

ALMA MATER STUDIORUM - UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

FACOLTÀ DI INGEGNERIA

CORSO DI LAUREA SPECIALISTICA IN INGEGNERIA CIVILE

DISTART – Scienza delle Costruzioni

TESI DI LAUREA

in
Teoria delle Strutture

**FORMULAZIONE AGLI ELEMENTI FINITI DI PROBLEMI
DI IDENTIFICAZIONE PARAMETRICA**

CANDIDATO
Matteo Mazzotti

RELATORE:
Chiar.mo Prof. Erasmo Viola

CORRELATORI
Dott. Ing. Alessandro Marzani
Dott. Ing. Paolo Bocchini

Anno Accademico 2008/09

Sessione II

Indice

1	INTRODUZIONE	5
2	ALGORITMI GENETICI	11
2.1	Premessa	11
2.2	Algoritmi genetici	15
2.2.1	Ottimizzazione di una funzione in una variabile	22
2.2.2	Confronto con altre tecniche di ricerca	28
2.3	Passi fondamentali di un algoritmo genetico per un problema di ottimizzazione parametrica	30
2.4	Tipologie di encoding: binario e a virgola mobile	34
2.5	Ottimizzazione di una funzione ad n variabili utilizzando MatLab	36
3	IDENTIFICAZIONE DI DANNEGGIAMENTI IN STRUT- TURE PIANE MEDIANTE METODI DINAMICI	41
3.1	Introduzione	41
3.2	Formulazione discreta delle equazioni del moto di un sistema strutturale	44
3.2.1	Matrici di massa, rigidezza e smorzamento dell'elemento asta	45
3.2.2	Matrici di massa, rigidezza e smorzamento dell'elemento trave alla Timoshenko	51
3.3	Identificazione delle rigidezze residue di un sistema strutturale sottoposto a forzanti armoniche	58
3.4	Soluzione del problema di identificazione mediante l'applicazione degli algoritmi genetici	63
3.5	Applicazioni numeriche	66
3.6	Osservazioni conclusive	80

4 IDENTIFICAZIONE DI OCCLUSIONI IN RETI DI CONDOTTE IN PRESSIONE	81
4.1 Introduzione	81
4.2 Equazioni del moto stazionario nelle condotte	83
4.3 Perdite di carico	87
4.3.1 Perdite di carico distribuite: formula di Darcy-Weisbach	87
4.3.2 Coefficiente d'attrito	88
4.3.3 Perdite di carico concentrate	90
4.4 Termoidraulica delle reti di condotte: dipendenza del flusso dalla temperatura	93
4.5 Formulazione agli elementi finiti	95
4.6 Procedure risolutive per sistemi di equazioni algebriche non lineari	99
4.6.1 Metodo di Picard	100
4.6.2 Metodo di Newton-Raphson	101
4.7 Identificazione di occlusioni mediante l'utilizzo di misure di portata e pressione	105
4.8 Applicazioni numeriche	108
4.9 Osservazioni conclusive	123
5 VALUTAZIONE DELL'INCERTEZZA NELLA STIMA DEI PARAMETRI	125
6 CONCLUSIONI E SVILUPPI FUTURI	129
7 CODICE MATLAB PER L'IDENTIFICAZIONE DELLE RIGIDENZE DEGLI ELEMENTI DI UNA STRUTTURA 2D	133
7.1 File dati.m	133
7.2 function geometria.m	137
7.3 function fem2D.m	137
7.4 function KMbeam.m	143
7.5 function KMtruss.m	145
7.6 function assemblaggio.m	145
7.7 function vinc.m	146
7.8 function stiffnessID.m	147
7.9 function fitfunGA.m	149
BIBLIOGRAFIA	150

Capitolo 1

INTRODUZIONE

L'identificazione dei sistemi è una scienza che, partendo da dati sperimentali, cerca di stimare un modello (o i parametri che definiscono un modello) basandosi su dati sperimentali.

L'identificazione dei sistemi è una scienza che ha come obiettivo la stima di un modello oppure dei parametri che definiscono un modello a partire da dati sperimentali. In generale ogni problema di identificazione racchiude in se un problema inverso, cioè un problema nel quale, noti le cause e gli effetti, si cerca di ricostruire il modello del fenomeno fisico che li lega insieme in modo univoco. Per prima cosa si può osservare che quando si parla di problema inverso si presuppone l'esistenza di un altro problema (che viene detto diretto) al quale il problema inverso è strettamente correlato.

Si dice che due problemi sono uno l'inverso dell'altro quando la formulazione di uno coinvolge necessariamente l'altro. Di questa coppia di problemi uno dei due viene detto diretto e l'altro inverso. In genere, viene chiamato problema diretto quello che è stato studiato più nel dettaglio e per primo, mentre viene detto problema inverso quello meno (o più recentemente) considerato. Si consideri ad esempio il problema consistente nel calcolo del prodotto di due numeri interi: l'inverso di tale problema consiste nel trovare una coppia di fattori di un numero assegnato. Poichè si è stabilito inizialmente di chiamare problema diretto quella della moltiplicazione, allora il problema della fattorizzazione verrà chiamato inverso. Si può osservare che il problema inverso si presenta molto più complesso di quello diretto; ad esempio, esso non ammette (in generale) un'unica soluzione.

Quando in un problema vengono fornite sufficienti informazioni è possibile trovare un procedimento ben definito e stabile che consente di pervenire ad un'unica soluzione del problema posto; se il processo descrive un fenomeno fisico, un problema diretto può essere descritto come

$$\begin{array}{ccccc} \text{causa} & \longrightarrow & \text{modello} & \longrightarrow & \text{effetto} \\ \text{(input)} & & & & \text{(output)} \end{array}$$

$$x \longrightarrow K \longrightarrow y$$

cioè

$$Kx = y \tag{1.1}$$

Il problema diretto consiste nell'assegnare la causa x e il modello K e calcolare l'effetto y . Questo però è solo uno dei tre modi nei quali si può leggere l'equazione (1.1): ogni problema diretto suggerisce immediatamente due problemi inversi:

1. dato il modello K e l'effetto y , risalire alla causa x ;
2. data la causa x e l'effetto y , costruire un modello K .

Dal punto di vista applicativo ci sono due motivazioni diverse che giustificano lo studio di questi problemi inversi:

1. Conoscere lo stato passato o i parametri che regolano un sistema;
2. Controllare lo stato finale del sistema modificando lo stato presente o i parametri del modello.

Dal punto di vista puramente matematico, esiste però una ulteriore e decisiva distinzione tra problema diretto e inverso: il problema diretto gode di certe buone proprietà che corrispondono alla definizione di problema ben posto, mentre il problema inverso è solitamente mal posto. La definizione di problema ben posto risale agli anni '20 ed è dovuta ad Hadamard. Egli afferma che un modello matematico per un problema fisico deve essere ben posto; se si considerano ad esempio X e Y spazi normati e K operatore (lineare o non lineare) $K : X \longrightarrow Y$, un problema ben posto deve avere le seguenti proprietà:

- *Esistenza*: il problema ammette una soluzione, cioè per ogni $y \in Y$ esiste almeno un $x \in X$ tale che $Kx = y$. Matematicamente, l'esistenza di una

soluzione si può forzare allargando lo spazio delle soluzioni: ad esempio, il concetto di soluzione debole di una equazione differenziale rientra in questo ordine di idee. In questo caso ulteriori informazioni possono essere aggiunte al modello;

- *Unicità*: esiste al più una soluzione, ovvero per ogni $y \in Y$ esiste al più un $x \in X$ tale che soddisfa $Kx = y$. Se il problema ha più di una soluzione significa che mancano informazioni sul modello (tali da permettere di scegliere quella giusta tra le soluzioni possibili);
- *Stabilità*: la soluzione dipende con continuità dai dati. Ciò equivale ad affermare che per ogni successione $\{x_n\} \subset X$ con $Kx_n \rightarrow Kx$ (per $n \rightarrow \infty$) si ha che $x_n \rightarrow x$ (per $n \rightarrow \infty$). La richiesta di stabilità risulta in sostanza la più importante. Se il problema non ha proprietà di stabilità, le sue soluzioni sono praticamente impossibili da calcolare perchè ogni misurazione e ogni calcolo numerico sono comunque inquinati da inevitabili errori, quindi i dati del problema sono sempre perturbati da qualche forma di rumore. Se la soluzione di un problema non dipende con continuità dai dati, la soluzione calcolata potrebbe non aver niente a che fare con la soluzione reale. In realtà, non c'è modo di superare questa difficoltà, a meno che non siano disponibili ulteriori informazioni sulle soluzioni. In parole povere l'instabilità significa che cause molto diverse possono provocare effetti molto simili rendendo così vano il tentativo di risalire ad esse.

Tutti i problemi che non rispettano una delle tre proprietà sopracitate vengono detti mal posti.

Ogni procedura di identificazione consiste in genere nell'applicazione di un input al sistema e nella registrazione della risposta in uscita. Si avranno dunque le sequenze:

$$x(t) = x(1), x(2), \dots, x(n) \rightarrow \text{ingressi}$$

$$y(t) = y(1), y(2), \dots, y(n) \rightarrow \text{uscite}$$

dove n rappresenta il numero di misure effettuate. Si possono distinguere tre tipologie di procedure di identificazione:

- *Identificazione a scatola bianca*: il modello viene ricavato tramite le leggi della fisica;

- *Identificazione a scatola grigia*: nel modello che descrive il problema fisico vi sono dei parametri incogniti, che devono essere stimati.
- *Identificazione a scatola nera*: non sono note le equazioni del modello fisico ed i loro parametri non possono essere stimati singolarmente. Vengono identificati dei modelli che siano in grado di rappresentare il legame tra le variabili del sistema in esame (ingressi e uscite), scegliendo la loro struttura indipendentemente da considerazioni fisiche.

Esistono due classi di metodi di identificazione: parametrica e non parametrica. Si parla di *identificazione parametrica* nel caso in cui si conosca già una struttura del modello per il sistema (o ne è stata supposta una) e per essa si ricava una serie di parametri. Una *identificazione non parametrica* è invece caratterizzata dal fatto che il modello non è descritto da un vettore di parametri di dimensione finita.

In questo lavoro verrà discusso ed applicato a problemi di ingegneria strutturale e idraulica un metodo di identificazione basato sull'ottimizzazione di una funzione che tenga conto della differenza fra le misure effettuate in situ e i risultati ottenuti dal modello di un sistema discretizzato con la tecnica degli elementi finiti. La procedura di identificazione ha come fine la stima dei parametri del modello (identificazione a scatola grigia); i parametri stimati devono rendere minima la funzione di discrepanza tra le misure effettuate e quelle calcolate.

Esistono numerose tecniche di minimizzazione di una funzione; nel Capitolo 2 ci si soffermerà in particolare sulla tecnica degli algoritmi genetici (GAs), che negli ultimi anni ha ricoperto un ruolo sempre più importante nello studio dei problemi di ottimizzazione applicati ai diversi campi dell'ingegneria civile.

Nel Capitolo 3 verrà affrontato un problema di identificazione delle rigidità di elementi appartenenti a strutture piane; l'identificazione è basata sull'uso delle misure di ampiezza delle vibrazioni del sistema quando quest'ultimo è messo a regime sincronizzato con una forzante esterna di tipo armonico. Lo scopo, in accordo con le più recenti tecniche di diagnostica non invasiva, è quello di identificare le rigidità residue di ogni singolo elemento del sistema strutturale al fine di localizzare e quantificare la presenza di uno o più danneggiamenti strutturali.

Nel Capitolo 4 verrà infine presentato uno studio di identificazione di possibili occlusioni in reti di condotte in pressione. Nella formulazione del problema, di tipo non lineare, si terrà conto delle proprietà termoidrauliche dei liquidi

trasportati nella rete. Il problema di identificazione si configurerà nella stima dei diametri residui di ogni condotta e sarà basato sulla minimizzazione di una funzione che tenga conto delle differenze fra le misure di portata e pressione effettuate sulla rete e quelle calcolate dal modello agli elementi finiti. Tutto il lavoro presentato nel capitolo rientra in una ricerca finanziata da un ente per la distribuzione di olii e gas.

