Evaluación y Selección

IV.5.1 Evaluación

IV.5.1.1 Cálculo Estructural

Durante el proceso optimización topológica de estructuras con Algoritmos Genéticos recurrimos al cálculo estructural cada vez que necesitamos evaluar a un individuo, esto sucede muchas veces en el proceso de optimización. Considerando que, por lo general, se requiere de un buen tamaño de población y el gran número de generaciones, la eficiencia del método de cálculo resulta sumamente importante para la eficiencia del algoritmo genético en sí.

El Método de Elementos Finitos (MEF) se ha venido usando comúnmente en los problemas de optimización estructural, sin embargo, la alta generalidad de este método le hace perder eficiencia, es así que tratándose de estructuras específicas como las Celosías Isostáticas de Nudos Articulados, el método de cálculo matricial por medio de la invariante o matriz de coeficientes, si bien es más específico, resulta más eficiente para este tipo de estructuras. Hemos decidido emplear este método principalmente por las siguientes razones:

- 1° El Método Matricial de Celosías de Nudos Articulados es un método específico y resulta altamente eficiente para este tipo de estructuras. Su ordenamiento matricial resulta adecuado para la función de evaluación en el proceso evolutivo.
- 2° Las hipótesis bajo las cuales trabaja el cálculo matricial de celosías son de uso general, tanto en el diseño como en el ensamblado real. De requerirse condiciones especiales pueden realizarse trabajos previos perfectamente factibles. El cumplimiento de estas hipótesis son consideradas como restricciones en el modelo matemático.

- 3° Este Método de Cálculo nos permite trabajar con una sola incógnita por elemento (su esfuerzo axial) y resolver la topología independientemente de las propiedades físicas y mecánicas del material, sin embargo, por condiciones del problema se considera que todas las barras son del mismo material y mantienen la proporcionalidad de su sección transversal.
- 4° No requerimos de la malla equivalente, por lo tanto, nos liberamos del condicionamiento descrito por Navarrina (44), lo que nos permitirá abarcar instancias cada vez más complejas, criterios de optimalidad multidimensional más allá del mínimo peso e incluso multiobjetivo.

IV.5.1.2 Desempeño

Con la matriz de coeficientes proveniente del genotipo, el sistema de cargas externas y sistema de apoyos (las dos últimas, condiciones iniciales del problema), se resuelve el sistema de ecuaciones que da como resultado las tensiones de las barras y sus longitudes. Mediante la correspondencia geométrica entre los desplazamientos, la matriz de coeficientes y las características del material y sección, obtenemos los desplazamientos nodales.

En este juego de valores de tensión axial y longitud (f, l) para cada barra y el desplazamiento δ de cada nudo, los factores de ponderación y el factor de escala desarrollados en el capítulo anterior, se encuentra el **valor de aptitud** del individuo. Este valor es colocado en el último lugar del cromosoma, el cual es utilizado al momento de la selección para estimar su probabilidad de supervivencia.

IV.5.2 Selección

Para la selección estamos utilizando el operador propuesto por Wetzel (29), en su versión probabilística que consiste en:

1. Barajar los individuos
2. Escoger un número "Tam Torneo" de individuos (típicamente 2)
3. Compararlos en base a su aptitud
4. Es ganador del torneo es el individuo más apto y en algunos casos el individuo menos apto, en función del valor de flip, tal que:

$flip(p) = \{1,0\}$ Devuelve 1 con una probabilidad de p

Hemos elegido este operador porque es un operador eficiente, cada competencia requiere de la selección aleatoria de un número constante de individuos de la población lo que nos da una complejidad de orden $O(1)$, asimismo, no requiere de escalamiento, sólo de " n " competencias para completar una generación, por lo tanto, la complejidad del algoritmo resulta de orden lineal $O(n)$ y podemos, además, variar la presión de adaptación de selección mediante la calibración de sus parámetros.

CAPÍTULO V. OTEMO

V.1 Requerimientos Mínimos

OTEMOGA está elaborado en MatLab 7.0, MatLab está disponible para un amplio número de plataformas: estaciones de trabajo SUN, Apollo, VAXstation y HP, VAX, MicroVAX, Gould, Apple Macintosh y PC AT compatibles 80386 o superiores. Opera bajo sistemas operativos UNIX, Macintosh y Windows.

V.2 Descripción del Sistema

OTEMOGA: "optimización topológica de estructuras multiobjetivo mediante algoritmos genéticos" está desarrollado en matlab 7.0, utiliza un fichero típico *.m para el programa principal "otemoga" y una biblioteca de funciones (*.m) para procesar y preparar los datos. Los operadores genéticos son también funciones en ficheros *.m que son definidos en los "datos de entrada" y convocados desde el programa principal.

Para correr otemoga se debe tener un fichero de datos universal de matlab tipo *.mat, en este fichero están guardados los nombres de los operadores genéticos que se van a utilizar, su configuración y los valores de las variables a utilizar para preparar y procesar los datos, función de creación de población inicial, opciones de muestreo de datos, presentación de los datos funciones y opciones de parada, etc.

La estructuración y sintaxis de los datos y funciones siguen las mismas reglas del "ga" y su biblioteca de funciones con la idea de que en algún momento otemoga pueda integrarse.

El sistema consta de 4 fases: la preparación de datos, la generación de la población inicial y su ingreso a la piscina de pruebas, el proceso evolutivo en sí y, finalmente, la presentación de los resultados. Describimos brevemente cada uno de estas.

V.2.1 Preparación de Datos

El ingreso de datos puede hacerse mediante algún asistente en matlab, procesador de texto u otro utilitario, nosotros lo hacemos a través de una hoja de cálculo Excel porque permite un mayor orden en el ingreso, verificación y edición de los datos, una vez conforme con los mismos, una macro guarda una copia y crea un archivo de texto en formato *.m que al ser ejecutado crea un archivo de datos universal de matlab (*.mat) conteniendo las variables, listado de los operadores genéticos a utilizar, configuración, etc., que es leído después por el archivo principal y cargado en memoria.

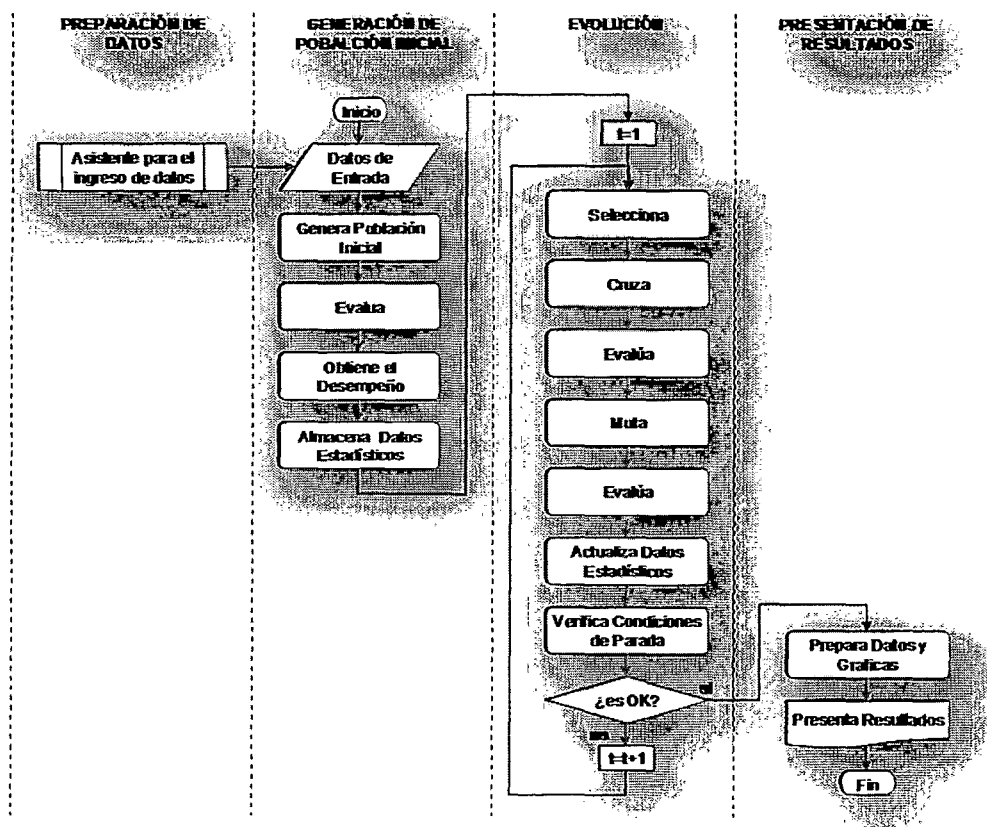


Fig. 37. Fases del sistema

V.2.2 Población Inicial

La primera etapa de topo A.G. es la generación de la población Inicial, para este fin hemos establecido un proceso, la generación aleatoria de población, su verificación de viabilidad y, finalmente, su evaluación y obtención de desempeño.

V.2.2.1 Generación de Población

La población inicial se genera a través de una función cuyo nombre está guardado en la variable "sPobIniFn" y sus opciones de configuración en la variable "vvPobIniOp", estamos usando la función "TrianPobIniM", que genera cromosomas al azar, con diferentes números de nudos. La función se asegura mediante un operador de mutación especial que los individuos creados sean viables.

V.2.2.2 Evaluación

Luego se procede a evaluar a la población inicial que consiste en someter a cada individuo al cálculo matricial celosías a fin de obtener su "respuesta estructural" en función de las tensiones axiales y longitudes de cada uno de sus elementos, dimensionamiento de los mismos y cálculo de desplazamientos nodales.

V.2.2.3 Desempeño

Con la respuesta nodal y la configuración de criterios de optimalidad, valores límites para las restricciones se procede a evaluar el desempeño de cada individuo mediante la función de evaluación designada. La función que estamos usando consiste en tres criterios de evaluación como máximo y 7 restricciones. Los criterios de optimalidad pueden ponderarse con valores de 0 a 1 con la condición de que la suma total sea la unidad.

En las instancias usadas utilizaremos sólo el mínimo peso para términos de comparación los que nos da un juego de valores [1,0,0].

Los datos estadísticos del desempeño de la población son almacenados y la población es ingresada a la “piscina de prueba”, se inicia la generación $t=1$

V.2.3 Proceso Evolutivo

V.2.3.1 Selección

El proceso evolutivo empieza con la selección de los individuos mediante el método de “Torneo Proporcional Probabilístico” propuesto por Wetzel (29) y analizada luego por Brindle (27). La función de selección nos permite controlar el número de cruces y el porcentaje de flip. La función se encuentra en el archivo TorneoProp.m

Las ventajas de este método es que nos permite controlar de alguna forma la selección la multiplicación hereditaria exagerada del “mejor” que degenera la población, por otro lado, es fácil de implementar y tienen una complejidad asintótica del orden $O(n)$ donde “n” es el número de elementos a seleccionar.

V.2.3.2 Cruce

El operador que estamos proponiendo es una variación del operador Order Crossover (OX) para permutaciones planteado por Davis (63) modificado para resistir combinaciones en lugar de permutaciones, considerando que los cromosomas padres pueden contener alelos diferentes no sólo en orden sino también en número y en valor.

La función está almacenada en el archivo “Cruce2PMP.m”, las opciones de este operador nos permiten variar el número de elementos a ser cruzados.

V.2.3.3 Mutación

Tenemos 5 operadores de mutación:

- Inserción Combinatoria

- Intercambio Combinatorio
- Eliminación
- Inserción de permutación
- Intercambio de permutación

Los 2 primeros producen efectos de permutaciones y los 3 últimos efectos combinatorios en la cadena cromosómica. La combinación se entiende como el intercambio genético del cromosoma con un Limbo de genes en estado de suspendido, mientras la permutación se concibe como el intercambio genético dentro del mismo cromosoma.

V.2.3.4 Verificación Genética

Hemos introducido además un operador especial de corrección que consiste en un operador de inserción de permutación verificada. Para que el ensamble pueda ser realizado se requiere necesariamente que los tres primeros genes no sean cooliniales, lo que hace este operador es asegurarse de que eso suceda, si el cromosoma en análisis no cumpliera ese requisito inserta en el tercer gen el gen siguiente hasta conseguir la no coolinialidad, si esto no es posible obviamente todos los puntos son cooliniales y, en este caso, es imposible ensamblar una estructura triangulada.

V.2.3.5 Condiciones de Parada

La condición de parada está guardada en la variable sStopFn. La función que estamos usando define un número determinado de ciclos. El sistema verifica si el número de ciclos se ha cumplido y da por terminado el bucle.

V.2.3.6 Datos Estadísticos

Los datos estadísticos nos permiten observar la evolución del elemento más adaptado como de la población en sí.

V.2.3.7 Resultados

Los resultados son los datos de los elementos y las barras, así como la gráfica de la topología. Estos datos son presentados por pantalla y son almacenados en un archivo de texto que puede ser visualizado luego.

CAPÍTULO VI. EXPERIMENTOS NUMÉRICOS

VI.1 Alcances

Las representaciones convencionales para solucionar problemas de Optimización de Estructuras que abarquen más de una de las categorías de Kalyanmoy (51) mediante AGs utilizan las áreas transversales de las barras como variables de decisión a la vez que el cromosoma codifica la presencia o ausencia de barras en una estructura base "Ground Structure", lo que conlleva a suponer que el comportamiento de la estructura puede evaluarse en función al área transversal, la tensión producida en las barras y el esfuerzo admisible del material, pero este supuesto entraña un problema, en las barras sometidas a tracción el dimensionamiento de la misma puede realizarse efectivamente en función al área transversal puesto que en este caso el elemento tiende a fallar por fluencia, es decir, cuando el esfuerzo producido alcanza el esfuerzo admisible del material, pero en el caso de barras sometidas a compresión, el **dimensionamiento debe considerar el Momento de Inercia de la sección con mayor importancia que el área transversal**, porque los elementos en este caso tienden a fallar por flexo-compresión (pandeo) lo cual ocurre mucho antes que la falla por límite de esfuerzo admisible a compresión, comportándose las barras como "columnas largas" debido a la esbeltez de las mismas que son una condición de celosías para poder suponer nudos articulados y, si bien estas condiciones pueden estar consideradas y modelados en Elementos Finitos, resulta conveniente su verificación.

En nuestro trabajo codificamos instrucciones de ensamble lo cual nos permite someter la estructura a cálculo de esfuerzos sin que intervengan las áreas, el dimensionamiento se realiza después en función del área transversal en barras a tracción y en función del momento de Inercia de las secciones en los elementos a compresión. Por otro lado, como estamos trabajando con estructuras isostáticas interior y exteriormente por hipótesis, no debemos considerar entonces un apoyo fijo y otro móvil liberando una dirección en uno de los apoyos, lo que nos obliga a incrementar por lo menos una barra más para tomar el esfuerzo liberado en el apoyo.

Las instancias de la literatura no especifican la geometría de la sección transversal o el Momento de Inercia, al carecer de esta información cargamos la celosía en nuestro sistema de resolución de la estructura, alimentándola con una sección circular de alma llena, entonces recalculamos y redimensionamos la topología solución de la literatura a fin de poderla comparar con la topología obtenida por nuestro sistema.

Para términos de comparación recalculamos y redimensionamos las soluciones de estos autores para las respectivas instancias utilizando una sección única para todas las barras cuyo dimensionamiento involucra sólo el área de sección transversal, el dimensionamiento en la literatura es continuo, y el sistema propuesto lo es también para permitir la contrastación efectiva, sin embargo, cabe indicar que en la práctica el dimensionamiento es discreto y sujeto a las "dimensiones comerciales" de perfiles de acero, madera, etc.

Asimismo, la literatura emplea, en algunos casos, estructuras indeterminadas. En este caso, por condiciones del problema, debemos recurrir previamente al recálculo y al dimensionamiento, y de este modo transformar la instancia a una estructura determinada, lo que implica, por lo general, anular un componente de las reacciones y agregar una barra más para tomar los esfuerzos liberados por la inacción de este componente.

VI.2 Instancias de Prueba

Se han separado dos instancias de prueba muy conocidas en la literatura, los problemas han sido resueltos por varios autores y los resultados comparados, en este trabajo se hace lo mismo, sin embargo, al considerarse aspectos considerados en éste y no en los otros, es necesario realizar ciertas precisiones.

La solución al problema es una topología, en función de ésta el sistema de cargas aplicado es distribuido con mayor o menor eficiencia dentro de la estructura, la magnitud de las tensiones en cada elemento determina el valor de la superficie de la sección transversal (la cual es constante también en la literatura). Finalmente, cada estructura es pesada y comparada.

El dimensionamiento de los elementos se calcula en función del límite de fluencia de los elementos a tracción y, en el caso de elementos a compresión, se hace además considerando el pandeo y los criterios de Euler.

Entonces para términos de comparación, las soluciones encontradas en la literatura son cargadas al sistema de dimensionamiento y luego pesadas. Asimismo, cuando la instancia implica una estructura hiperestática, la transformamos en isostática al modificar las condiciones de los apoyos, la solución cargará la reacción liberada en uno de los elementos internos haciendo que la estructura isostática pese más que la hiperestática, pero si, finalmente, ambas soluciones son colocadas en condiciones homogéneas la comparación podrá ser efectiva e imparcial.

VI.2.1 Instancia de Prueba N°. 01

El problema consiste en encontrar una estructura de MÍNIMO PESO dentro del segmento espacial bidimensional de 720 x 360 pulgadas con dos cargas verticales intermedias de 100,000 libras cada una como se muestra en la Fig. 38. La estructura está sostenida mediante dos apoyos a manera de “Viga en Voladizo”, las características del material están indicadas en:

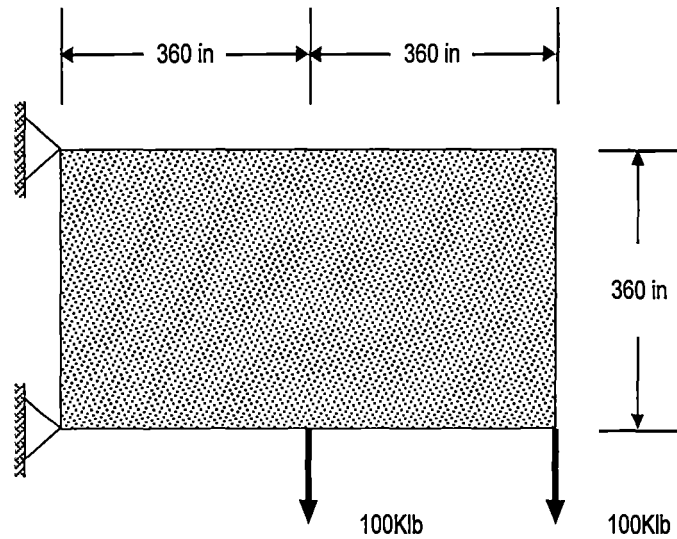


Fig. 38. Instancia de Prueba 01

Tabla 1. Características de la Instancia 01

Características del Material	Valores Límite
E= 104 KSI (KSI = Klbs / in ²)	FSC=1 (F. de Seguridad a la Compresión)
Densidad= 0.1e-3 Klbs/in ³	FSC=1 (F.S. a la Tracción)
Esfuerzo Admisible=25.0 KSI	Desplazamiento Permisible = 2 in
	Área mínima= 0.09 in ² (límite de instancia)

Podemos ver que los 02 apoyos que posee son empotrados fijos, esto produce 4 componentes de reacción (02 por cada apoyo) lo que la convierte en una estructura indeterminada. A fin de ser persistentes con el método, debemos liberar un componente trasladado a tierra cambiando un apoyo fijo por uno móvil, tal como se muestra en la Fig. 39. Los esfuerzos del componente liberado serán asumidos por la estructura.

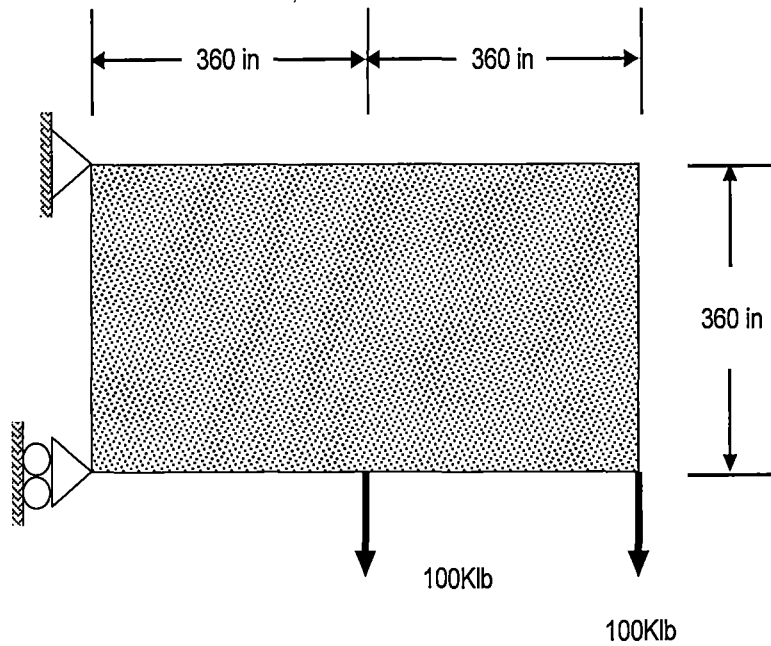


Fig. 39. Instancia 01 - Isostática

La instancia ha sido abordada mediante la técnica de la distribución de barras en un espacio acotado discreto o la extracción de elementos desde un universo de ellos bajo la técnica ESO (Estructuras Evolucionarias).

Su representación es entera y binaria. Sus principales problemas han sido la decepción (4) debido a la presencia de barras aisladas y estructuras sin conexión, debilidad que ha obligado a generar mecanismos correctores, procesos sucesivos y aproximaciones.