Lo scopo della tesi è quello di mostrare le potenzialità e la flessibilità dei metodi di identificazione nei quali la tecnica degli elementi finiti, forse a tutt'oggi la più diffusa nel campo dello studio dei modelli ingegneristici, viene accoppiata ad un metodo semplice ed allo stesso tempo efficace come quello degli algoritmi genetici. Tutto il lavoro presentato costituisce un contributo, seppur modesto, all'ambito di ricerca della diagnostica non invasiva, la quale si prefigge di operare il monitoraggio dello stato di salute di qualsiasi opera civile senza la necessità di intervenire con metodi di indagine che compromettano o pregiudichino l'integrità dell'opera stessa.

Capitolo 2

ALGORITMI GENETICI

2.1 Premessa

Gli Algoritmi Genetici (GAs, Genetic Algorithms) sono metodi adattativi che possono essere utilizzati per la ricerca della soluzione nei problemi di ottimizzazione. Essi sono basati sui processi analoghi a quelli genetici degli organismi biologici, ma in realtà più che di emulazione si tratta di ispirazione. Attraverso molte generazioni, le popolazioni naturali evolvono in accordo ai principi della selezione naturale e della sopravvivenza del più adatto, teoria per la prima volta enunciata chiaramente da Charles Darwin in *L'origine delle specie* [1859]. Mimando questo processo, seppure attraverso un modello molto semplificato rispetto a ciò che effettivamente avviene nei sistemi biologici naturali, gli algoritmi genetici sono capaci di ricercare soluzioni a problemi del mondo reale, a condizione che siano stati codificati in modo adatto.

I principi di base dei GAs sono stati enunciati per la prima volta da Holland, ed in seguito sono stati argomento di studio di G.Goldberg e M.Michalewicz. I GAs simulano quei processi delle popolazioni naturali che sono essenziali all'evoluzione. Stabilire tuttavia quali processi sono essenziali all'evoluzione e quali invece hanno un piccolo ruolo o nessun ruolo evolutivo dei GAs è ancora molto difficile ed è corrente oggetto di ricerca. Ciò nonostante molti fondamenti sono chiari e numerosi campi applicativi hanno beneficiato già di dei GAs.

In un modello semplificato della realtà naturale, semplificato per esempio per il fatto che non si tiene conto del complesso meccanismo sul quale si fonda l'equilibrio fra predatori e prede e quindi fra popolazioni di specie diversa, gli

individui di una popolazione competono con ogni altro della stessa per assicurarsi risorse alimentari, territoriali e di dominanza sessuale. Gli individui che hanno più successo nel raggiungere questi obiettivi, in parte per caso, ma in massima parte perché capaci di migliori prestazioni rispetto agli altri, generano un gran numero di individui discendenti.

I sistemi biologici presentano molte caratteristiche che li rendono estremamente adatti all'ambiente in cui vivono: capacità di adattamento e robustezza nella conservazione delle caratteristiche positive sono i tratti salienti di questi ultimi, ma come è noto, essi non sono il frutto di un progetto determinato a priori, ma il risultato di un processo evolutivo della durata di millenni e basato sulla riproduzione selettiva degli individui migliori. Ne *L'origine delle specie* [1859] Darwin, nel cercare di spiegare come si siano “potuti sviluppare e perfezionare tutti i finissimi adattamenti di una parte dell'organismo rispetto ad un'altra e alle condizioni di vita e di un organismo rispetto ad un altro”, introduce il concetto di lotta per la vita, grazie alla quale “qualsiasi variazione, anche se lieve, qualunque ne sia l'origine, purché risulti in qualsiasi grado utile ad un individuo appartenente a qualsiasi specie, contribuirà alla conservazione di quell'individuo e, in genere, sarà ereditata dai suoi discendenti; quindi anche i discendenti avranno migliori possibilità di sopravvivere...”; questo principio di conservazione delle variazioni favorevoli ed eliminazione di quelle sfavorevoli è alla base della selezione naturale ed ha determinato negli organismi biologici l'adattamento a nuovi ambienti e la differenziazione fra le varie specie. I meccanismi che sono alla base della selezione naturale potrebbero così essere riassunti:

- L'evoluzione naturale agisce sul materiale genetico (genotipo) di un individuo e non sulle sue caratteristiche fisiche, il fenotipo; quindi ogni variazione che rende un individuo più efficiente di un altro emerge dal patrimonio genetico ed in questo non influirà assolutamente ciò che i genitori avranno eventualmente appreso nella loro vita.
- Il processo di selezione naturale favorisce la riproduzione di quegli individui che hanno delle caratteristiche che migliorano l'adattabilità all'ambiente, eliminando attraverso una minore potenzialità riproduttiva, quelle che al contrario, risultano penalizzanti. Quindi dal punto di vista genetico, si può dire che la selezione naturale favorisce, attraverso la riproduzione degli individui migliori, quelle particolari combinazioni genetiche che dan-

no vita ad un organismo più efficiente. Ciò che viene selezionato è il genotipo di un individuo e non il suo fenotipo.

- Il nucleo centrale del processo evolutivo è costituito dai meccanismi biologici della riproduzione: infatti la variabilità generazionale di una specie (cioè le costanti e determinanti differenze che caratterizzano tutti gli individui di una specie fra di loro, lungo le varie generazioni) è determinata dalla ricombinazione genetica che avviene nel momento della riproduzione e delle piccole mutazioni casuali che possono intervenire a carico del codice genetico. Saranno questi meccanismi a stabilire differenze ed uguaglianze fra un individuo e i suoi genitori.
- L'evoluzione naturale opera su intere popolazioni di individui attraverso processi ciclici e generazionali determinati esclusivamente dalle contingenze ambientali e dalle interazioni fra i vari organismi.

Gli individui che, rispetto al perseguimento degli stessi obiettivi, offrono prestazioni inferiori, tramandano il proprio patrimonio genetico ad un limitato numero di discendenti o addirittura a nessuna progenie, visto che nella maggior parte dei casi non raggiungono la maturità sessuale e se anche adulti rimangono sconfitti nella competizione sessuale. Ne consegue che gli individui più adatti all'ambiente, diffondono il loro corredo genetico ad un numero di discendenti gradualmente crescente, attraverso successive generazioni. La affermazione, nel corso della storia evolutiva delle specie viventi, della riproduzione sessuale a dispetto di quella asessuata è una testimonianza del fatto che si può ottenere una più veloce e permanente spinta evolutiva in meccanismi riproduttivi che prevedono la combinazione dei due patrimoni genetici dei due genitori piuttosto che di uno solo. In questo caso infatti in un unico passaggio generazionale vengono messi in gioco due patrimoni distinti e le differenti caratteristiche di antenati distinti secondo un albero genealogico binario dei GAs portano gradualmente a produrre individui super-idonei, cioè altamente adatti all'ambiente nel quale vivranno e continueranno a perpetuare il continuo gioco della gara evolutiva.

Nell'analogia fra un Algoritmo Genetico con un sistema biologico, l'ambiente è costituito da un assegnato problema da risolvere (un *problema di ottimizzazione*). Gli individui della popolazione sono potenziali soluzioni del problema, inizialmente generate a caso o secondo una strategia piuttosto empirica. La pressione evolutiva che l'ambiente esercita sugli individui della popolazione

viene implementata tramite una fitness function, cioè una misura di idoneità che, assegnata ad ogni individuo, ne esprime il grado di bontà come soluzione del problema in esame.

Pure mutuati dalla biologia e mimati in opportuna forma nei GAs, sono gli operatori genetici che operano trasformazioni sugli individui, ossia incrocio e mutazione. Una intera nuova popolazione di potenziali soluzioni viene prodotta selezionando i migliori individui della generazione corrente e accoppiandoli per produrre un nuovo insieme di individui.

Le generazioni seguenti in questo modo saranno costituite, in una porzione gradualmente crescente, da individui che condividono le caratteristiche genetiche dei migliori individui apparsi nelle generazioni precedenti. Le buone caratteristiche si diffondono così su tutta la popolazione, generazione dopo generazione dei GAs venendo incrociate e scambiate con altre caratteristiche, anch'esse vincenti. Favorendo l'accoppiamento fra individui più idonei si esplorano le più promettenti aree dello spazio di ricerca (dominio in cui cadono le potenziali soluzioni del problema) e si giunge infine, se l'algoritmo è stato ben progettato, ad una soluzione ottimale.

In realtà, non c'è alcuna garanzia a priori che questa soluzione sia l'ottimo globale, a meno di non usare per tale verifica tecniche di ricerca diverse da quelle genetiche (ma ai GAs si ricorre, appunto, quando altri approcci sono poco efficaci). Presumibilmente, invece, essa sarà una soluzione che pur rappresentando un ottimo locale, ma non globale, è comunque migliore dei GAs e più velocemente raggiunta, delle soluzioni rintracciabili con altre tecniche.

Generalmente, rispetto alle altre tecniche di ricerca, gli algoritmi genetici trovano soluzioni migliori per il problema posto e riescono a farlo in tempi più brevi.

2.2 Algoritmi genetici

Gli Algoritmi Genetici (GAs) sono procedure complesse finalizzate alla risoluzione di problemi di ricerca e ottimizzazione e basate sui principi che regolano l'evoluzione naturale delle specie. Il problema che si propongono di risolvere è quindi sostanzialmente quello di cercare il punto di massimo relativo di una certa funzione. Ciò di solito non presenta particolari complicazioni nel caso questa funzione sia esplicitamente nota, ma quando questo non avviene o quando la funzione è troppo complessa per essere velocemente massimizzata con tecniche analitiche si potrebbe pensare di muoversi a caso nello spazio delle variabili fino ad esplorarlo completamente, ma ciò darebbe luogo come si può facilmente immaginare ad una procedura lunga e dispendiosa. L'idea che sta alla base dei GAs è quindi quella di selezionare le soluzioni migliori e di ricombinarle in qualche modo fra loro in maniera tale che esse evolvano verso un punto di ottimo.

Nel linguaggio dei GAs la funzione da massimizzare prende il nome di *fitness*. Non esiste un termine italiano che riesca a rendere la varietà di significati espressi da quello inglese: a seconda del contesto può significare adattamento, adattabilità, successo biologico, idoneità, competitività. Si supponga che la funzione di fitness dipenda da n variabili:

$$F = f(x_1, x_2, \dots, x_n)$$

che di solito possono prendere valori all'interno di determinati intervalli numerici.

Un set di n valori x_1, x_2, \dots, x_n con le caratteristiche sopra indicate sarà allora una possibile *soluzione*. Come qualsiasi genere di informazione essa può essere codificata ed espressa biunivocamente in codice binario¹: questa idea fu introdotta originariamente da J.Holland, il padre dei GAs. Una soluzione potrà quindi essere rappresentata mediante una successione (detta stringa) di 0 e 1, ad es. 100110101001110. Questo sistema di rappresentazione è particolarmente indicato quando si tratterà di ricombinare fra loro le diverse soluzioni, anche se

¹Il sistema di numerazione binario è basato su due cifre, 01 (bit). Ogni numero è rappresentato da una sequenza di cifre ed ogni cifra ha valore "posizionale". Es.:

$$\begin{aligned} 11110101 &= \\ &= 1 \times 2^7 + 1 \times 2^6 + 1 \times 2^5 + 1 \times 2^4 + 0 \times 2^3 + 1 \times 2^2 + 0 \times 2^1 + 1 \times 2^0 = \\ &= 1 \times 128 + 1 \times 64 + 1 \times 32 + 1 \times 16 + 0 \times 8 + 1 \times 4 + 0 \times 2 + 1 \times 1 = \\ &= 245. \end{aligned}$$

non è l'unico. Un insieme di soluzioni forma una *popolazione*. Una popolazione di m individui sarà quindi un insieme di m stringhe binarie a ciascuna delle quali è associato un valore di fitness.

Come si può notare, i GAs utilizzano un vocabolario derivante dalla genetica naturale. Continuando con l'analogia genetica, la specifica sequenza di 0 e 1 che costituiscono un individuo (soluzione) è detta *cromosoma*, fatto che potrebbe risultare fuorviante, dato che ogni cellula di un organismo appartenente ad una data specie possiede un certo numero, anche elevato, di cromosomi (ad esempio l'uomo ne possiede 46). Nella maggior parte delle applicazioni sono comunque sufficienti individui costituiti da un solo cromosoma ovvero *aploidi*, ma non mancano i casi in cui individui *diploidi* o *poliploidi* siano stati utilizzati con successo. I cromosomi sono costituiti da unità dette *geni* (o *caratteristiche* o *caratteri* o *decodificatori*) arrangiati in successione lineare; ogni gene controlla l'eredità di una o più caratteristiche. I geni relativi ad una data caratteristica sono dislocati in particolari posizioni del cromosoma, dette *loci*. Ciascuna caratteristica di un individuo può manifestarsi in modo differente, cioè un gene può trovarsi in stati differenti, detti *alleli* (valori delle caratteristiche).