VI.2.2 Instancia de Prueba N°. 02

El problema consiste en resolver una viga en cantilever horizontal (2H x 1V) aproximadamente con una carga puntual en la mitad del extremo mediante una estructura de MÍNIMO PESO, del mismo modo, por razones de hipótesis, debemos resolver convertir esta condición a una sollicitación isostática mediante dos apoyos en uno de los cuales se libere esfuerzos en una dirección.

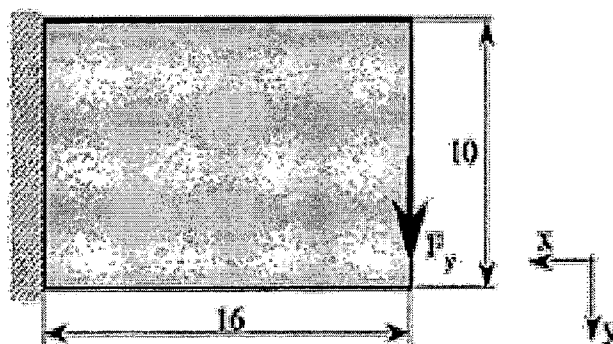


Fig. 40. Instancia de Prueba 02

Tabla 2. Características de la Instancia 02

Características del Material	Valores Límite
E= 10000.00 KSI (KSI = Klbs / in ²)	FSC=1 (F. de Seguridad a la Compresión)
Esfuerzo Admisible=25.0 KSI	FSC=1 (F.S. a la Tracción)
Deformación Admisible = 2 in	Desplazamiento Permisible = 2 in

Para términos de comparación las características de material y sección serán las mismas.

Al igual que la instancia 01, el apoyo de esta instancia es hiperestática (voladizo en cantilever), por lo que debemos nuevamente colocar apoyos que otorguen tres grados de libertad a la estructura en lugar del empotramiento perfecto, resultando la misma estructura mostrada en ella.

Esta instancia ha sido analizada por la técnica de la “distribución o asignación de masa o material” en un espacio bidimensional continuo o la extracción de “micro voids” de una plancha acotada, de material isotrópico y homogéneo de espesor uniforme. Su representación, por lo general, es binaria. Sus principales problemas han sido la decepción (4) debido a la presencia de agrupaciones de material aislado que ha obligado a generar mecanismos correctores.

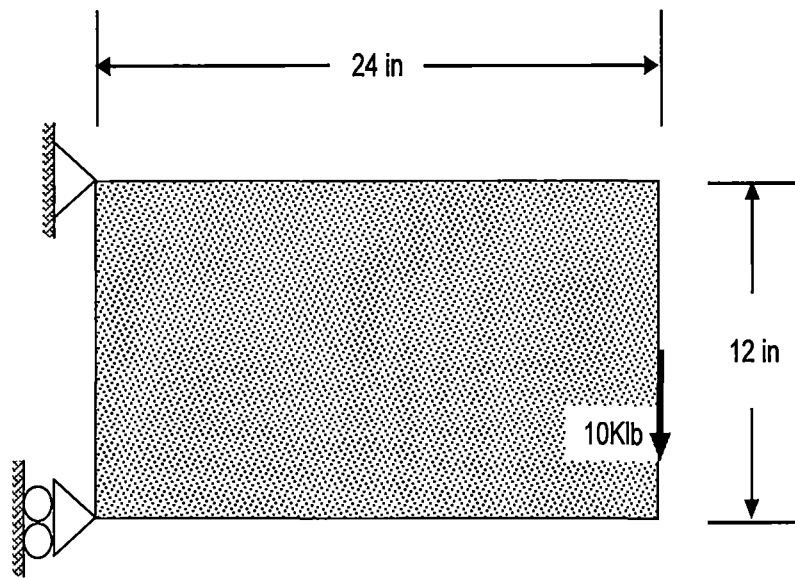


Fig. 41. Instancia 02 (Isostática)

VI.3 Resultados Numéricos

VI.3.1 Instancia de Prueba N°. 01

VI.3.1.1 Solución de P.Hajela y E.Lee

P.Hajela y E.Lee (59) abordan el problema mediante dos fases, en la primera, mediante una representación binaria obtienen un cromosoma que evoluciona y determinan la topología en sí, en una segunda etapa, un cromosoma en codificación real evoluciona los valores de las áreas de las secciones transversales en función de la tensión producida en cada barra y el esfuerzo admisible propio del material. La solución obtenida es la siguiente:

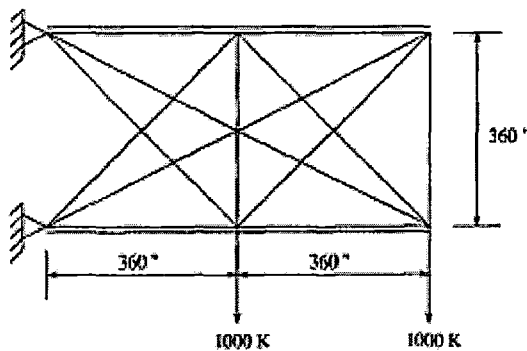


Fig. 3. Ground structure for 14-bar truss.

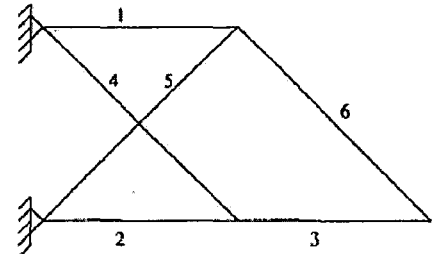


Fig. 6. Optimal topology from S2 problem for 14-bar truss.

Fig. 42 Solución de P. Hajela & E. Lee a la I.P. N°. 01

Ingresando esta forma al sistema de dimensionamiento y cálculo, empleando una varilla circular de alma llena del material especificado en las condiciones de la instancia y haciendo la consideración de la sollicitación isostática, es decir, modificando el apoyo de una dirección en el apoyo inferior mediante el proceso explicado en la Fig. 43, obtenemos los resultados mostrados en la Fig. 44. Los datos son tabulados en la Tabla 3.

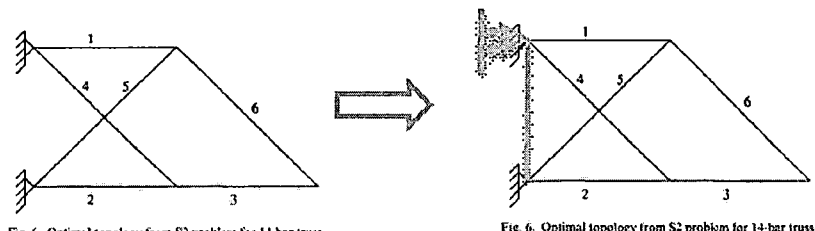


Fig. 6. Optimal topology from S2 problem for 14-bar truss.

Fig. 6. Optimal topology from S2 problem for 14-bar truss.

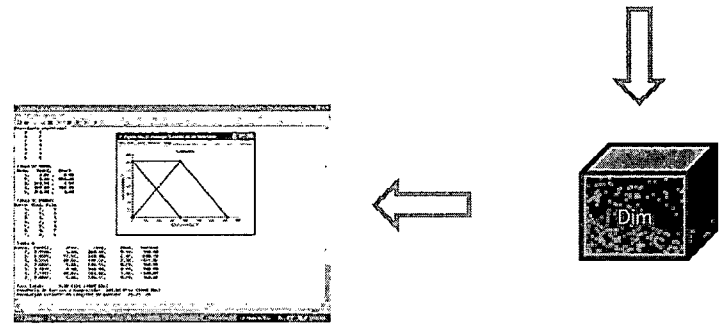


Fig. 43 Proceso de obtención de Indicadores

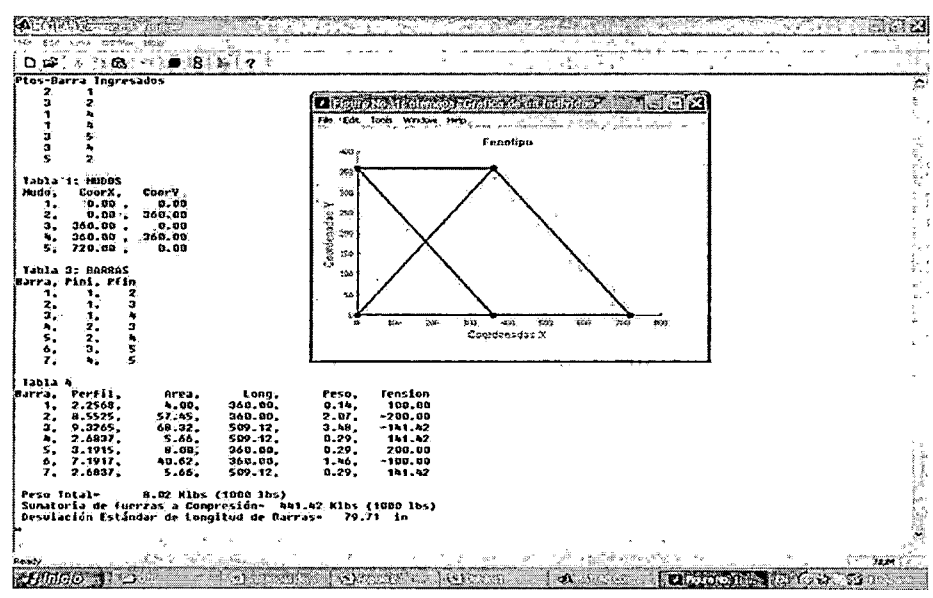


Fig. 44 Pantalla de Resultados de la I.P. 01 - Sol. de P. Hajela

Dimensionamiento de las barras de la topología solución es mostrada en la Tabla 3, el análisis muestra 7 barras en lugar de 6, que es la solución original, como se indicó líneas arriba, la barra adicional toma los esfuerzos producidos al liberar un componente en el apoyo. Este criterio es respetado en

el análisis de todas las soluciones a fin de que la comparación sea adecuada.

Tabla 3. Resultados de la Solución de P. Hajela a la I.P. No 01

Barra	Área (in ²)	Longitud (in)	Peso (Klbs)	Tensión (Klbs)
1	4.00	360.00	0.14	100.00
2	57.45	360.00	2.07	(200.00)
3	68.32	509.12	3.48	(141.42)
4	5.66	509.12	0.29	141.42
5	8.00	360.00	0.29	200.00
6	40.62	360.00	1.46	(100.00)
7	5.66	509.12	0.29	141.42
			8.02	

VI.3.1.2 Solución de Kalyanmoy Deb Y Surendra Gulati

Kalyanmoy Deb & Surendra Gulati (51) presentan una mejora respecto al modelo de P. Hajela y juntan las dos fases en una sola. Plantean una codificación real colocando las áreas de las secciones transversales como variable de decisión y un concepto de área crítica que es en realidad un umbral, de tal manera que toda área inferior a este número sea considerado por el algoritmo como una orden para eliminar el elemento de la Ground Structure. La topología obtenida es la siguiente:

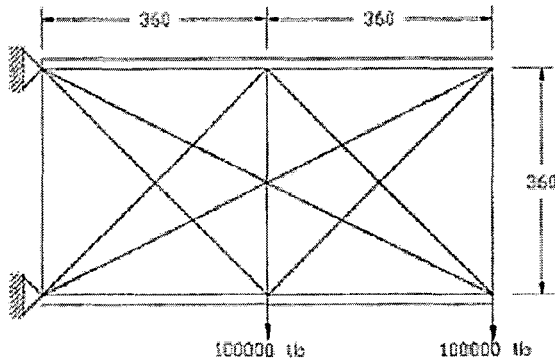


Fig. 1. The 15-member, six-node ground structure.

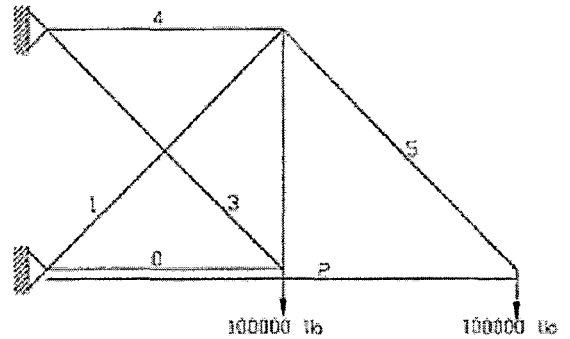


Fig. 2. Optimized truss obtained from 15-member, six-node ground structure using population sizes 300 and 450.

Fig. 45 Solución de Kalyanmoy Deb & Surendra Gulati a la I.P. N° 01

Del mismo modo, ingresando esta topología al sistema de dimensionamiento y cálculo, empleando una varilla circular de alma llena del material especificado en las condiciones de la instancia y haciendo la consideración de la sollicitación isostática, es decir, modificando el apoyo de una dirección en el apoyo inferior, obtenemos los resultados obtenidos en la pantalla mostrada en la está indicados en la Tabla 4:

Tabla 4. Resultados de la Solución de K. Deb & S. Gulati a la I.P. No 01

Barra	Área (in ²)	Longitud (in)	Peso (Klbs)	Tensión (Klbs)
1	4.00	360.00	0.14	100.00
2	40.62	360.00	1.46	(100.00)
3	62.38	509.12	3.48	(141.42)
4	81.24	720.00	5.85	(100.00)
5	5.66	509.12	0.29	141.42
6	8.00	360.00	0.29	200.00
7	5.66	509.12	0.29	141.42
			11.80	

La solución resultante es menos eficiente, pero el aporte en la representación es evidente, el uso del área de la sección transversal como variables de decisión y el concepto de área crítica abrieron una alternativa para otros trabajos posteriores. Así se tienen los datos que indican los autores, respecto al

hecho de haber empleado poblaciones de 300 y 450 individuos en 189 generaciones.

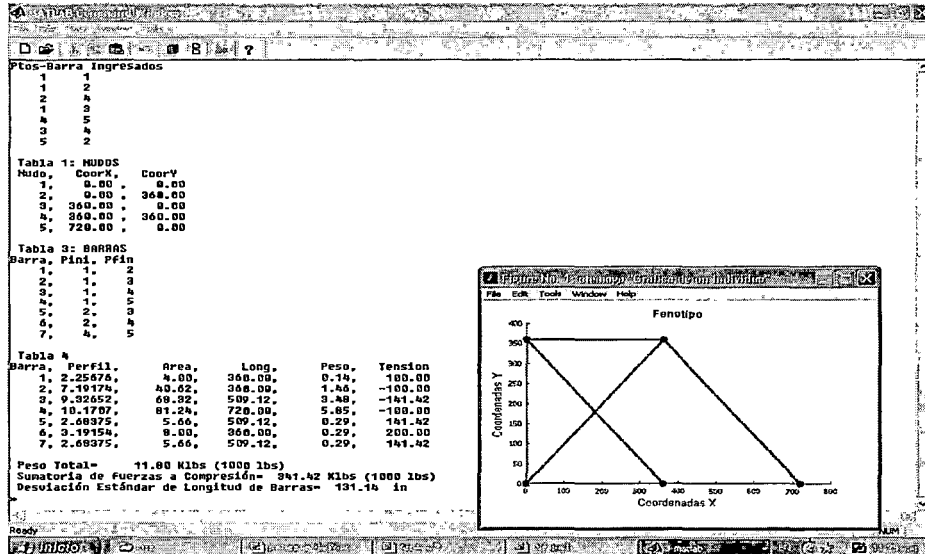


Fig. 46. Pantalla de Resultados de la I.P. 01 - Sol. de K. Deb & S. Gulati

VI.3.1.3 Solución obtenida por el Algoritmo Propuesto

La codificación empleada, como se explicó en el desarrollo de este trabajo, de representaciones enteras de naturaleza combinatoria, codifica órdenes de ensamble en lugar de inserción o extracción de barras. El genotipo es ensamblado por el algoritmo constructor, el dimensionamiento es mediante un método matemático que obtiene el área a partir de la tensión producida en la barra y el esfuerzo admisible a tracción o compresión según corresponda. La topología obtenida se muestra a continuación:

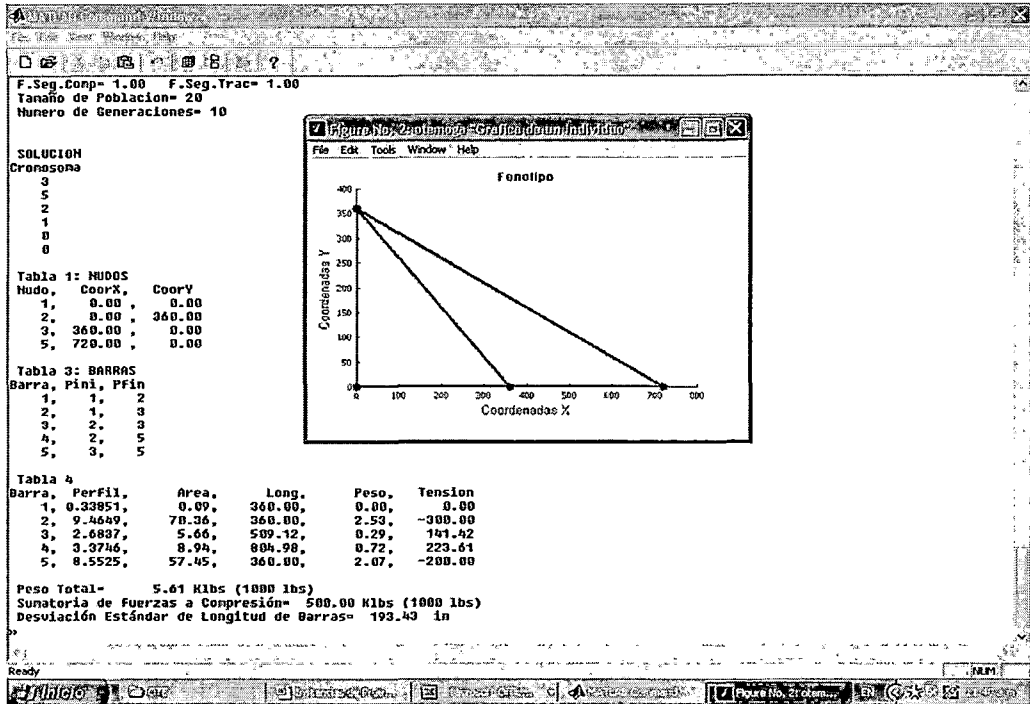


Fig. 47. Pantalla de Resultados de la I.P. 01 - Sol. del algoritmo propuesto

Tabla 5. Resultados de la Solución del algoritmo propuesto a la I.P. No 01

Barra	Área (in ²)	Longitud (in)	Peso (Klbs)	Tensión (Klbs)
1	0.09	360.00	-	-
2	70.36	360.00	2.53	(300.00)
3	5.66	509.12	0.29	141.42
4	8.94	804.98	0.72	223.61
5	57.45	360.00	2.07	(200.00)
			5.61	

Los resultados se muestran en la Tabla 5. La solución obtenida es más eficiente que la de la literatura, no sólo por los valores obtenidos del peso de la estructura, sino por el menor número de generaciones que fueron necesarias (10 generaciones) y a una población inicial más pequeña (20 individuos), lo que implica una considerable economía computacional.

Tabla 6. Resultados comparados - Instancia de prueba No 01

Indicador	Kalyanmoy Deb & S. Gulati	P.Hajela & E.Lee	Tecnica Propuesta
Número de Barras	7	7	5
Peso	11.8	8.02	5.61
Población	300	450	20
Num. De Generaciones	190	190	10

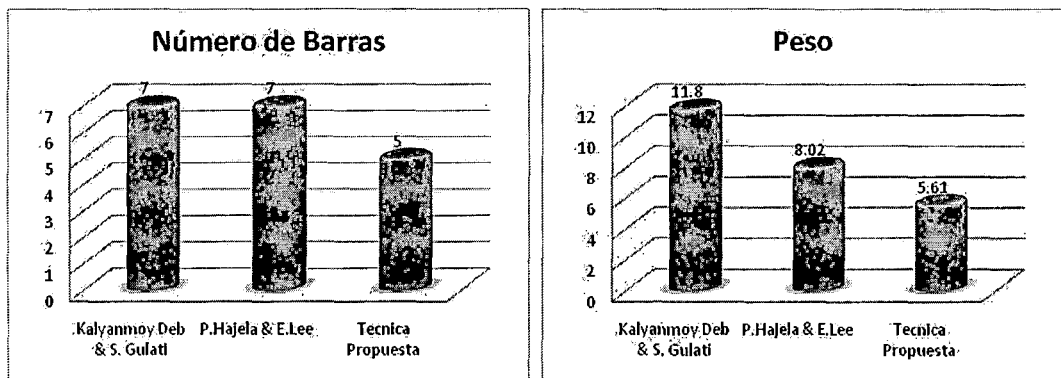


Fig. 48 Eficiencia de los resultados en la 1ra Instancia

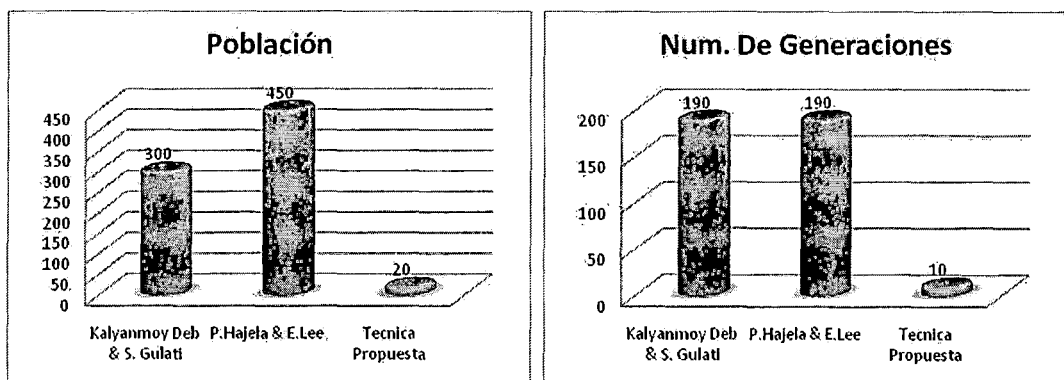


Fig. 49 Eficiencia del Método en la 1ra Instancia

VI.3.2 Instancia de Prueba N°. 02

VI.3.2.1 Solución de F. Cappello & A. Mancuso

F. Cappello & A. Mancuso (53) emplean la metodología de la distribución de material en el espacio acotado. F. CAPPELLO y A. MANCUSO obtienen la siguiente solución:

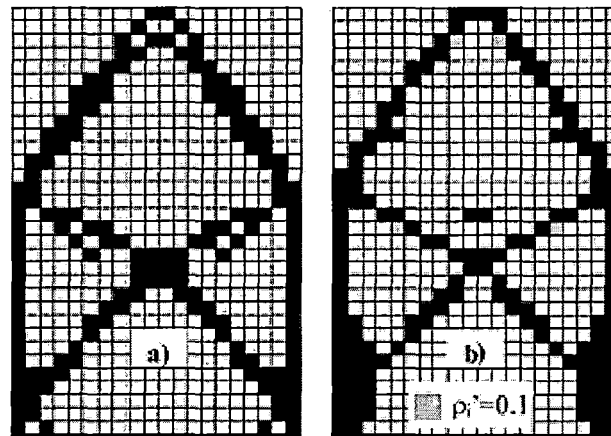


Fig. 5. Optimal topology of the short cantilever obtained in the present paper (a) and in Ref. [11] (b).