L'insieme dei geni rappresentati da una stringa è detta *genotipo*. L'individuo ad essa corrispondente è detta *fenotipo*. Ogni genotipo, cioè ogni cromosoma nel caso di individui aploidi, è rappresentativo di una soluzione potenziale del problema in oggetto (il significato di un particolare cromosoma, ovvero il suo fenotipo, dipende dalla particolare implementazione dell'algoritmo); il processo evolutivo della popolazione di cromosomi corrisponde ad una ricerca nello spazio delle soluzioni potenziali. Tale ricerca richiede l'equilibrio di due finalità apparentemente in contrasto: lo sfruttamento delle soluzioni migliori e l'esplorazione dello spazio delle soluzioni. E' principalmente questa capacità di bilanciamento a distinguere gli algoritmi genetici da altre metodologie euristiche, quali lo *hillclimbing*, che sfrutta costantemente le soluzioni migliori trovate, rinunciando all'esplorazione dello spazio delle soluzioni, o la ricerca casuale, che, al contrario, esplora tale spazio senza dare alcun peso alle regioni dimostrate più promettenti. Gli algoritmi genetici effettuano una ricerca multi-direzionale mantenendo una popolazione di soluzioni potenziali e incoraggiando lo scambio di informazione tra queste. La popolazione subisce una evoluzione simulata: ad ogni generazione le soluzioni relativamente buone si riproducono, mentre quelle relativamente scadenti periscono. Per discriminare soluzioni diverse si usa una *funzione di valutazione*, o *funzione obiettivo*, che nella simulazione riveste il

ruolo dell'ambiente.

In natura gli individui si riproducono mescolando in questo modo i propri patrimoni genetici, cioè i loro cromosomi: i nuovi individui generati avranno pertanto un patrimonio genetico derivato in parte dal padre e in parte dalla madre. La selezione naturale fa sì che riescano a sopravvivere e quindi a riprodursi solo gli individui più forti, più adatti, cioè quelli con la fitness più elevata; la fitness media della popolazione tenderà quindi ad aumentare con le generazioni, portando così la specie ad evolversi nel tempo. Molto raramente può avvenire che un individuo possieda una nuova caratteristica che non era presente in nessuno dei genitori: si parla in questo caso di *mutazione genetica*. Se essa ha dato origine ad un vantaggio competitivo per l'individuo è probabile che questo si riproduca e tramandi alle generazioni successive questa nuova caratteristica, viceversa essa rimarrà un caso isolato e scomparirà in breve tempo. In maniera analoga i GAs generano una popolazione iniziale (ad esempio in modo casuale), selezionano da questa un certo numero di individui e li ricombinano fra loro in modo da dar vita ad una nuova generazione e così via finché la fitness media della specie non converge al valore dell'individuo migliore.

Di seguito verrà spiegato come questo sia realizzabile praticamente. Si supponga come in precedenza che la funzione di fitness dipenda da n parametri o variabili (geni). Nella rappresentazione binaria si assume che ogni gene sia rappresentabile con un certo numero ρ di bit. Una soluzione, cioè un individuo della specie, sarà pertanto rappresentato da una stringa di $n \times \rho$ cifre binarie alla quale è associato un valore di fitness. Le probabilità che un individuo si riproduca, cioè che venga estratto dalla popolazione per essere ricombinato con un altro sono proporzionali al suo valore di fitness. Una volta selezionati due individui i loro cromosomi vengono mischiati usando due tecniche, quella del *crossover* (CO) e quella della *mutazione*.

La più semplice tecnica di crossover è quella detta *one point crossover*: date due stringhe viene individuato un punto che separa ciascuna di esse in due parti, una testa e una coda. Il primo dei due nuovi individui generati è formato dalla testa del padre più la coda della madre, il secondo dalla coda del padre più la testa della madre (il tratto verticale | indica il punto di crossover):

	<i>genitore A</i>		<i>genitore B</i>
genitori	1010 001110		0011 010010
	<small>testa A coda A</small>		<small>testa B coda B</small>
	<i>figlio 1</i>		<i>figlio 2</i>
figli	1010 010010		0011 001110
	<small>testa A coda B</small>		<small>testa B coda A</small>

La probabilità che si verifichi il crossover è in genere abbastanza alta. Quando non si verifica i figli saranno la copia esatta dei genitori. Un'altra tecnica molto utilizzata è quella del *two points crossover*: in questo caso gli individui non sono rappresentati come stringhe lineari ma come cerchi, per cui si può sostituire una porzione di cerchio di un individuo con quella di un altro selezionando due punti. Se le porzioni da sostituire sono più di due, ad esempio n , si dovranno determinare $2n$ punti di taglio (tale tecnica è quindi detta *multi-point*).

Una terza tecnica ampiamente implementata è quella del *crossover uniforme*: per ogni coppia di genitori si genera una stringa binaria della stessa lunghezza chiamata maschera. Il figlio viene generato copiando il bit del padre o quello della madre a seconda che nella corrispondente posizione nella maschera vi sia uno 0 od un 1. Ad esempio:

maschera di crossover	1001011100
genitore 1	1010001110
genitore 2	0101010011
figlio 1	1100001111

Queste tre sono le tecniche più utilizzate, ma molte altre ne sono state suggerite e il dibattito sul quale sia la migliore è aperto. Con ogni probabilità non ne esiste una in senso assoluto, ma la più adatta è diversa a seconda del tipo di problema da risolvere.

La *mutazione* consiste invece nel cambiare ciascun bit di una stringa con una certa probabilità, tipicamente molto bassa. Così come in natura, questo fenomeno aggiunge un rumore o una certa casualità all'intera procedura, assicurando al contempo che partendo da una popolazione generata casualmente non vi siano punti dello spazio delle soluzioni che abbiano probabilità nulla di essere esplorati. Essa avviene sugli individui della nuova generazione dopo il crossover. Ad esempio:

figlio	110100101011
figlio mutuato	110100001011

I parametri principali che caratterizzano un algoritmo genetico sono quindi la *probabilità di crossover* e la *probabilità di mutazione*, oltre che la numerosità della popolazione iniziale. A priori è difficile stimare quali valori daranno le migliori performance, e l'esperienza mostra che vi è una forte dipendenza dal tipo di problema. Tipicamente però la probabilità di crossover è grande, dell'ordine del $60 \div 80\%$, mentre quella di mutazione oscilla in genere fra $0,1 \div 1\%$.

Dal momento che le probabilità che un individuo venga selezionato per la riproduzione sono proporzionali alla sua fitness (ad esempio se f è il valore di fitness di una soluzione e F la somma dei valori di fitness di tutta la popolazione, la probabilità potrebbe essere $\frac{f}{F}$) è molto probabile che gli individui migliori vengano scelti e ricombinati, e che quindi il cromosoma migliore venga perduto. Per evitare ciò e accelerare la convergenza conviene spesso far sì che l'individuo migliore di una generazione venga copiato e passi alla successiva senza subire modifiche. Tale tecnica è detta *elitismo*, e se le popolazioni sono abbastanza numerose può essere estesa a più di un individuo, imponendo cioè che i migliori n individui vengano clonati nella generazione successiva mentre per gli altri si procede nella solita maniera.

Gli algoritmi genetici operano quindi su popolazioni di cromosomi artificiali che vengono fatti riprodurre selettivamente sulla base delle prestazioni dei loro fenotipi rispetto ad un problema da risolvere; naturalmente i cromosomi artificiali dei GAs sono delle semplificazioni di ciò che è realmente il genoma di un organismo biologico, ma la logica che sta alla base li comprende entrambi. Tanto in natura quanto in ambiente artificiale il codice genetico è un tipo di codifica che permette di contenere e trasmettere in maniera semplice, ma fedele, una grande quantità di informazioni. Le lunghe sequenze nucleotidiche che formano la molecola di DNA costituiscono l'intera e sola informazione che permette ad una singola cellula di generare nel tempo quel complesso di strutture che viene identificato con il fenotipo. La funzione dei cromosomi artificiali è esattamente la stessa: infatti essi contengono l'informazione per generare un fenotipo che, nel caso degli GAs, è una proposta di soluzione ad un problema.

Un cromosoma è una semplice sequenza di simboli e ciò che è importante è il tipo di codificazione, che dipende in larga misura dal problema che si deve risolvere e quindi dal genere di risposte che ci si attende. Un tipo di codificazione molto frequente è il codice binario che permette di rappresentare il cromosoma come una stringa di lunghezza finita composta da zero e uno, ma i simboli potrebbero essere di qualsiasi genere.

La potenza degli Algoritmi Genetici viene dal fatto che hanno una tecnica robusta e possono essere usati con successo in molti campi e in problemi che altri metodi difficilmente riescono a risolvere. I GA non garantiscono di trovare una soluzione ottima per un problema, ma generalmente trovano una soluzione sufficientemente buona e in tempi sufficientemente rapidi. Dove esistono tecniche specializzate per risolvere particolari problemi queste hanno

spesso prestazioni migliori dei GAs sia in termini di accuratezza che di velocità. Il terreno migliore dei GAs sono dunque le aree dove non esistono tecniche specializzate. Dove esistono tecniche che funzionano bene, si possono avere miglioramenti ibridizzandole con i GAs.

Gli aspetti fondamentali nella messa a punto di un GA possono essere riassunti come segue:

- *Codifica*: si assume che una possibile soluzione per un problema possa essere rappresentata come un set di parametri (geni) i quali sono uniti insieme per formare una stringa di valori (cromosoma). Holland per primo ha mostrato, ed è ancora accettato da molti, che l'ideale è usare un alfabeto binario per la stringa. Per esempio, se si vuole rappresentare una funzione di tre variabili, $F(x, y, z)$, ogni variabile può essere rappresentata con un numero binario di 10 bit. Il cromosoma conterrà allora tre geni, e consisterà di 30 cifre digitali. Il fitness di un individuo dipende dalle performance del fenotipo. Questo può essere dedotto dal genotipo, cioè essere calcolato dal cromosoma, usando la funzione fitness.
- *Funzione Fitness*: per ciascun problema da risolvere deve essere costruita una specifica funzione fitness. Dato un particolare cromosoma, la funzione fitness restituisce un singolo valore numerico fitness o una figura di merito, che si suppone sia proporzionale alla utilità o abilità dell'individuo che il cromosoma rappresenta. Per molti problemi, in particolari funzioni di ottimizzazione, la funzione fitness deve misurare il valore stesso della funzione, ma non è sempre questo il caso (per esempio per ottimizzazioni combinatorie).
- *Riproduzione*: durante la fase di riproduzione di un GA, gli individui sono selezionati tra la popolazione e ricombinati, producendo la discendenza che sarà compresa nella generazione successiva. I genitori sono selezionati a caso usando uno schema che favorisce gli individui migliori. Gli individui buoni saranno probabilmente selezionati più volte per la riproduzione, mentre quelli peggiori potrebbero non essere mai scelti (concetto di riproduzione selettiva). Avendo selezionato due individui, i loro cromosomi sono ricombinati, tipicamente usando il meccanismo del crossover e la mutazione.

- *Convergenza*: se il GA è correttamente implementato, la popolazione evolverà in molte generazioni in modo che il fitness del miglior individuo e la media in ogni generazione cresca verso l'ottimo globale. La convergenza è la progressione verso la crescente uniformità. Un gene converge quando il 95% della popolazione condivide lo stesso valore. La popolazione converge quando tutti i geni convergono.
- *Esplorazione e sfruttamento*: un qualsiasi algoritmo di ottimizzazione efficiente, deve usare due tecniche per trovare il massimo globale: *esplorazione* (exploration) per esaminare nuove e sconosciute aree dello spazio di ricerca, e *sfruttamento* (exploitation) per fare uso dei punti precedentemente visitati per trovare punti migliori. Queste richieste sono contraddittorie, e un buon algoritmo di ricerca deve trovare un buon compromesso tra le due. Una ricerca puramente casuale è buona per l'esplorazione, ma non fa nessuno "sfruttamento", mentre un metodo puramente di scalata (*hillclimb*) è buono per lo sfruttamento, ma fa poca esplorazione. La combinazione di queste due tecniche può essere abbastanza efficace, ma è difficile sapere dove si trova l'equilibrio migliore.