Fig. 50 Solución de F. Cappello a la 2da Instancia

Sometiendo el modelo al recálculo con sección circular de alma llena obtenemos los siguientes resultados:

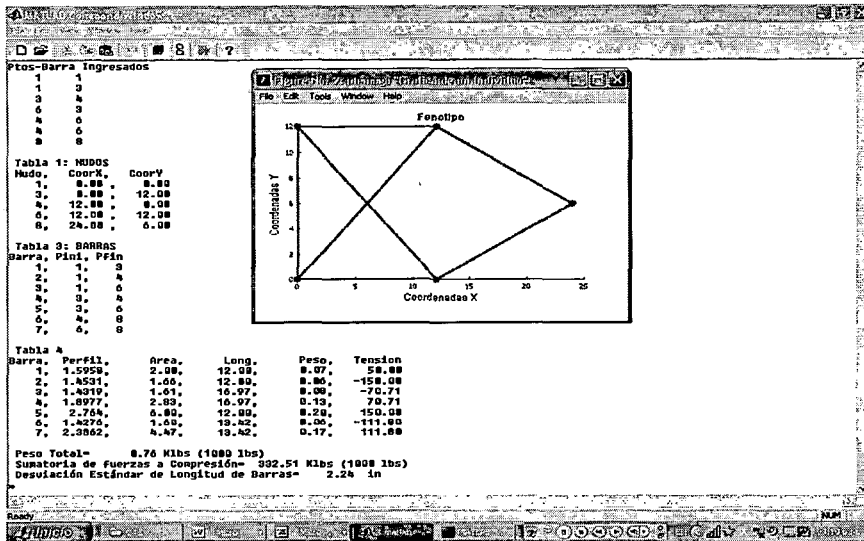


Fig. 51 Respuesta a la Forma Obtenida por F. Cappello - 2da Instancia

VI.3.2.2 Solución De Mark J. Jakiela * y Otros

MARK J. JAKIELA y Otros [39] dentro del concepto de discretización del espacio bidimensional y distribución de materia con el MEF, introduciendo variantes para conducir la generación de puntos conectados, obtienen la siguiente solución:

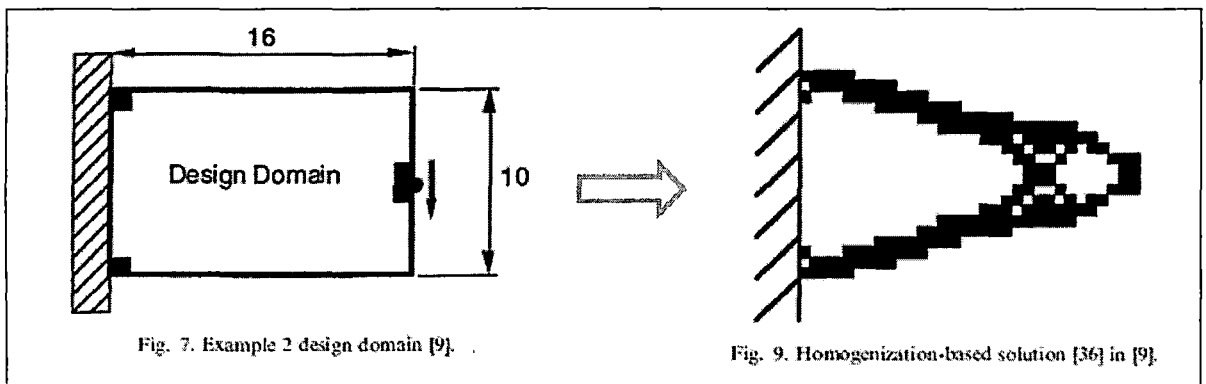


Fig. 7. Example 2 design domain [9].

Fig. 9. Homogenization-based solution [36] in [9].

Fig. 52 Forma obtenida por Jakiela – 2da Instancia

Del mismo modo que con la instancia anterior, cambiamos el apoyo tipo empotramiento perfecto por un apoyo móvil y uno fijo, disponiendo la estructura a fin de que los componentes liberados de los apoyos sean asumidos por elementos internos.

Ingresando la estructura obtenida por Jakiela en el sistema evaluación estructural de OTEMOGA obtenemos la pantalla que se muestra en la Fig. 51. El sistema de evaluación ha sido alimentado las especificaciones técnicas descritas en la instancia y una sección circular de alma llena, sección cuyas características geométricas se han utilizado para evaluar las estructuras topologías obtenidas por OTEMOGA y los otros autores.

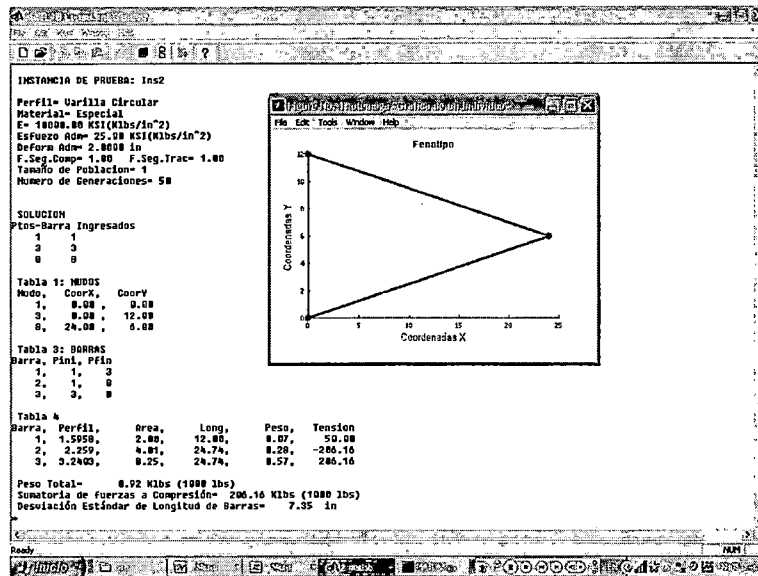


Fig. 53 Respuesta de la forma propuesta por Jakiela - 2da Instancia

VI.3.2.3 Solución Obtenida por el algoritmo propuesto

La solución encontrada por el algoritmo propuesto tiene menos elementos y concentra la compresión en dos electos y arroja, finalmente, la estructura de menor peso. La solución obtenida requirió de una población mucho menor de individuos y empleó también un número mucho menor de generaciones.

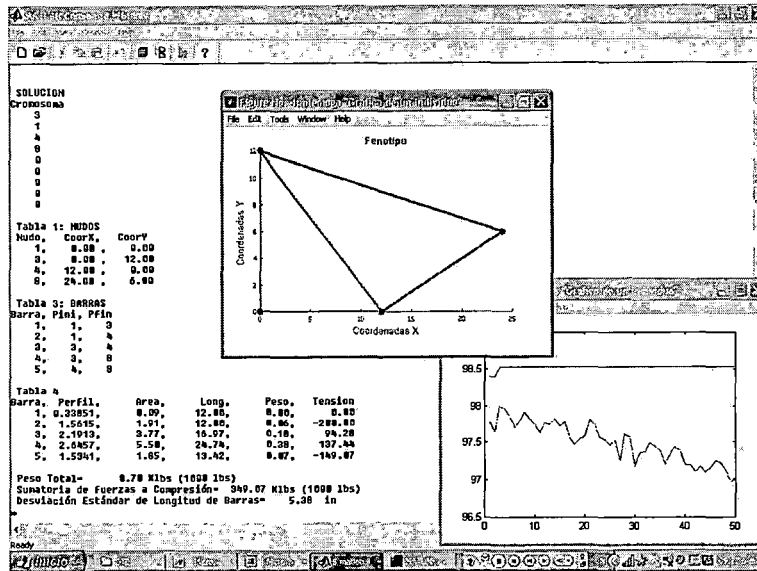


Fig. 54 Solución obtenida por la técnica propuesta - 2da Instancia

VI.3.2.4 Otras soluciones

S.Y. Wang, K.Tay (55) y (56) propone una técnica que utiliza una teoría gráfica que, basada en la Curva de Bézier, traza líneas matrices para conectar vértices. La técnica permite ahorrar operaciones de evaluación apoyados en Elementos Finitos.

Estos autores obtienen una forma similar a la obtenida por Schoenauer (64) mediante la representación Voronoi-bar, destacando la eficiencia del método al reducir el número de generaciones y población requerida.

Los resultados son mostrados en la Tabla 7, puede verse en esta segunda instancia que la forma obtenida ha sido la más eficiente, similar a la obtenida por otros métodos, pero puede verse también la fuerte ventaja de esta técnica propuesta respecto a las existentes, con sólo un 80% de la población inicial generada aleatoriamente requiere de apenas un 5 a 10 % del número de generaciones requerido por las técnicas existentes.