Un algoritmo genetico per la soluzione di un particolare problema si compone (analogaente ad ogni altro programma evolutivo) di cinque parti essenziali:

- una rappresentazione genetica delle soluzioni potenziali del problema;
- un metodo per creare una popolazione iniziale potenziali soluzioni;
- una funzione di valutazione che svolge il ruolo dell'ambiente, retribuendo le soluzioni in base alla loro idoneità;
- uno o più operatori genetici che alterano la composizione dei cromosomi figli;
- un opportuno insieme di valori per i vari parametri usati dall'algoritmo genetico (dimensione della popolazione, probabilità di applicazione dei vari operatori genetici, etc.).

2.2.1 Ottimizzazione di una funzione in una variabile

Si consideri la funzione nella sola variabile x definita dalla

$$f(x) = x \sin(10\pi x) + 1.0 \quad (2.1)$$

e rappresentata in Figura (2.1).

Si supponga di voler trovare il valore di x nel range $[-1, 2]$ che massimizza la funzione f , ovvero quel valore x_0 tale che

$$f(x_0) \geq f(x) \quad \text{per ogni } x \in [-1, 2] \quad (2.2)$$

Calcolando la derivata e ponendola uguale a zero, si ottiene

$$f'(x_0) = \sin(10\pi x) + 10\pi x \cos(10\pi x) = 0$$

da cui si ricava

$$\tan(10\pi x) = -10\pi x \quad (2.3)$$

La (2.3) ha un numero infinito di soluzioni,

$$\begin{aligned} x_i &= \pm \left(\frac{2i-1}{20} \pm \epsilon_i \right) & i = \pm 1, \pm 2, \dots \\ x_i &= 0 & i = \pm \frac{1}{2} \end{aligned}$$

dove i termini ϵ_i rappresentano sequenze decrescenti di numeri reali tendenti a zero.

Si noti anche che la funzione f raggiunge il suo minimo locale per x_i se i è un numero intero dispari, ed il suo minimo locale per x_i se i è un numero intero pari. All'interno del dominio $[-1, 2]$ la funzione raggiunge il suo massimo per $x_{19} = \frac{2 \times 19 - 1}{20} + \epsilon_{19} = 1.85 + \epsilon_{19}$, da cui si deduce immediatamente che $f(x_{19}) = 1.85 \sin(18\pi + \frac{\pi}{2}) + 1.0 = 2.85$.

Nei paragrafi seguenti si cercherà di costruire un algoritmo genetico che risolva il problema discusso, ovvero che massimizzi la funzione f .

a) Rappresentazione genetica delle soluzioni potenziali del problema

Si consideri il cromosoma come un vettore binario che rappresenta un valore reale della variabile x . La lunghezza del vettore dipende dalla precisione richiesta, che, in questo esempio, viene assunta pari a sei cifre decimali.

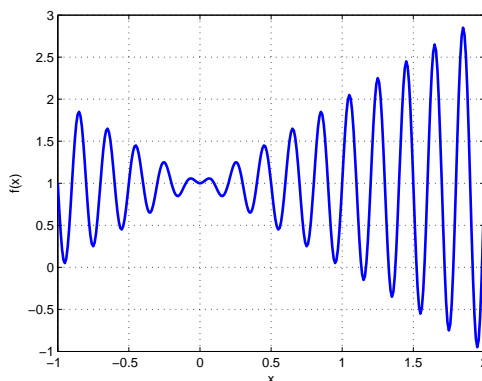


Figura 2.1: Grafico della funzione $f(x) = x \sin(10\pi x) + 1.0$

Il dominio della variabile x ha lunghezza pari a 3; la richiesta di precisione anzidetta richiede che l'intervallo $[-1, 2]$ sia suddiviso in 3×1000000 subintervalli tra loro uguali. Questo significa che il vettore binario (cromosoma) deve essere di 22 bit:

$$2097152 = 2^{21} < 3000000 \leq 2^{22} = 4194304$$

Per passare da una stringa binaria $\langle b_{21}b_{20} \dots b_0 \rangle$ ad un numero reale x nell'intervallo $[-1, 2]$ si necessita di 2 steps:

- convertire la stringa binaria $\langle b_{21}b_{20} \dots b_0 \rangle$ dalla base 2 alla base 10:

$$(\langle b_{21}b_{20} \dots b_0 \rangle)_2 = \left(\sum_{i=0}^{21} 2^i \times b_i \right)_{10} = \bar{x}$$

calcolare il corrispondente numero reale di \bar{x} :

$$x = -1.0 + \bar{x} \frac{3}{2^{22} - 1}$$

dove -1.0 è l'estremo sinistro del dominio e 3 la lunghezza dello stesso.

Per esempio, il cromosoma

$$(1000101110110101000111)$$

corrisponde al numero reale 0.637197, in quanto

$$\bar{x} = (1000101110110101000111)_2 = 2288967$$

da cui

$$x = -1.0 + 2288967 \frac{3}{4194303} \simeq 0.637197$$

I cromosomi (00000000000000000000) e (11111111111111111111) rappresentano i limiti del dominio, -1.0 e 2.0 rispettivamente. Infatti risulta:

$$\bar{x} = (00000000000000000000)_2 = 1$$

da cui

$$x = -1.0 + 1 \frac{3}{4194303} = -1.0$$

e

$$\bar{x} = (11111111111111111111)_2 = 4194303$$

da cui

$$x = -1.0 + 4194303 \frac{3}{4194303} = 2.0.$$

b) Popolazione iniziale

Il processo di inizializzazione è molto semplice: si crea una popolazione di cromosomi, dove ogni cromosoma è un vettore binario di 22 bit. Tutti i 22 bits di ogni cromosoma sono inizializzati in modo arbitrario (random).

c) Funzione di valutazione

La funzione di valutazione *eval* per il generico vettore binario v (cromosoma) è equivalente alla funzione f del corrispondente valore reale di v , cioè x :

$$eval(v) = f(x)$$

Come già discusso, la funzione di valutazione svolge il ruolo di ambiente e determina l'idoneità della soluzione. Per esempio, i 3 cromosomi

$$v_1 = (1000101110110101000111)$$

$$v_2 = (0000001110000000010000)$$

$$v_3 = (1110000000111111000101)$$

corrispondono ai valori $x_1 = 0.637197$, $x_2 = -0.958973$, $x_3 = 1.627888$ rispettivamente. Conseguentemente, la funzione di valutazione fornisce

$$\begin{aligned} eval(v_1) &= f(x_1) = 1.586345 \\ eval(v_2) &= f(x_2) = 0.078878 \\ eval(v_3) &= f(x_3) = 2.250650 \end{aligned}$$

Chiaramente, il cromosoma v_3 è il migliore dei tre cromosomi, in quanto la sua valutazione nella ricerca del massimo della funzione restituisce il valore maggiore.

d) Operatori genetici

Durante la fase di alterazione dell'algoritmo genetico si decide di utilizzare i due classici operatori genetici: la mutazione ed il crossover. Come già precedentemente menzionato, la mutazione altera uno o più geni (posizioni nel cromosoma) con una probabilità pari al tasso di mutazione. Si assuma che il quinto gene del cromosoma v_3 sia selezionato per una mutazione. Poichè il quinto gene è uno 0, esso viene cambiato in un 1. In questo modo, a seguito della mutazione, il cromosoma v_3 diviene

$$v'_3 = (1110100000111111000101)$$

Questo cromosoma rappresenta il valore $\bar{x}_3 = 1.721638$ e $f(\bar{x}_3) = -0.082257$. Ciò significa che questa particolare mutazione non induce significativi cambiamenti al valore del cromosoma v_3 . Se invece si opera una mutazione del decimo gene del cromosoma v_3

$$v''_3 = (1110000001111111000101)$$

il corrispondente valore $\bar{x}_3 = 1.630818$ e, siccome $f(\bar{x}_3) = 2.343555$ risulta maggiore del valore iniziale $f(\bar{x}_3) = 2.250650$, la mutazione ha prodotto, in questo caso, un miglioramento.

Si passa ora ad esaminare l'operatore di crossover (del tipo one-point) sui cromosomi v_2 (padre) e v_3 (madre). Si assuma che il punto di crossover sia localizzato (in maniera random) dopo il quinto gene:

$$v'_2 = (00000 \mid 01110000000010000)$$

$$v'_3 = (11100 \mid 00000111111000101)$$

per cui, sostituendo reciprocamente le code del padre e della madre, si ottengono i seguenti discendenti:

$$v'_2 = (00000 \mid 00000111111000101)$$

$$v'_3 = (11100 \sim 01110000000010000)$$

che, valutati, forniscono i seguenti valori:

$$eval(v'_2) = f(-0.998113) = 0.940865$$

$$eval(v'_3) = f(1.666028) = 2.459245$$

Si noti che il secondo discendente ha una valutazione migliore di entrambi i suoi genitori v_2 e v_3 .

e) Parametri

Per questo esempio vengono considerati i seguenti parametri: dimensione della popolazione pari $pop-size = 50$, probabilità di crossover $p_c = 0.25$, probabilità di mutazione $p_m = 0.01$.

f) Risultati sperimentali

Vengono di seguito riportati i risultati ottenuti da Z. Michalewicz e già esposti nel suo testo (dal quale è stato tratto l'esempio) [1]. Vengono riportati il numero delle generazioni per le quali sono stati osservati dei miglioramenti della valutazione ed il valore della valutazione stessa:

Generazione	Valutazione
1	1.441942
6	2.250003
8	2.250283
9	2.250284
10	2.250363
12	2.328077
39	2.344251
40	2.345087
51	2.738930
99	2.849246
137	2.850217
145	2.850227

Il miglior cromosoma, ottenuto dopo 145 generazioni, risulta

$$v_{\max} = (1111001101000100000101)$$

corrispondente al valore $x_{\max} = 1.850773$. Come da aspettative, si ha $x_{\max} = 1.850773$ e $f(x_{\max})$ risulta leggermente superiore di 2.85.

2.2.2 Confronto con altre tecniche di ricerca

Oltre ai GAs molte altre tecniche sono state proposte per problemi di ricerca e ottimizzazione. Come i GA assumono che il problema sia definito da una funzione di fitness, che deve essere massimizzata o minimizzata. Ci sono ottime tecniche di ottimizzazione, alcune delle quali sono applicabili solo a domini limitati, come ad esempio la programmazione dinamica, che è applicabile solo dove la funzione fitness è la somma delle funzioni fitness calcolate ad ogni fase del problema e non c'è interazione tra le varie fasi. Di seguito vengono riportati gli aspetti salienti di alcune di queste tecniche.

Ricerca Casuale: l'approccio con la forza bruta per funzioni complicate è una ricerca casuale o enumerata. I punti nello spazio di ricerca sono scelti a caso o in qualche maniera sistematica e il loro valore calcolato. E' un metodo poco intelligente e di solito viene evitato.

Metodo del gradiente: sono stati inventati diversi metodi che funzionano bene per l'ottimizzazione di funzioni continue che si basano sull'uso delle informazioni sul gradiente della funzione per guidare la direzione della ricerca. Se però la derivata della funzione non può essere calcolata, per esempio perché la funzione è discontinua, spesso falliscono. Questi metodi sono generalmente detti *hillclimb* (scalata). Funzionano bene con funzioni che hanno un solo picco (unimodali), ma per funzioni con molti picchi (multimodali), possono convergere a massimi o minimi locali.

Ricerca Iterata: i metodi della ricerca casuale e quello del gradiente possono essere combinati per avere una scalata iterata. Una volta che un picco è stato trovato, la scalata inizia nuovamente da un altro punto scelto a caso. La tecnica ha il vantaggio della semplicità e dà buoni risultati con funzioni che non abbiano molti massimi locali. Comunque, poiché ogni prova è fatta isolatamente, non si ottiene una figura complessiva della forma del dominio. Mentre la ricerca casuale progredisce, si continuano ad allocare lo stesso numero di prove sia in regioni dove sono stati trovati alti valori di fitness, sia in regioni con basso fitness. Un GA, invece, inizia con una popolazione iniziale casuale, e assegna via via maggiori tentativi alle regioni con più alto fitness. Questo è uno svantaggio se il massimo si trova in una piccola regione circondata su tutti i lati da regioni con basso fitness, tuttavia tale tipologia di funzione è difficile da ottimizzare con qualsiasi metodo, e in questo caso si predilige il metodo della ricerca iterata per la sua semplicità.

Simulated Annealing (temperatura simulata): questa tecnica è stata inventata da Kirkpatrick nel 1982 ed è sostanzialmente una versione modificata dell'hillclimbing. Iniziando da un punto scelto a caso nel dominio, viene fatto un movimento casuale. Se il movimento porta a un punto più alto allora è accettato, se invece porta a un valore più basso è accettato con probabilità $p(t)$, dove t è il tempo. All'inizio $p(t)$ è vicino al valore 1, ma gradualmente tende a zero. Inizialmente ogni movimento viene accettato, ma la temperatura si riduce e la probabilità di accettare un movimento negativo diminuisce. A volte movimenti negativi sono necessari per evitare massimi locali, ma se sono troppi possono allontanare dal massimo. Comunque la tecnica della ricerca casuale lavora con solo una soluzione candidata per volta e perciò non costruisce una figura complessiva dello spazio di ricerca, non venendo in tal modo salvate le informazioni dai precedenti movimenti per essere guidati verso la soluzione.

2.3 Passi fondamentali di un algoritmo genetico per un problema di ottimizzazione parametrica

In questo paragrafo verranno descritti i passi di un algoritmo genetico per un problema di ottimizzazione parametrica. Si considererà, senza alcuna perdita di generalità del metodo, solamente un problema di massimizzazione. Se il problema di ottimizzazione è quello relativo alla minimizzazione di una funzione f , basta notare solamente che esso equivale ad un problema di massimizzazione della funzione $g = -f$:

$$\min f(x) = \max g(x) = \max \{-f(x)\}$$

Si supponga che la funzione obiettivo assuma valori positivi nel suo dominio; in caso contrario, si può aggiungere una qualche costante positiva C , ottenendo in tal modo

$$\max g(x) = \max \{g(x) + C\}$$

Si supponga ora di dover massimizzare una funzione:

$$f(x_1, \dots, x_k) : R^k \longrightarrow R$$

di k variabili. Si supponga che ogni variabile x_i assuma valori dal dominio $D_i = [a_i, b_i] \subseteq R$ e che $f(x_1, \dots, x_k) > 0 \forall x_i \in D_i$. Si sceglie di ottimizzare la funzione f con una certa precisione imposta a priori: ad esempio, sei cifre decimali. Chiaramente, tale richiesta implica il fatto che il dominio D_i sia suddiviso in $(b_i - a_i) \times 10^6$ parti uguali. Si indichi ora con m_i il più piccolo numero intero tale che $(b_i - a_i) \times 10^6 \leq 2^{m_i} - 1$: in questo modo, una rappresentazione avente ogni variabile x_i espressa in una stringa binaria di lunghezza m_i soddisfa la precisione richiesta.

Ogni numero reale rappresentato dalla variabile x_i può essere calcolato a partire dalla sua stringa (convertita dalla base 2 alla base 10) utilizzando la seguente equazione:

$$x_i = a_i + decimal(1001 \dots 001_2) \frac{b_i - a_i}{2^{m_i} - 1}$$

dove $decimal(string_2)$ rappresenta il valore decimale della stringa binaria.

Ora, ogni cromosoma (cioè ogni potenziale soluzione) è rappresentato da una stringa binaria di lunghezza $m = \sum_{i=1}^k m_i$. Per inizializzare una popolazione, si può semplicemente settare un certo numero di cromosomi, scelti in maniera casuale, che costituisce la numerosità della popolazione, *pop - size*. Il resto dell'algoritmo è semplice: in ogni generazione ogni cromosoma viene valutato (utilizzando la funzione f), si seleziona una nuova popolazione basandosi sulla probabilità di distribuzione calcolata in base ai valori di fitness e si alterano i cromosomi, formando una nuova popolazione, attraverso i processi di mutazione e crossover. Dopo qualche numero di generazioni, quando non sono più osservabili significativi miglioramenti, il miglior cromosoma viene a rappresentare una soluzione ottimale (possibilmente in termini globali). Pertanto, anche il numero di iterazioni dell'algoritmo deve essere fissato a priori: la scelta generalmente dipende dalle risorse computazionali disponibili.

Per il procedimento di selezione (selezione della popolazione in termini nel rispetto della distribuzione di probabilità basata sui valori di fitness) viene utilizzata quella che prende anche il nome di ruota della fortuna truccata (roulette wheel), nella quale ogni fetta rappresenta un individuo cui è associata una certa fitness. La roulette wheel può essere costruita facendo riferimento ai seguenti passaggi:

- si calcola il valore di fitness $eval(v_i)$ per ogni cromosoma v_i , con $i = 1, 2, \dots, pop - size$;
- si trova la fitness totale dell'intera popolazione:

$$F = \sum_{i=1}^{pop-size} eval(v_i);$$

- si calcola la probabilità di selezione p_i di ogni cromosoma v_i :

$$p_i = \frac{eval(v_i)}{F};$$

- si calcola la probabilità cumulativa q_i per ogni cromosoma v_i , con $i = 1, 2, \dots, pop - size$:

$$q_i = \sum_{j=1}^i p_j.$$

Il procedimento di selezione è basato su un numero di giri della roulette wheel pari a *pop - size* volte; ogni volta si sceglie un singolo cromosoma per la popolazione nella seguente maniera:

- si genera un numero casuale r compreso nel range $[0, 1]$;
- se $r < q_1$ si sceglie il primo cromosoma (v_1); altrimenti si sceglie l' i -esimo cromosoma v_i ($2 \leq i \leq pop - size$) tale che risulti verificata la $q_{i-1} < r \leq q_i$.

Ovviamente, ogni cromosoma può essere selezionato più di una volta: i migliori cromosomi (*elite members*) vengono copiati, quelli di media categoria rimangono mentre i peggiori vengono scartati.

Ora è possibile passare all'operatore di crossover per ogni elemento della popolazione. Come già menzionato nei precedenti paragrafi, uno dei parametri di un sistema genetico è la *probabilità di crossover* p_c . Questa probabilità fornisce il numero atteso $p_c \times pop - size$ di cromosomi che saranno sottoposti all'operazione di crossover. Si procede nel seguente modo:

- si genera un numero casuale r compreso nel range $[0, 1]$;
- se $r < p_c$ si seleziona il cromosoma per il crossover.

Ora si accoppiano in modo casuale i cromosomi selezionati: per ogni paio di cromosomi accoppiati si genera un numero casuale pos intero compreso nel range $[1, \dots, m - 1]$, dove m è la lunghezza totale (cioè il numero di bit) del cromosoma. Il numero pos indica la posizione del punto di crossover. Due cromosomi

$$(b_1 b_2 \dots b_{pos} b_{pos+1} \dots b_m)$$
$$(b_1 b_2 \dots c_{pos} c_{pos+1} \dots c_m)$$

vengono rimpiazzati dai loro figli

$$(b_1 b_2 \dots b_{pos} c_{pos+1} \dots c_m)$$
$$(b_1 b_2 \dots c_{pos} b_{pos+1} \dots b_m)$$

Il prossimo operatore, la mutazione, è eseguito sul singolo bit. Un'altro parametro dei sistemi genetici è la già menzionata *probabilità di mutazione* p_m , che fornisce il numero di bit mutati $p_m \times m \times pop - size$. Ogni bit di ogni cromosoma dell'intera popolazione ha la stessa probabilità agli altri di essere mutato, ovvero di cambiare da 0 a 1 o viceversa. Per ogni cromosoma della popolazione corrente e per ogni bit del cromosoma stesso:

- si genera un numero casuale r compreso nel range $[0, 1]$;
- se $r < p_m$ si muta il bit.

Seguendo la selezione, il crossover e la mutazione, la nuova popolazione è pronta per la successiva valutazione. Questa valutazione è utilizzata per costruire la distribuzione di probabilità (per il successivo processo di selezione) e quindi per la realizzazione della roulette wheel nella quale ogni fetta è proporzionale ai correnti valori fitness. Il resto dell'evoluzione è solamente una ripetizione del ciclo sopra descritto.

Per maggiore chiarezza, un esempio esaustivo è riportato nel testo di Z. Michalewicz [1].

2.4 Tipologie di encoding: binario e a virgola mobile

Nelle applicazioni dei GAs possono presentarsi alcuni tipi di problemi per i quali la soluzione ottimale deve essere ricercata con una certa prefissata precisione. Una implicazione di questi problemi è la convergenza prematura della intera popolazione verso un ottimo (minimo o massimo della funzione obiettivo) non globale; altre conseguenze includono la difficoltà nella realizzazione di un tuning ottimale e l'incapacità di operare in presenza di vincoli non banali del problema.

L'encoding binario tradizionalmente utilizzato negli algoritmi genetici, cioè il modo in cui i GAs scrivono i geni del cromosoma, presenta alcuni problemi quando applicato a problemi multidimensionali per i quali si richiede una elevata precisione. Per esempio, per un problema a 100 variabili con un dominio compreso nell'intervallo $[-500, 500]$ in cui è richiesta una precisione di sei cifre decimali, la lunghezza del vettore cromosoma binario rappresentante la possibile soluzione del problema è di 3000. Questo genera a sua volta uno spazio di ricerca di circa 10^{1000} e quindi è evidente che per questi tipi di problemi gli algoritmi genetici risultano poco performanti. L'alfabeto binario offre il massimo numero di schemi per bit per ogni tipo di codice e per tale motivo questo tipo di rappresentazione ha dominato la ricerca nel campo dei GAs. Inoltre questo tipo di codifica facilita anche la ricerca teorica e, non da ultimo, fornisce anche una elegante rappresentazione degli operatori genetici.

Fino ad ora si è visto solamente l'encoding binario, ma ne esistono comunque di diversi tipi. L'altro metodo più usato è la codifica a virgola mobile.

- *Encoding Binario*. Nella codifica binaria ogni elemento (gene) del vettore cromosoma è codificato utilizzando lo stesso numero di bit. La precisione di questo tipo di approccio dipende (per una fissata dimensione del dominio) dal numero di bit utilizzati, pari a $\frac{UB-LB}{(2^n-1)}$, dove UB e LB rappresentano, rispettivamente, i limiti del dominio ed n è il numero di bit per ogni elemento de cromosoma.
- *Encoding a virgola mobile (floating point)*²:. In questo tipo di implemen-

²La rappresentazione in virgola mobile è la rappresentazione scientifica normalizzata con l'utilizzo del sistema binario; dunque il fattore di scala è una potenza di 2. La parte frazionaria viene detta *mantissa* mentre l'esponente della potenza di due è detto *esponente*. Il numero razionale è dunque così rappresentato: $\text{mantissa} \times 2^{\text{esponente}}$. Ad

tazione ogni vettore cromosoma è codificato come un vettore di numeri a virgola mobile, della stessa lunghezza del vettore soluzione. Ogni elemento viene forzato a rimanere nel range prescelto e gli operatori genetici progettati appositamente per mantenere questa prerogativa. La precisione di questo tipo di approccio dipende dalla precisione di macchina, ma in generale risulta migliore rispetto all'encoding binario. Ovviamente, è possibile estendere la precisione della rappresentazione binaria introducendo più bit, ma questo porta ad un inesorabile rallentamento dell'algoritmo. In più, la rappresentazione a virgola mobile è in grado di rappresentare domini molto estesi (utile soprattutto quando il dominio ha uno o entrambi gli estremi illimitati).

Si può concludere osservando che se nella rappresentazione binaria si sacrifica la precisione per ogni aumento della dimensione del dominio per una fissata lunghezza binaria, nella rappresentazione a virgola mobile è più facile progettare speciali tools per manipolare vincoli del problema di tipo complesso.

esempio, con le stesse 6 cifre è possibile destinarne parte alla mantissa e parte all'esponente:

$$\pm,99999E9 = \pm999.990.000$$

$$\pm,00001E-9 = \pm0,0000000000001$$

Nonostante l'alto numero di cifre adottate, l'errore di troncamento fa sì che il risultato non sia mai esatto, soprattutto se le operazioni sono molte e complesse (trascendenti).