Tabla 7. Resultados comparados - Instancia de prueba No 02

Indicador	Capello	S.Y. Wang	Schoenauer (Voronoi-bar Rep)	Tecnica Propuesta
Número de Barras	7	7	5	5
Peso	0.77	0.77	0.7	0.7
Población	150	100	80	20
Num. De Generaciones	1000	200	2000	10

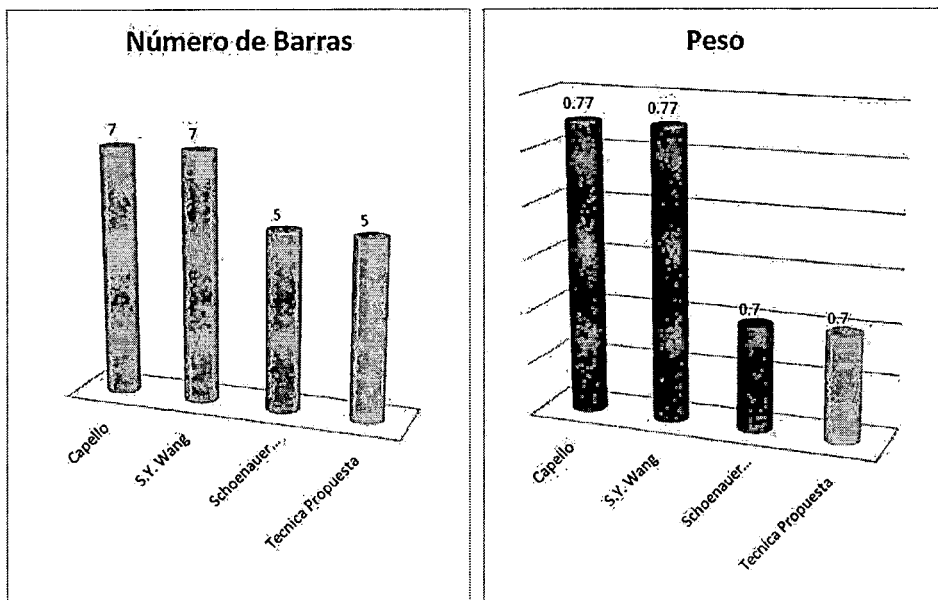


Fig. 55 Eficiencia de los resultados en la 2da Instancia

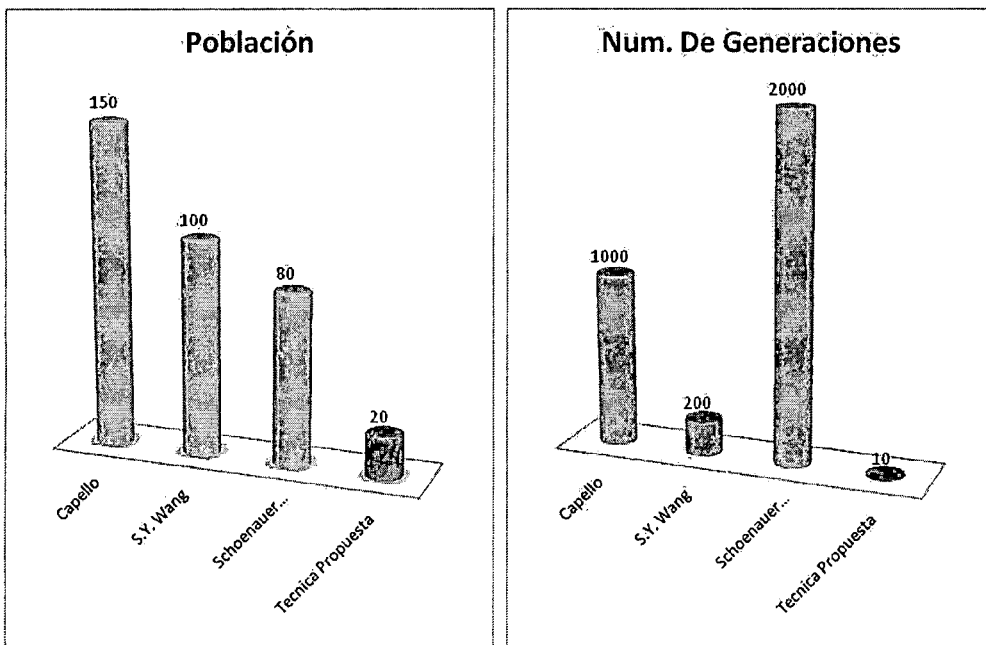


Fig. 56 Eficiencia del Método en la 2da Instancia

CONCLUSIONES

El método matricial de cálculos de celosías de nudos articulados es un método especializado de cálculo estructural cuyo uso se restringe a 4 hipótesis, las cuales son consideradas como restricciones en el modelo matemático. Mediante este procedimiento ha sido posible emplear con éxito el citado método de cálculo en la función de evaluación, en lugar de los Elementos Finitos para cualquier sistema de cargas, demostrando ser eficiente y eficaz para el proceso de optimización.

La tasa de inviabilidad se ha reducido dramáticamente, la conectividad, durante el proceso evolutivo, que era uno de los mayores escollos de los últimos desarrollos de la optimización de estructuras por medio de Algoritmos Genéticos, ha quedado asegurada mediante la representación propuesta y la acción del "algoritmo constructor".

La incorporación de la zona intrónica dentro de la cadena cromosómica ha permitido al cromosoma soportar cruces entre individuos muy diversos y mutaciones bastante disruptivas.

En la Fig. 48 y la Fig. 55 se ve la eficiencia de los resultados obtenidos en la primera y en la segunda instancia, las formas obtenidas, en algunos casos aún nuevas en la literatura, tienen menor peso y presentan un menor número de barras.

En la Fig. 49 y la Fig. 56 se puede ver la ventaja del método, los recursos utilizados para obtener estos resultados son evidentemente bastantes eficientes respecto a los procesos conocidos en la literatura.

El método presentado no sólo obtiene resultados más eficientes, sino que el método mismo como tal es mucho más eficiente, requiere de menos recursos computacionales, puede trabajar con poblaciones mucho más pequeñas y su convergencia es también mucho más rápida.

Se está planteando un nuevo concepto de representación cromosómica, no representamos la configuración del espacio bidimensional, sino planteamos la interrelación entre la codificación de órdenes de ensamble y la existencia de un algoritmo constructor que lea las instrucciones en el genotipo y ensamble el fenotipo.

RECOMENDACIONES

Con las instrucciones adecuadas, el algoritmo constructor podrá ensamblar fenotipos complejos, todos ellos viables, incluso sometidos a cruces y mutaciones con alto grado disruptivo.

El método propuesto nos libera, finalmente, del problema de la alta tasa de inviabilidad a causa de las operaciones genéticas, pudiendo incluso generarse poblaciones iniciales aleatorias completamente viables, lo que nos permitirá explorar en optimizaciones con varios criterios de optimalidad y para cualquier sistema de cargas.

La propuesta del método matricial de solución de celosías de nudos articulados abre otra alternativa: el de los Elementos Finitos, finalmente, la forma obtenida puede ser sometida a otros métodos de cálculo o los mismos Elementos Finitos con alto grado de definición dependiendo de las necesidades de diseño, no obstante, para el proceso evolutivo el método matricial de celosías articuladas ha demostrado ser eficiente.

La propuesta de representación cromosómica – algoritmo constructor y zona intrónica podría resultar también útil en otros campos de la optimización mediante algoritmos genéticos, lo cual sería recomendable en trabajos futuros.

Finalmente, falta emplear el método propuesto en celosías tridimensionales.

GLOSARIO DE TÉRMINOS

El Acido Desoxirribonucleico (ADN)

Es el material genético fundamental de todos los organismos vivos. El ADN es una macro-molécula doblemente trenzada que tiene una estructura helicoidal como se ilustra en la Fig. 57. Ambos filamentos trenzados son moléculas de ácido nucleíco lineales y sin ramificaciones, formadas de moléculas alternadas de desoxirribosa (azúcar) y fosfato. El ADN de un organismo puede contener desde una docena de genes (como un virus), hasta decenas de miles (como los humanos).

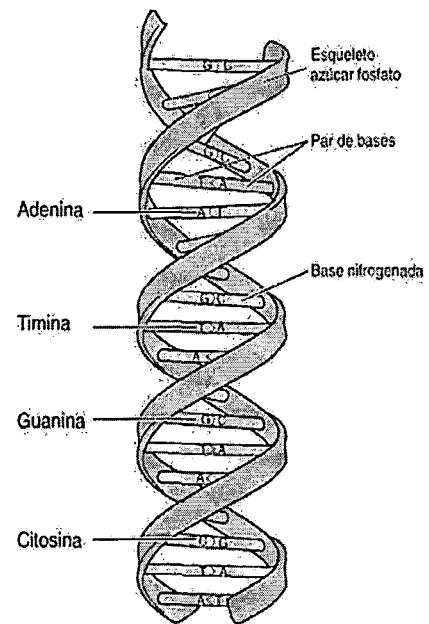


Fig. 57. ADN

Las 4 bases de nucleótido: Adenina (A), Timina (T), Citosina(C) y Guanina (G) son el alfabeto de información genética. Las secuencias de estas bases en la molécula de ADN determinan el plan constructor de cualquier organismo. El ADN de un organismo puede contener desde una docena de genes (como un virus), hasta decenas de miles (como los humanos).

Gen

Un gene es una sección de ADN que codifica una cierta función bioquímica definida, usualmente la producción de una proteína. Es fundamentalmente una unidad de herencia.

En Computación Evolutiva (CE) se llama gene a una subsección de un cromosoma que (usualmente) codifica el valor de un solo parámetro, aunque además puede almacenar información en su ubicación dentro del cromosoma.

Cromosoma

Se denomina cromosoma a una de las cadenas de ADN que se encuentra en el núcleo de las células. Los cromosomas son responsables de la transmisión de información genética. Cada gene es capaz de ocupar sólo una región en particular de un cromosoma (su "lugar" o "locus"). En cada determinado lugar pueden existir, en la población, formas alternativas del gene. A estas formas alternativas se les llama **alelos**.

En Computación Evolutiva (CE) denominamos cromosoma a una estructura de datos que contiene una cadena de parámetros de diseño o genes. Esta estructura de datos puede almacenarse, por ejemplo, como una cadena de bits o un arreglo de enteros.

Genoma

Se llama Genoma a la colección total de genes (y por tanto, cromosomas) que posee un organismo.

Gametos

Se denomina Gametos a las células que llevan información genética de los padres con el propósito de efectuar reproducción sexual. En los animales, se denomina **esperma** a los gametos masculinos y **óvulos** a los gametos femeninos.

Reproducción

Durante la reproducción sexual ocurre la recombinación (o cruza), pudiéndose dar de dos formas:

Haploide: se intercambian los genes entre los cromosomas (haploides) de los dos padres.

Diploide: en cada padre se intercambian los genes entre cada par de cromosomas para formar un gameto y, posteriormente, los gametos de los 2.

Haploide y Diploide

Se denomina **haploide** a la célula que contiene un solo cromosoma o conjunto de cromosomas, cada uno de los cuales consiste de una sola secuencia de genes. Se denomina **diploide** a una célula que contiene 2 copias de cada cromosoma. Las copias son homólogas, es decir, contienen los mismos genes en la misma secuencia. En muchas especies que se reproducen sexualmente, los genes en uno de los conjuntos de cromosomas de una célula diploide se heredan del gameto del padre, mientras que los genes del otro conjunto son del gameto de la madre.

Individuo y Población

Se denomina **individuo** a un solo miembro de una población. Se denomina **población** a un grupo de individuos que pueden interactuar juntos, por ejemplo, para reproducirse.

En CE se denomina individuo a un solo miembro de la población de soluciones potenciales a un problema. Cada individuo contiene un cromosoma (o de manera más general, un genoma) que representa una solución posible al problema a resolverse.

Generación

Llamamos generación a una iteración de la medida de aptitud y a la creación de una nueva población por medio de operadores de reproducción.