2.5 Ottimizzazione di una funzione ad n variabili utilizzando MatLab

Ovviamente, per quanto visto finora, un approccio manuale ad un problema di ottimizzazione (leggasi minimizzazione o massimizzazione di una funzione) può risultare computazionalmente proibitivo quandanche la funzione da ottimizzare sia ad una sola variabile. Per tale motivo, l'implementazione dell'algoritmo in un codice di calcolo risulta quantomeno necessaria per poter affrontare, come si vedrà nei capitoli successivi, problemi di grosse dimensioni. Il software MatLab[®] possiede già un tool interno, che verrà ripreso e brevemente analizzato nei suoi aspetti salienti in questo paragrafo.

La sintassi generale con cui si richiama un algoritmo generico in ambiente MatLab è:

$$[x, fval, reason] = \text{ga}(\text{fitnessfcn}, nvars, A, b, Aeq, beq, LB, UB, nonlcon, options)$$

La funzione di fitness, `fitnessfcn`, è rappresentata da un vettore di dimensioni $1 \times nvars$ e restituisce uno scalare x il cui valore rappresenta la miglior valutazione della fitness ottenuta dall'algoritmo nel corso dell'intera procedura. Se il problema è n -dimensionale ed ha m vincoli rappresentati da altrettante disuguaglianze lineari, A è una matrice di dimensioni $m \times n$ e b è un vettore colonna di lunghezza m tali che $A*x \leq b$. Se il problema non include nessun tipo di vincolo di disuguaglianza, è sufficiente settare $A=[]$ e $b=[]$. In maniera analoga, se gli m vincoli imposti sono di uguaglianza, allora Aeq rappresenta una matrice di dimensioni $m \times n$ e beq è un vettore colonna di lunghezza m tali che $Aeq*x=beq$. Anche in questo caso, se nel problema non sussistono vincoli di uguaglianza, è necessario settare $Aeq=[]$ e $beq=[]$. Se si cerca la soluzione x all'interno di un certo intervallo, i limiti inferiore e superiore di tale intervallo vengono implementati nei vettori LB e UB rispettivamente. Se non l'intervallo è indefinito è sufficiente settare $LB=[]$ e $UB=[]$. Se invece la variabile $x(i)$ è inferiormente non limitata l'elemento di LB corrispondente deve essere settato come $LB(i)=-inf$; in maniera analoga si procede per l' i -esimo elemento di UB nel caso la variabile corrispondente sia superiormente non limitata. la function `nonlcon` restituisce i vettori C e Ceq , rappresentati rispettivamente le disuguaglianze non lineari e lineari del problema dato il vettore x in entrata. `ga` minimizza `fitnessfcn` in maniera tale che $C(x) \leq 0$ e $Ceq(x)=0$.

Infine, la function `options` consente di cambiare i parametri di ottimizzazione di default, rimpiazzandoli da quelli scelti dall'utente crati utilizzando la function `gaoptimset`. Per maggiori dettagli su quest'ultima funzionalità si rimanda alla funzione `help` del software.

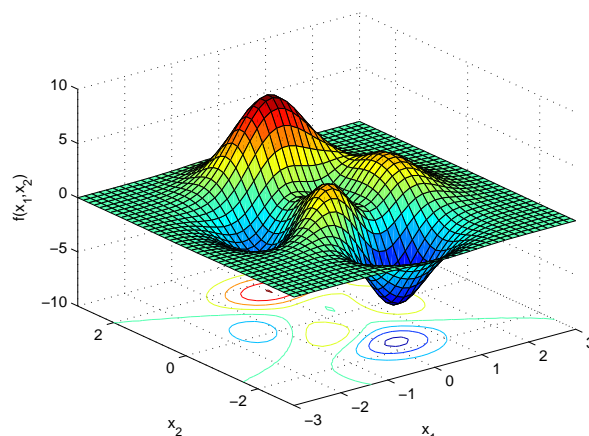


Figura 2.2: Grafico della funzione $f(x_1, x_2)$

A titolo di esempio, si consideri la funzione nelle due variabili x_1 e x_2 graficata in Figura 2.2 e rappresentata dalla

$$\begin{aligned}
 f(x_1, x_2) = & 3(1 - x_1)^2 \exp[-x_1^2 - (x_2 + 1)^2] + \\
 & -10 \left(\frac{x_1}{5} - x_1^3 - x_2^5 \right) \exp(-x_1^2 - x_2^2) + \\
 & -\frac{1}{3} \exp[-(x_1 + 1)^2 - x_2^2]
 \end{aligned}$$

e per essa si consideri un problema di massimizzazione nell'intervallo

$$\begin{bmatrix} -3 \\ -3 \end{bmatrix} \leq \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \end{bmatrix} \leq \begin{bmatrix} 3 \\ 3 \end{bmatrix}$$

Dovendosi risolvere un problema di ricerca del massimo ed essendo `ga` una funzione per la ricerca del minimo, sarà sufficiente implementare in essa la funzione $g(x_1, x_2) = -f(x_1, x_2)$ in modo tale che risulti $\max\{f(x_1, x_2)\} = \min\{g(x_1, x_2)\} = \min\{-f(x_1, x_2)\}$. Non essendoci alcuna condizione di vincolo, il problema può essere facilmente implementato utilizzando lo script riportato:

Algoritmi genetici

```
%%% SETTAGGI GLOBALI %%%
nvars = 2;
A = [];
b = [];
Aeq = [];
beq = [];
LB = [-3 -3];
UB = [3 3];
nonlcon = [];
options = gaoptimset(...
    'InitialPopulation',rand(1,2), ...
    'PopulationSize',20,...
    'PlotFcns',[@gaplotbestf ...
                @gaplotbestindiv ...
                @gaplotscores ...
                @gaplotstopping],...
    'StallGenLimit',200,...
    'StallTimeLimit',60*60,...
    'Generations',250);
%%% FUNZIONE FITNESS %%%
g = @(x) -(3*(1-x(1)).^2.*exp(-(x(1).^2)-(x(2)+1).^2) ...
    -10*(x(1)/5 - x(1).^3-x(2).^5).*exp(-x(1).^2-x(2).^2) ...
    -1/3*exp(-(x(1)+1).^2-x(2).^2));
%%% TROVA IL min DI g (max DI f) CON ga %%%
[x, fval, exitflag] = ga(g,nvars,A,b,Aeq,beq,...
    LB,UB,nonlcon,options)
```

che, una volta lanciato, fornisce i parametri: $x = [-0.0093 \ 1.5813]$ ed il corrispondente valore della funzione di fitness: $fval = -8.1062$ (Fitness 1), osservabili in Figura 2.3.

Se si desidera circoscrivere la ricerca su un dato intervallo di valori, ad esempio

$$\begin{bmatrix} -1 \\ -1 \end{bmatrix} \leq \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \end{bmatrix} \leq \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

risettando i vettori $LB = [-1 \ -1]$ e $UB = [0 \ 0]$ il codice fornisce $x = [-0.4600 \ -0.6292]$ e $fval = -3.7766$, indicato (a meno del segno) in Figura 2.3 con Fitness 2.

A conclusione dell'esempio, si cerca il massimo della funzione ed i valori dei parametri ad esso corrispondente in corrispondenza del terzo dei tre picchi ben distinguibili in Figura 2.2 (i primi due sono stati già localizzati). Ancora una volta, osservando che il picco si trova all'interno dell'intervallo $([0.5 \ 2.0], [-1.0 \ 1.0])$ e che quindi si ha

$$\begin{bmatrix} 0.5 \\ -1 \end{bmatrix} \leq \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \end{bmatrix} \leq \begin{bmatrix} 2 \\ 1 \end{bmatrix}$$

settando $LB = [0.5 \ -1]$ e $UB = [2 \ 1]$ il codice restituisce i valori dei parametri $x = [1.2857 \ -0.0048]$ e il massimo (valore di fitness) ad essi corrispondente, $fval = -3.5925$ (indicato, a meno del segno, con Fitness 3) in Figura 2.3).

È da notare che l'algoritmo non sempre riesce a trovare il massimo globale, ma può accadere che la soluzione trovata afferisca ad un massimo locale: in genere questa evenienza, che di fatto non può mai essere del tutto evitata, può comunque essere limitata mediante un accurato settaggio dei parametri fondamentali (tipo di encoding, tipo di crossover, tipo e distribuzione di probabilità della mutazione, ecc.). Molto spesso questi ultimi dipendono dal tipo e dalla natura di problema che si sta trattando e pertanto il tuning ottimale viene generalmente raggiunto dopo alcune prove.

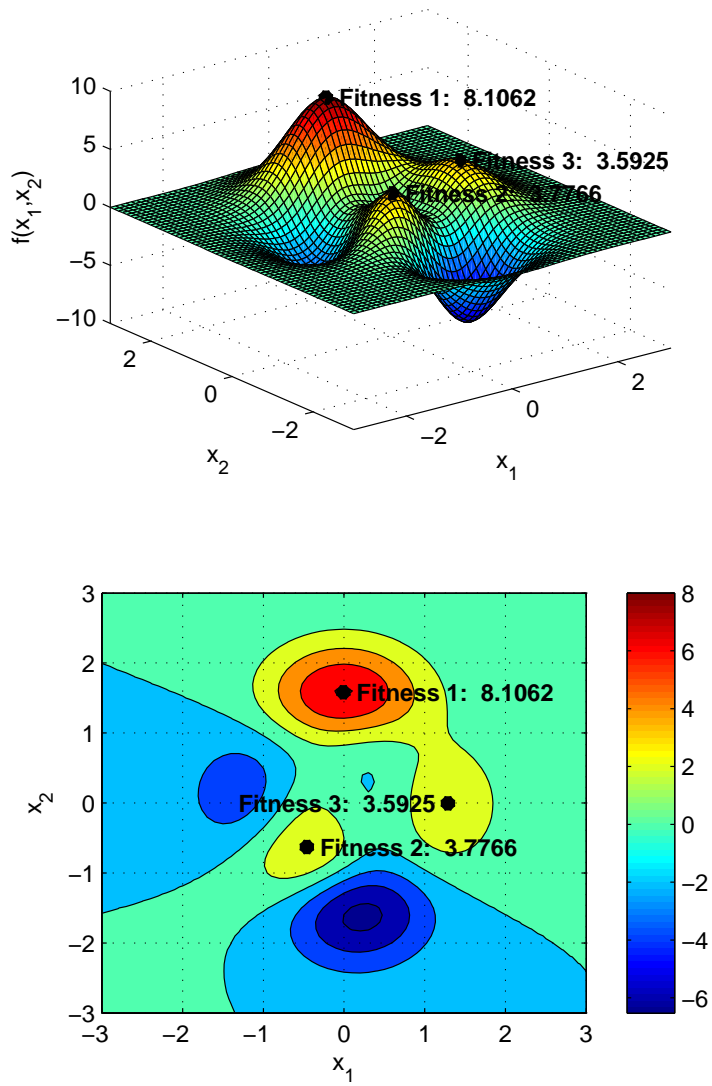


Figura 2.3: Grafici della funzione $f(x_1, x_2)$ e valore di fitness massimi calcolati

Capitolo 3

IDENTIFICAZIONE DI DANNEGGIAMENTI IN STRUTTURE PIANE MEDIANTE METODI DINAMICI

3.1 Introduzione

L'identificazione di danni strutturali a partire da misure di vibrazione è stata oggetto di una vasta ricerca durante gli ultimi 30-40 anni e recentemente è diventata parte integrante del campo del monitoraggio e della diagnostica delle strutture (SHM - *Structural Health Monitoring*). Fin dall'inizio si è pensato che il modo migliore per identificare eventuali danneggiamenti una struttura fosse quello di monitorarne le variazioni delle frequenze naturali durante la sua vita utile e, successivamente, operare mediante l'analisi modale, che costituisce tutt'ora il principale veicolo per l'identificazione di danni strutturali basati su misure e prove di tipo dinamico.

La presenza di danni strutturali comporta infatti una modifica dei principali parametri dinamici della struttura, vale a dire i modi di vibrare e le frequenze di

risonanza. Questi parametri dipendono solamente dalle caratteristiche meccaniche della struttura e non dal tipo di eccitazione ad essa applicata. La variazione dei parametri modali è fortemente legata alla natura del danneggiamento, alla sua posizione nella struttura ed ovviamente alla sua entità. Questi parametri possono essere facilmente ottenuti da misure di risposta in vibrazione effettuate in situ sulla struttura o in laboratorio su modelli sperimentali. Le risposte della struttura vengono acquisite da appositi sensori che rilevano le accelerazioni (traslazionali ed angolari) del punto in cui sono applicati; dopodichè, vengono applicati alla struttura degli input di modesta entità (ad esempio mediante vibrodina) e si registra la risposta (output) della struttura nei vari punti in cui sono localizzati i sensori. In questo modo, e ciò costituisce uno degli aspetti più importanti di questo tipo di ricerche, è possibile monitorare il comportamento della struttura in maniera non invasiva e non distruttiva.

Il metodo di identificazione di danni strutturali più utilizzato è sicuramente quello che si basa sulla variazione delle frequenze di risonanza della struttura, le quali possono essere ottenute sperimentalmente fino all'ordine della quarta o quinta frequenza. Molti autori e ricercatori hanno dimostrato che per avere un livello di confidenza alto nell'identificazione del danno, quest'ultimo deve produrre un cambiamento nella prima frequenza naturale di circa il 5%, anche se spesso possono verificarsi casi in cui cambiamenti significativi di frequenza non implicano a loro volta l'esistenza di un danno strutturale di rilevante entità.

Può accadere però che un danneggiamento sia localizzato nelle vicinanze di un nodo modale, ovvero di un punto in cui le tensioni nell'elemento sono minime per un particolare modo di vibrare. In questo caso, un piccolo cambiamento in una particolare frequenza potrebbe significare la presenza di un danneggiamento nelle vicinanze di un nodo modale. Le maggiori limitazioni del metodo dell'analisi modali derivano dalle seguenti osservazioni:

- Le misure sperimentali delle frequenze e dei modi naturali sono quasi sempre affette da errori che influenzano i risultati dei test numerici effettuati a posteriori. Inoltre, come già accennato, è possibile ottenere con esattezza solo un numero limitato di frequenze, generalmente le prime quattro o cinque;
- la perdita di rigidità di un elemento a seguito di un danneggiamento si riflette maggiormente sulle derivate spaziali dei modi di vibrare più che sui modi stessi, e le differenziazioni numeriche introducono a loro volta

degli errori che rendono difficile la localizzazione e la quantificazione del danno.

A fronte di tali limitazioni, l'analisi modale ha perso gradualmente importanza negli ultimi tempi e nuove tecniche di identificazione sono quindi emerse. Una di queste è quella basata sulle misure di spostamento, velocità o accelerazione di una struttura sottoposta ad una forzante armonica. Kokot e Zembaty hanno dimostrato in alcuni loro recenti articoli [7, 8] la flessibilità di questo metodo che, unito a tecniche di ottimizzazione basate sugli algoritmi genetici unite e sui metodi ai minimi quadrati, consente di identificare danneggiamenti multipli (in termini di rigidità residue degli elementi) con ottima approssimazione. In particolare, in aggiunta alle classiche misure di accelerazione trasversale, essi hanno dimostrato che l'introduzione delle misure di accelerazione angolare consente un significativo miglioramento nella qualità dei risultati ottenuti.

Detto questo, va comunque ricordato che la non unicità della soluzione dei problemi inversi rende molto difficile la ricostruzione dei parametri di rigidità effettivi della struttura per ogni possibile scenario di danneggiamento, per cui una qualsiasi tecnica numerica di identificazione deve essere validata sulla base dei risultati e delle osservazioni ricavate dall'analisi in situ o eventualmente da prove eseguite in laboratorio.

In questo capitolo dopo una esposizione iniziale del metodo agli elementi finiti applicato alla descrizione di problemi dinamici che coinvolgono strutture 2D costituite da elementi monodimensionali, verrà esposto un procedimento di identificazione delle rigidità residue, basato sull'analisi della risposta di strutture soggette a forzanti armoniche. Nel metodo esposto si farà uso degli algoritmi genetici per la risoluzione del problema di minimizzazione degli scarti tra le misure di accelerazione effettuate in situ e quelle fornite dal modello agli elementi finiti. Il fine dell'identificazione è quello di individuare la percentuale di rigidità residua di ogni elemento che compone la struttura, in maniera tale da poter stabilire la presenza o meno di possibili danneggiamenti.

3.2 Formulazione discreta delle equazioni del moto di un sistema strutturale

Le equazioni del moto del sistema possono essere ricavate utilizzando il principio di Hamilton. Secondo tale principio, l'effettivo moto del sistema rende minimo il funzionale di Hamilton nella classe dei moti sincroni variati tra specificate e realizzabili condizioni iniziali e finali agli istanti t_1 e t_2 . Dovrà pertanto risultare

$$\delta H = \int_{t_1}^{t_2} (\delta T - \delta \Phi + \delta W) dt = 0 \quad (3.1)$$

dove δT rappresenta il termine di variazione prima dell'energia cinetica del sistema, $\delta \Phi$ è il termine di variazione prima dell'energia potenziale elastica e δW rappresenta il termine di variazione prima dei carichi esterni di tipo conservativo e non conservativo: Nei prossimi due paragrafi tale formulazione viene utilizzata per dedurre le matrici di massa, smorzamento e rigidezza elastica ed i vettori dei carichi nodali equivalenti per gli elementi monodimensionali asta e trave alla Timoshenko, che verranno poi utilizzati nelle analisi di identificazione delle rigidezze residue basate su misurazioni di tipo dinamico. Tutte le matrici menzionate possono essere dedotte seguendo la procedura classica della formulazione agli elementi finiti. Tale procedura si compone delle seguenti fasi:

- identificazione e descrizione l'elemento;
- scelta di una opportuna funzione di forma che approssimi il campo degli spostamenti per ogni punto dell'elemento;
- scrittura del campo degli spostamenti dell'elemento in funzione degli spostamenti nodali;
- deduzione delle matrici di massa, smorzamento e rigidezza e del vettore dei carichi esterni utilizzando la (3.1).

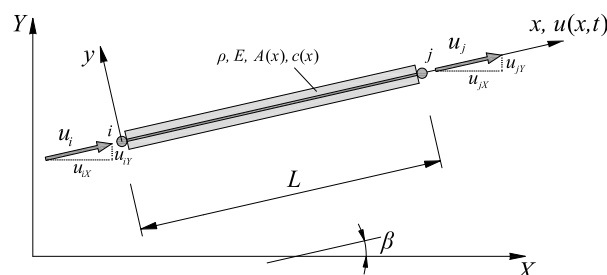


Figura 3.1: Elemento asta

3.2.1 Matrici di massa, rigidezza e smorzamento dell'elemento asta

L'elemento che si considera è quello indicato in Figura 3.1. Il sistema di riferimento globale è costituito dagli assi X e Y , mentre il sistema di riferimento locale dell'elemento è costituito dagli assi x e y .

Per ciascun dei punti dell'asta il campo degli spostamenti è descritto dal solo spostamento u lungo l'asse dell'asta. Per ciascuno dei due nodi si ha un solo spostamento nodale u_k e pertanto il vettore degli spostamenti nodali ha le due seguenti componenti

$$\mathbf{q} = \begin{Bmatrix} u_i \\ u_j \end{Bmatrix} \quad (3.2)$$

Per descrivere il campo degli spostamenti assiali u si sceglie un polinomio di primo grado in x

$$u(x) = \alpha_1 + \alpha_2 x \quad (3.3)$$

dove il coefficiente α_1 permette di descrivere correttamente un moto di traslazione rigida lungo l'asse x . La continuità del campo degli spostamenti fra l'elemento in esame e i contigui dello stesso tipo è garantita automaticamente perchè i nodi estremi sono i soli punti in comune fra gli elementi. Inoltre, non ci sono singolarità della funzione ed è possibile descrivere un campo delle deformazioni almeno costante. Esprimendo il campo degli spostamenti in funzione

dei corrispondenti valori nodali si perviene alla seguente espressione

$$u(x, t) = \mathbf{N}(x) \mathbf{q}(t) = \mathbf{q}^T(t) \mathbf{N}^T(x) = \begin{bmatrix} N_1(x) & N_2(x) \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} u_i \\ u_j \end{Bmatrix} \quad (3.4)$$

dove le \mathbf{N}_k rappresentano le ben note funzioni di forma per l'elemento asta (nella letteratura anglosassone *truss*) e valgono

$$N_1(x) = 1 - \frac{x}{L} \quad (3.5)$$

$$N_2(x) = \frac{x}{L} \quad (3.6)$$

Si consideri ora la(3.1) e, in particolare, il termine legato alla variazione dell'energia cinetica δT . Per l'elemento rappresentato in Figura 3.1 si ha

$$T = \frac{1}{2} \int_0^L m(x) \left(\frac{\partial u}{\partial t} \right)^2 dx \quad (3.7)$$

dove, assumendo costanti sia la densità specifica del materiale ρ che l'area trasversale A lungo x , la massa per unità di lunghezza è stata indicata con $m(x) = \rho A$. Calcolando la variazione prima di T si ottiene

$$\delta T = \int_0^L \rho A \left(\frac{\partial u}{\partial t} \right) \delta \left(\frac{\partial u}{\partial t} \right) dx \quad (3.8)$$

Si passi ora a considerare il termine legato alla variazione prima della energia potenziale elastica $\delta \Phi$. Dalla definizione di potenziale elastico si ha per l'elemento asta monodimensionale

$$\Phi = \frac{1}{2} \int_V \sigma \varepsilon dV \quad (3.9)$$

dove V indica il volume dell'elemento. Introducendo la congruenza $\sigma = E\varepsilon$, l'espressione della Φ può essere riscritta come

$$\Phi = \frac{1}{2} \int_V E \varepsilon^2 dV \quad (3.10)$$

ed infine, introducendo il legame fra deformazioni assiali e spostamenti $\varepsilon = \frac{\partial u}{\partial x}$ e considerando che $V = AL$ si perviene alla

$$\Phi = \frac{1}{2} \int_0^L EA \left(\frac{\partial u}{\partial x} \right)^2 dx \quad (3.11)$$

da cui è immediato il calcolo della variazione prima

$$\delta\Phi = \int_0^L EA \left(\frac{\partial u}{\partial x} \right) \delta \left(\frac{\partial u}{\partial x} \right) dx \quad (3.12)$$

Sostituendo la(3.8) e la (3.12) nella (3.1) ed indicando con

$$\delta W = \left[p(x, t) - c(x) \dot{u}(x, t) \right] \delta u \quad (3.13)$$

con $p(x, t)$ forza esterna agente sul sistema e c smorzamento del sistema, si ottiene

$$\begin{aligned} \delta H = \int_{t_1}^{t_2} \int_0^L \left[\rho A \left(\frac{\partial u}{\partial t} \right) \delta \left(\frac{\partial u}{\partial t} \right) + \right. \\ \left. - EA \left(\frac{\partial u}{\partial x} \right) \delta \left(\frac{\partial u}{\partial x} \right) + (p - c\dot{u}) \delta u \right] dxdt = 0 \end{aligned} \quad (3.14)$$

Il passo successivo consiste nell'esprimere il campo degli spostamenti $u(x)$ in funzione degli spostamenti nodali, interpolandolo attraverso le funzioni di forma. Pertanto, introducendo la (3.4) nella (3.14), ed assumendo

$$\frac{\partial u(x, t)}{\partial x} = \frac{\partial \mathbf{N}'(x)}{\partial x} \mathbf{q}(t) = \mathbf{D}(x) \mathbf{q}(t) = \mathbf{q}^T(t) \mathbf{D}^T(x) \quad (3.15)$$

$$\frac{\partial u(x, t)}{\partial t} = \mathbf{N}(x) \frac{\partial \mathbf{q}(t)}{\partial t} = \mathbf{N}(\mathbf{x}) \dot{\mathbf{q}}(t) = \dot{\mathbf{q}}^T(t) \mathbf{N}^T(x) \quad (3.16)$$

si ricava

$$\begin{aligned} \delta H = \int_{t_1}^{t_2} \int_0^L \left[\rho A (\mathbf{N}\dot{\mathbf{q}}) \delta (\dot{\mathbf{q}}^T \mathbf{N}^T) + \right. \\ \left. - EA (\mathbf{D}\mathbf{q}) \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{D}^T) + \right. \\ \left. - c (\mathbf{N}\dot{\mathbf{q}}) (\delta \mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) + p \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) \right] dxdt = 0 \end{aligned} \quad (3.17)$$