Fenotipo y Genotipo

Se denomina **fenotipo** a los rasgos (observables) específicos de un individuo. Se denomina **genotipo** a la composición genética de un organismo (la información contenida en el genoma). Es decir, es lo que potencialmente puede llegar a ser un individuo. El **genotipo** da origen, tras el desarrollo fetal y posterior, al **fenotipo** del organismo. En la naturaleza, la mayoría de las especies capaces de reproducirse sexualmente son diploides.

En CE se denomina genotipo a la codificación (por ejemplo, binaria) de los parámetros que representan una solución del problema a resolverse y se denomina fenotipo a la decodificación del cromosoma.

Mutación

Durante la mutación se cambian nucleótidos individuales de padre a hijo. La mayoría de estos cambios se producen por errores de copiado.

Aptitud

La aptitud de un individuo se define como la probabilidad de que esté vivo para reproducirse (viabilidad), o como una función del número de descendientes que éste tiene (fertilidad).

Ambiente

Se denomina ambiente a todo aquello que rodea a un organismo. Puede ser "físico" (abiótico) o biótico. En ambos casos, el organismo ocupa un nicho que ejerce una influencia sobre su aptitud dentro del ambiente total. Un ambiente biótico puede presentar funciones de aptitud dependientes de la frecuencia dentro de una población. En otras palabras, la aptitud del comportamiento de un organismo puede depender de cuantos más se estén comportando igual. A través de varias generaciones, los ambientes bióticos pueden fomentar la co-evolución, en la cual la aptitud se determina mediante la selección parcial de otras especies.

Selección

La selección es el proceso mediante el cual algunos individuos en una población son seleccionados para reproducirse, típicamente con base en su aptitud. La selección dura se da cuando sólo los mejores individuos se mantienen para generar progenie futura. La selección blanda se da cuando se usan mecanismos probabilísticos para mantener como padres a individuos que tengan aptitudes relativamente bajas.

Inteligencia filogenética

En la inteligencia filogenética, el aprendizaje se efectúa en este caso a nivel de las especies. La unidad de mutabilidad es un solo par base nucleótido, y el acervo de la inteligencia es el genoma de la especie.

Inteligencia ontogenética

En la inteligencia ontogenética, el aprendizaje se efectúa a nivel del individuo. La unidad de mutabilidad (o cambio) es la propensión de una neurona para dispararse y la sensibilidad del sitio receptor de dicha neurona. El acervo de este tipo de inteligencia es la memoria neuronal y hormonal (a la supuesta ruta de conexiones neuronales aprendidas se le llama “engrama”).

Inteligencia sociogenética

En la inteligencia sociogenética, el aprendizaje se efectúa a nivel del grupo. La unidad de mutabilidad es la “idea” o la experiencia compartida, y el acervo de este tipo de inteligencia es la cultura.

BIBLIOGRAFÍA

1. *Generating optimal topologies in structural design using a homogenization method.* **Bendsoe, M. P. & Kikuchi, N.** s.l. : Comp. Meth. Appl. Mech. Engrg., 71, 197–224, 1988.
2. *A simple evolutionary procedure for structural optimization.* **Xie, G.P. & Steven, M.** 885–896., s.l. : Comput. Struct. 49, 1993, Vol. (5).
3. *Shape representation for evolutionary optimization and identification in structural mechanics.* **Schoenauer, M.** s.l. : G. Winter, J. Periaux, M. Galan, P. Cuesta (Eds.), 1995, Vols. Genetic Algorithms in Engineering and Computer Science, pp. 443–464.
4. **Carlos., Coello C.** *Introducción a la Computación Evolutiva (Notas del Curso).* s.l. : Sección de Computación. Coello@cs.cinvestav.mx., 2003.
5. **Reeves, Colin B.** *Modern Heuristic Techniques for Combinatorial Problems.* Great Britain : John Wiley & Sons, 1993.
6. **Weise, Thomas.** *Global Optimization Algorithms - Theory and Application.* s.l. : University of Science and Technology of China, 2009.
7. **Whipple, Squire.** *Elementary and Practical Teatrise on Bridge Building.* Nueva York : s.n., 1847.
8. **Sterling Kinney, J.** *Análisis de Estructuras Indeterminadas.* Mexico : Continental S.A., 1964.
9. **A.Ghosh, A.K.Mallik.** *“Theory of Mechanisms and Machines”.* New Delhi : Affiliated East-West Press, 1988.

10. **Reglamento Técnico, Perú.** *Reglamento Nacional de Edificaciones.* Lima - Perú : Ministerio de Vivienda, Construcción y Saneamiento, 2006. Vols. El Peruano, 8/06/2006.
11. **REFORT, PADT -.** *Manual de diseño para maderas del Grupo Andino.* s.l. : Junta del Acuerdo de Cartagena , 1984.
12. *"Solution of Problems in Elasticity by Framework Method".* **A.Hrenikoff.** 165 - 175, s.l. : J. Appl. Mech., 1941, Vol. 8.
13. *"Variational Methods for the Solutions of Problems of Equilibrium and Vibration".* **Courant, R.** s.l. : Bull. Am. Math Soc. , 1943, Vols. Vol 49, Pag 1-23.
14. **Morosini Santanna, Hervandil.** . *"Optimizacao Topológica de Estruturas Bidimensionales Contínuas Submetidas a Restricciones de Flexibilidade e tensao", Tesis de Maestría en Ingeniería.* BRASIL : Universidade Federal do Rio Grande Do Su, 2002.
15. **ATKIN, R.J. y FOX, N.** *"Introduction to the Theory of Elasticity".* s.l. : Longman 1fh ed., 1980.
16. **BOUTELOUP, JACQUES.** *"Cálculo de Matrices".* Buenos Aires : Ed. Universitaria de Buenos Aires. , 1969.
17. *Cálculo de Matrices.* **Bouteloup, Jacques.** Buenos Aires - Argentina : Ed. Universitaria de Buenos Aires. , 1969.
18. **Holland, John H.** *"Adaptation in Natural and Artificial Systems".* s.l. : Ann Harbor: The University of Michigan Press., 1975.
19. *Genetic Algorithms are NOT Function Optimizers.* **Jong, Kenneth A. De.** San Mateo, California : Morgan Kauf-mann Publishers, 1993.
20. *The Simple Genetic Algorithm. Foundations and Theory.* **D.Vose, Michael.** Cambridge - Massachusetts : The MIT Press, 1999.

21. *No Free Lunch Theorems for Search*. **Macready, D. H. Wolpert and W. G.** New Mexico : Technical Report SFI-TR-95-02-010, Santa Fe Institute, New Mexico, 1995.
22. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*. **Goldberg., David E.** Massachusetts - USA : Addison-Wesley Publishing Co. Reading, 1989.
23. *"Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs"*. **Michalewicz, Zbigniew.** s.l. : Springer – Verlag, second edition, 1992.
24. *"Some effects of selection procedures on Hiperplane Sampling by Genetics Algorithms,."* **Schaffer, J.D.** s.l. : Ed. Pitman, 1987, Vols. Genetics Algorithms and Simulated Annealing, L. Davis.
25. *"An Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems"*. **Jong., A. K. de.** Michigan : PhD thesis, University of Michigan, 1975.
26. *"Intelligent Behavior as an Adaptation to the Task Environment."* **Booker., Lashon B.** Ann Arbor, Michigan : PhD thesis, Logic of Computers Group, University of Michigan, 1982.
27. *Genetic Algorithms for Function Optimization.* **Brindle., A.** Edmonton, Alberta : PhD thesis, Department of Computer Science, University of Alberta, 1981.
28. *Reducing Bias and Inefficiency in the Selection Algorithm.* **Baker, J. J.** Grefnestette : Ed. Lawrence Erlbaum, 1987, Vol. Genetics Algorithms and their applications: Proc. Second International Conference.
29. *"Evaluation of the effectiveness of genetic algorithms in combinatorial optimization"*. **Wetzel, A.** Pittsburgh : University of Pittsburgh (unpublished), 1983.
30. *Optimización Mediante Algoritmos Genéticos.* **Pablo, Estévez Valencia.** Chile : Anales del Instituto de Ingenieros de Chile., Agosto 97, pp.83-92, 1997.

31. *The Genitor Algorithm and Selective Pressure*. **Darrell, Whitley**. s.l. : Proc. 3rd International Conf. On Genetics Algorithms, Morgan-Kaufman, 99 116-121, 1989.
32. *“Algoritmos Genéticos: Principios y Aplicaciones”*. **Eléctrica, Cavalcanti P. Marco Aurelio**. . Rio do Janeiro : Pontificia Universidad Católica do Rio do Janeiro, 2002, Vol. ICA: Núcleo de Pesquisa em Inteligencia Computacional Aplicada. Departamento de Engenharia.
33. *A Connectionist Machine for Genetic Hillclimbing*. **Ackley, David H**. Boston, Massachusetts : Kluwer Academic Publishers, 1987.
34. *Structural Design by Systematic Synthesis*. **Schmit, L. A**. s.l. : Proceedings 2nd ASCE Conference on Electronic Computation, pp. 105-132, 1960.
35. *Métodos de Diseño Óptimo de Estructuras*. **Hernández, S**. Madrid : Colegio de Ingenieros de Caminos, Canales y Puertos, 1990.
36. *High order shape design sensitivity: A unified approach*. **F. Navarrina, S. López, I. Colominas, E. Bendito Y M. Casteleiro**. s.l. : Comp. Meth. Appl. Mech. Engrg., 188, 681–696, 2000.
37. *Advances in structural optimization including nonlinear mechanics*. **E. Ramm, S. Schwarz y R. Kemmler**. Barcelona : Proceedings of the European Congress on Computational Methods in Applied Sciences and Engineering (ECCOMAS), 2000, Vol. European Community on Computational Methods in Applied Sciences.
38. *“Introduction to Structural Optimization: Theory, Methods and Solution”*. **Cheng, G**. s.l. : Lecture Notes, Dalian University of Technology, 1992.
39. *Layout Optimization of Structures*. **Rozvany, Bendsoe, M. P. E Kirsch, U**. s.l. : Appl. Mech. Rev., vol. 48, N° 2, pp. 41-119, 1995.
40. *Topics in the mathematical modeling of composite materials*. **Cherkaev, A. y Kohn, R**. s.l. : Birkhausen, NY, 1997.

41. *Optimization of structural topology, shape, and material*, Springer. **Bendsøe, M. P.** s.l. : Verlag, Heidelberg, 1995.
42. *Optimización Topológica de Estructuras: Una Formulación de Elementos Finitos para la Minimización del Peso con Restricciones en Tensión. I.* **Muños.** s.l. : Proyecto Técnico, ETSICCP, Universidad de A Coruña , 2001.
43. *Variable-topology optimization: status and challenges.* **Bendsoe, M. P.** Munich : W. Wunderlich (Ed.), TUM, 1999, Vol. Proceedings of the European Conference on Computational Mechanics ECCM'99.
44. *Optimización Topológica de Estructuras, una formulación de mínimo peso con Restricciones en Tensión.* **F. Navarrina, I. Muñoz, .I. Colominas y M. Casteleiro.** España : J.M. Goicochea, C.Mota Soares, M. Pastor y G. Bugida, 2002.
45. *Genetic Algorithm for Topology Optimization of Trusses.* **Ohsaki., M.** s.l. : Pergamon, Computers & Structures Vol. 57. No. 2. pp. 219-225, 1995.
46. *Continuum structural topology design with genetic algorithms.* **Mark J. Jakiela, Colin Chapman, James Duda, Adenike Adewuya y Kazuhiro Saitou.** Washington : ELSEVIER, Comput. Methods Appl. Mech. Engrg. Comput. Methods Appl. Mech. Engrg. 186 pag. 339 a 356, 2000, Vols. Department of Mechanical Engineering, Washington University.
47. *Evolutionary structural optimisation (ESO) for combined topology and size optimisation of discrete structures.* **Grant Steven A, Osvaldo Querin, Mike Xie.** s.l. : Elsevier , Comput. Methods Appl. Mech. Engrg. 188, pag 743-754, 2000.
48. *Algoritmos Genéticos Para Previsão da Resistência de Vigas de Aço Sujeitas a Cargas Concentradas.* **Elaine T. Fonseca, Marco Aurélio C. Pacheco, Pedro C. G. da S. Vellasco, Sebastião A. L. de Andrade.** Rio de Janeiro : CILAMCE Congresso Ibero Latino Americano de Metodos Computacionais em Engenharia) - pp. 6-8, 2000.

49. *Otimização de Ligações Estruturais em Aço Através de Algoritmos Genéticos*. **Luciano F. da Silva, Marco A. C. Pacheco, Pedro C. G. da S. Vellasco, Sebastião A. L. De Andrade**. Río de Janeiro: CILAMCE (Congreso Ibero Latino Americano de Métodos Computacionales en Ingeniería) - pp. 6-, 2000.
50. *Genetic Algorithms In The Assessment Of Minor Axis Semi-Rigid Connections*. **L. R. O. De Lima, M. A. C. Pacheco, P. C. G. Da S. Vellasco And S. A. L. De Andrade**. Singapore : EASEC-2001: School of Civil and Structural Engineering, 2001 .
51. *Design of truss-structures for minimum weight using genetic algorithms*. **Kalyanmoy Deb, Surendra Gulati**. s.l. : Elsevier, Finite Elements in Analysis and Design 37. P 447 - 465, 2001.
52. *Entorno Gráfico par la optimización de estructuras metálicas en base a algoritmos genéticos*. **Bello, A. y Predes M**. Santander – España : XIV congreso Internacional de Ingeniería Gráfica., pp. 5-7, 2002 .
53. *A genetic algorithm for combined topology an shape optimisations*. **Cappello, F & Mancuso, A**. Palermo – Italia : Departamento de Mecánica y Aeronáutica de la Universidad de Palermo – Italia Dic'2002. ELSEVIER, CAD 35. P 761-769, 2003.
54. *A heuristic and a genetic topology optimization algorithm for weight-minimal laminate structures*. . **Wilfried Hansel A, Andre Treptow B, Wilfried Becker A, Bernd Freisleben**. s.l. : Elsevier , Composite Structures 58. p 287–294, 2002.
55. *Graph representation for structural topology optimization using genetic algorithms*. **S.Y. Wang, K. Tai**. s.l. : Elsevier, Computers and Structures 82. p 1609–1622., 2004.
56. *Structural topology design optimization using Genetic Algorithms with a bit-array representation*. **S.Y. Wang, K. Tai**. s.l. : Elsevier, Comput. Methods Appl. Mech. Engrg. 194. p 3749–3770, 2005.

57. *Multi-objective optimization of structures topology by genetic algorithms.* **J.F. Aguilar Madeira, H. Rodrigues, Heitor Pina.** s.l.: Advances in Engineering Software 36. Pág. 21–28. , 2005.
58. *Effective optimisation of continuum topologies through a multi-GA system.* **Soon Yu Woon, Liyong Tong, Osvaldo M. Querin, Grant P. Steven.** s.l.: Comput. Methods Appl. Mech. Engrg. 194 pág. 3416–3437, 2005.
59. *Genetic Algorithms In Truss Topological Optimization.* **Hajela, P. & Lee, E.** 22, N.Y. USA : Elsevier Science Ltd, 1995, Vol. 32.
60. *Optimización mediante algoritmos genéticos: aplicación al diseño de celosías. celosías”.*, **Luís Galindo Corvillo y Alberto Carnicero López.** “Optimización mediante algoritmos genéticos: aplicación al diseño de. 2003, Vols. Anales de mecánica y electricidad / septiembre-octubre .
61. *Optimización del diseño y construcción de edificios metálicos en base a Algoritmos Genéticos.* **María., Predes H.** España : Universidad de Oviedo - Tesis Doctoral. Departamento de Construcción e Ingeniería de Fabricación, 2002 .
62. *A Genetic Algorithm for Con-strained and Multiobjective Optimization.* **Talukdar, Eduardo Camponogara y Sarosh N.** Vaasa, Finland : University of Vaasa. Jarmo T. Alander, editor, 3rd Nor-dic Workshop on Genetic Algorithms and Their Applications (3NWGA), pages 49–62,, 1997.
63. *Job Shop Scheduling with Genetic Algorithms.* **Davis, Lawrence.** Hillsdale, New Jersey : In John J. Gre-fenstette Lawrence - Erlbaum Associates, July 1985, Vols. Proceedings of the First International Conference on Genetic Al-gorithms, pages 136–140.
64. **Schoenauer, M and Hamda, Jouve F, Lutton E, Sebag M.** *Compact unstructured representation for evolutionary design.* s.l. : Appl Intell, 2002. 16(2).

65. *Design of truss-structures for minimum weight using genetic algorithms.* **KALYANMOY DEB***, **SURENDRA GULATI**. 2001, Elsevier, Finite Elements in Analysis and Design 37, pp. 447 - 465.
66. *"A Treatise on Mathematical Theory of Elasticity"*. **Love, A.E.** New York. : 4th Edition Dover, 1944.
67. *"Elasticity in Engineering Mechanics"*. **Boresi, A.P. y Chong, K.P.** New York : Elsevier, 1987.
68. **Zapata B, Luis.** *"Diseño en Acero"*. Lima : Instituto de Estructuras y la Construcción, 1967.
69. *An Overview of Evolutionary Algorithms: Practical Issues and Common Pitfalls.* **Darrell, Whitley.** Colorado - USA : Department of Computer Science, Colorado State University, 1993.
70. *A genetic algorithm for combined topology an shape optimisations.* **A.Cappello, F. Mancuso &**. Palermo – Italia : Departamento de Mecánica y Aeronáutica de la Universidad de Palermo – Italia Dic'2002. ELSEVIER, CAD 35. P 761-769, 2003.

ÍNDICE DE FIGURAS

Fig. 1. Celosías Notables.....	10
Fig. 2. Esfuerzos admisibles de la madera (PADT-REFORT)	15
Fig. 3. Módulo de Elasticidad de la madera (PADT-REFORT)	17
Fig. 4. Falta de Conectividad	19
Fig. 5. Efecto de Rótula	19
Fig. 6. Nudos Básicos	20
Fig. 7. Malla Equivalente de Elementos Finitos	22
Fig. 8. Estado de Esfuerzos en un punto "P". Fuente: Santanna (13)	23
Fig. 9. Análisis de esfuerzos en una Celosía	27
Fig. 10. Descomposición de esfuerzos en el nudo j.....	28
Fig. 11. Descomposición de esfuerzos en la barra m	29
Fig. 12. Representación gráfica de los esquemas (schemas) L=3.	43
Fig. 13. Crossover de dos puntos	61
Fig. 14. Crossover uniforme.....	61
Fig. 15. Categorías de OTE - Criterios de optimalidad unidimensionales.....	70
Fig. 16. Problemas de OTE con criterios de optimalidad multidimensionales.....	70
Fig. 17. Codificación de distribución de materia	73
Fig. 18. Ground Structure. F: P. Hajela.....	73
Fig. 19. Esquema de solución del problema	113
Fig. 20. Diagrama de Flujo.....	114

Fig. 21. Espacio Bidimensional Discreto.....	116
Fig. 22. Representación de las variables de decisión.....	118
Fig. 23. Representación Propuesta.....	119
Fig. 24. Triángulo de fuerzas	124
Fig. 25. El algoritmo Constructor - Paso 2	125
Fig. 26. El Algoritmo Constructor - Paso 3.....	126
Fig. 27. Cruce 2PMP - padres	128
Fig. 28. Cruce 2PMP – Puntos de Corte.....	128
Fig. 29. Cruce 2PMP - Hijo 1	129
Fig. 30. Cruce 2PMP - Hijo 2	129
Fig. 31. Inserción Combinatoria - Padre	130
Fig. 32. Inserción Combinatoria - Pasos.....	130
Fig. 33. Intercambio Combinatorio - Inserción	131
Fig. 34. Intercambio Combinatorio – Eliminación.....	131
Fig. 35. Insercion de Permutación	132
Fig. 36. Intercambio de Permutación	132
Fig. 37. Fases del sistema	137
Fig. 38. Instancia de Prueba 01	145
Fig. 39. Instancia 01 - Isostática	146
Fig. 40. Instancia de Prueba 02	147
Fig. 41. Instancia 02 (Isostática)	148
Fig. 42 Solución de P. Hajela & E. Lee a la I.P. N°. 01	149
Fig. 43 Proceso de obtención de Indicadores.....	150
Fig. 44 Pantalla de Resultados de la I.P. 01 - Sol. de P. Hajela	150
Fig. 45 Solución de Kalyanmoy Deb & Surendra Gulati a la I.P. N°. 01.....	152
Fig. 46. Pantalla de Resultados de la I.P. 01 - Sol. de K. Deb & S. Gulati.....	153

Fig. 47. Pantalla de Resultados de la I.P. 01 - Sol. del algoritmo propuesto	154
Fig. 48 Eficiencia de los resultados en la 1ra Instancia	155
Fig. 49 Eficiencia del Método en la 1ra Instancia.....	155
Fig. 50 Solución de F. Cappello a la 2da Instancia.....	156
Fig. 51 Respuesta a la Forma Obtenida por F. Cappello - 2da Instancia	157
Fig. 52 Forma obtenida por Jakiela – 2da Instancia	157
Fig. 53 Respuesta de la forma propuesta por Jakiela - 2da Instancia	158
Fig. 54 Solución obtenida por la técnica propuesta - 2da Instancia.....	159
Fig. 55 Eficiencia de los resultados en la 2da Instancia.....	160
Fig. 56 Eficiencia del Método en la 2da Instancia	160
Fig. 57. ADN	164

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Características de la Instancia 01	145
Tabla 2. Características de la Instancia 02	147
Tabla 3. Resultados de la Solución de P. Hajela a la I.P. No 01	151
Tabla 4. Resultados de la Solución de K. Deb & S. Gulati a la I.P. No 01	152
Tabla 5. Resultados de la Solución del algoritmo propuesto a la I.P. No 01.....	154
Tabla 6 Resultados comparados - Instancia de prueba No 01	155
Tabla 7 Resultados comparados - Instancia de prueba No 02	159