Il termine legato alla energia cinetica può essere integrato per parti

$$\begin{aligned} \delta H = \left[\int_0^L \rho A (\mathbf{N}\dot{\mathbf{q}}) \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) \right]_{t_1}^{t_2} - \int_{t_1}^{t_2} \int_0^L \rho A (\mathbf{N}\ddot{\mathbf{q}}) \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) dxdt + \\ - \int_{t_1}^{t_2} \int_0^L EA (\mathbf{D}\mathbf{q}) \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{D}^T) dxdt + \\ - \int_{t_1}^{t_2} \int_0^L c (\mathbf{N}\dot{\mathbf{q}}) (\delta \mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) dxdt + \\ + \int_{t_1}^{t_2} \int_0^L p \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) dxdt = 0 \end{aligned} \quad (3.18)$$

Identificazione di danneggiamenti in strutture piane mediante metodi dinamici

e poichè $\delta \mathbf{q}(t_1) = \delta \mathbf{q}(t_2) = 0$, può scriversi

$$\begin{aligned} \delta H = \int_{t_1}^{t_2} \int_0^L & \left[-\rho A (\mathbf{N}\dot{\mathbf{q}}) \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) = 0 \right. \\ & -EA (\mathbf{D}\mathbf{q}) \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{D}^T) + \\ & \left. -c (\mathbf{N}\dot{\mathbf{q}}) (\delta \mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) + p \delta (\mathbf{q}^T \mathbf{N}^T) \right] dx dt = 0 \end{aligned} \quad (3.19)$$

Raccogliendo il termine $\delta \mathbf{q}^T$ è inoltre possibile scrivere

$$\begin{aligned} \delta H &= \int_{t_1}^{t_2} \delta \mathbf{q}^T \int_0^L \left[-\mathbf{N}^T \rho A \mathbf{N} \dot{\mathbf{q}} - \mathbf{D}^T E A \mathbf{D} \mathbf{q} - \mathbf{N}^T c \mathbf{N} \dot{\mathbf{q}} + p \mathbf{N}^T \right] dx dt = 0 \\ &= \int_{t_1}^{t_2} \delta \mathbf{q}^T \int_0^L \left[\mathbf{N}^T \rho A \mathbf{N} \dot{\mathbf{q}} + \mathbf{D}^T E A \mathbf{D} \mathbf{q} + \mathbf{N}^T c \mathbf{N} \dot{\mathbf{q}} - p \mathbf{N}^T \right] dx dt = 0 \quad (3.20) \\ &\quad \forall \delta \mathbf{q} \mid \delta \mathbf{q}(t_1) = \delta \mathbf{q}(t_2) = 0 \end{aligned}$$

e dato che l'intervallo temporale $t_1 - t_2$ può essere qualunque deve necessariamente risultare nulla la funzione integranda e pertanto si perviene alla

$$\delta \mathbf{q}^T \left\{ \int_0^L \left[\mathbf{N}^T \rho A \mathbf{N} \dot{\mathbf{q}} + \mathbf{D}^T E A \mathbf{D} \mathbf{q} + \mathbf{N}^T c \mathbf{N} \dot{\mathbf{q}} - p \mathbf{N}^T \right] dx \right\} = 0 \quad (3.21)$$

da cui

$$\int_0^L \left[\mathbf{N}^T \rho A \mathbf{N} \dot{\mathbf{q}} + \mathbf{D}^T E A \mathbf{D} \mathbf{q} + \mathbf{N}^T c \mathbf{N} \dot{\mathbf{q}} \right] dx = \int_0^L p \mathbf{N}^T dx \quad (3.22)$$

Indicando infine con

- $\mathbf{m}^{\{i\}} = \int_0^L \mathbf{N}^T \rho A \mathbf{N} dx$ *matrice delle masse dell'elemento $\{i\}$* . Facendo uso delle delle (3.5) (3.6), essa risulta

$$\mathbf{m}^{\{i\}} = \rho A L \begin{bmatrix} \frac{1}{3} & 0 & \frac{1}{6} & 0 \\ & 0 & 0 & 0 \\ & & \frac{1}{3} & 0 \\ SIMM. & & & 0 \end{bmatrix} \quad (3.23)$$

- $\mathbf{c}^{\{i\}} = \int_0^L \mathbf{N}^T c \mathbf{N} dx$ *matrice di smorzamento dell'elemento $\{i\}$* . Nel caso in cui $c(x)$ sia costante lungo tutta la lunghezza dell'elemento, essa

risulta

$$\mathbf{c}^{\{i\}} = c \begin{bmatrix} \frac{1}{3} & 0 & \frac{1}{6} & 0 \\ & 0 & 0 & 0 \\ & & \frac{1}{3} & 0 \\ SIMM. & & & 0 \end{bmatrix} \quad (3.24)$$

- $\mathbf{k}^{\{i\}} = \int_0^L \mathbf{D}^T E A \mathbf{D} dx$ matrice di rigidità elastica dell'elemento $\{i\}$.

Per $A(x)$ costante lungo la lunghezza dell'elemento essa diviene

$$\mathbf{k}^{\{i\}} = \frac{EA}{L} \begin{bmatrix} 1 & 0 & -1 & 0 \\ & 0 & 0 & 0 \\ & & 1 & 0 \\ SIMM. & & & 0 \end{bmatrix} \quad (3.25)$$

- $\mathbf{p}(t)^{\{i\}} = \int_0^L p \mathbf{N}^T dx$ vettore dei carichi nodali equivalenti dell'elemento $\{i\}$. Se $p(x, t)$ è costante lungo l'asse della trave, si ha

$$\mathbf{p}^{\{i\}} = p \begin{Bmatrix} \frac{L}{2} \\ \frac{L}{2} \end{Bmatrix} \quad (3.26)$$

il sistema di equazioni algebriche lineari(3.22) può essere riscritto in forma matriciale compatta per il generico elemento $\{i\}$ come

$$\mathbf{m}^{\{i\}} \ddot{\mathbf{q}} + \mathbf{c}^{\{i\}} \dot{\mathbf{q}} + \mathbf{k}^{\{i\}} \mathbf{q} = \mathbf{p}^{\{i\}} \quad (3.27)$$

La(3.27) raccoglie le equazioni che governano il moto del sistema per un generico elemento asta sottoposto ad un carico esterno $p(t)$. Prima di procedere all'assemblaggio ogni elemento deve essere ruotato dal sistema di riferimento locale xy a quello globale XY : questa operazione può essere effettuata utilizzando la matrice di trasformazione

$$\mathbf{T}^{\{i\}} = \begin{bmatrix} l & m & 0 & 0 \\ -m & l & 0 & 0 \\ 0 & 0 & l & m \\ 0 & 0 & -m & l \end{bmatrix} \quad (3.28)$$

dove, con riferimento alla Figura 3.1 si è indicato $l = \cos \beta$ e $m = \sin \beta$. Le matrici ed il vettore dei carichi nodali equivalenti dell' i -esimo elemento ruotati

nel sistema di riferimento globale possono quindi essere ottenuti mediante le

$$\mathbf{M}^{\{i\}} = \mathbf{T}^{T\{i\}} \mathbf{m}^{\{i\}} \mathbf{T}^{\{i\}} \quad (3.29)$$

$$\mathbf{C}^{\{i\}} = \mathbf{T}^{T\{i\}} \mathbf{c}^{\{i\}} \mathbf{T}^{\{i\}} \quad (3.30)$$

$$\mathbf{K}^{\{i\}} = \mathbf{T}^{T\{i\}} \mathbf{k}^{\{i\}} \mathbf{T}^{\{i\}} \quad (3.31)$$

$$\mathbf{P}^{\{i\}} = \mathbf{T}^{T\{i\}} \mathbf{p}^{\{i\}} \quad (3.32)$$

Il sistema globale di equazioni per l'intera mesh può essere ottenuto applicando le regole di assemblaggio note dalla teoria degli elementi finiti, come ad esempio il *direct stiffness method* a tutti gli elementi già ruotati nel sistema di riferimento globale. In tal modo, si ha

$$\sum_{i=1}^{N_e} \left[\mathbf{M}^{\{i\}} \ddot{\mathbf{q}} + \mathbf{C}^{\{i\}} \dot{\mathbf{q}} + \mathbf{K}^{\{i\}} \mathbf{q} \right] = \sum_{i=1}^{N_e} \mathbf{p}^{\{i\}} \quad (3.33)$$

nel quale il termine N_e indica il numero totale di elementi finiti di cui è composta la mesh. Il sistema (3.33), riscritto in forma matriciale compatta, assume la ben nota rappresentazione

$$\mathbf{M} \ddot{\mathbf{q}} + \mathbf{C} \dot{\mathbf{q}} + \mathbf{K} \mathbf{q} = \mathbf{P}(t) \quad (3.34)$$

dove \mathbf{M} , \mathbf{C} , \mathbf{K} e \mathbf{P} indicano, rispettivamente, la matrice di massa, smorzamento, rigidità ed il vettore dei carichi esterni del sistema assemblati nel riferimento globale.

3.2.2 Matrici di massa, rigidezza e smorzamento dell'elemento trave alla Timoshenko

La teoria sviluppata da Timoshenko poggia sull'ipotesi che le sezioni normali all'asse medio della trave prima della deformazione permangono piane ma non più normali all'asse medio della trave dopo la deformazione. tale ipotesi può essere tradotta nella

$$\theta = \frac{\partial v}{\partial x} - \gamma \quad (3.35)$$

dove $\frac{\partial v}{\partial x}$ è la pendenza della linea elastica, e cioè la rotazione totale della normale, θ è la quota parte della rotazione totale dovuta alla flessione e γ la quota parte della rotazione totale dovuta alle azioni di taglio (Figura 3.2).

Per ciascun dei punti della trave il campo degli spostamenti è descritto dallo spostamento $u(x, t)$ lungo l'asse, dallo spostamento trasversale $v(x, t)$ e dalla rotazione $\theta(x, t)$. Per ciascuno dei due nodi si hanno tre componenti di spostamento e pertanto il vettore degli spostamenti nodali è formato dalle seguenti sei componenti

$$\mathbf{q} = \begin{Bmatrix} u_i \\ v_i \\ \theta_i \\ u_j \\ v_j \\ \theta_j \end{Bmatrix} \quad (3.36)$$

Assunte le definizioni di Figura 3.2, per descrivere il campo degli spostamenti assiali u si assuma il polinomio di primo grado in x già visto per l'elemento asta

$$u(x) = \alpha_1 + \alpha_2 x \quad (3.37)$$

mentre per approssimare il campo delle frecce si consideri il polinomio di terzo grado in x

$$v(x) = \alpha_1 + \alpha_2 x + \alpha_3 x^2 + \alpha_4 x^3 \quad (3.38)$$

Per la funzione che approssima le rotazioni, ricordando la relazione(3.35), si ottiene pertanto

$$\theta(x) = \frac{\partial v}{\partial x} - \gamma = \alpha_2 + 2\alpha_3 x + 3\alpha_4 x^2 - \gamma \quad (3.39)$$

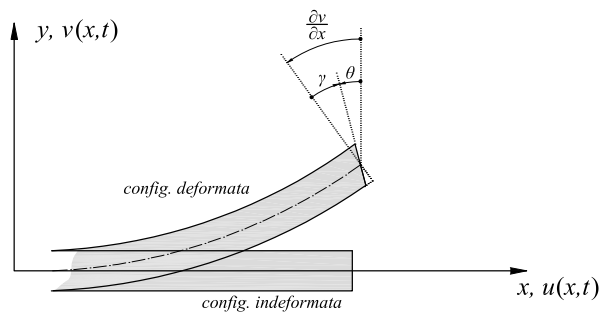
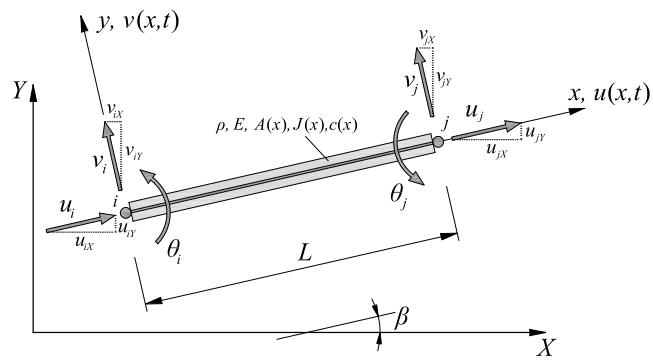


Figura 3.2: Elemento trave di Timoshenko

Esprimendo il campo degli spostamenti in funzione dei corrispondenti valori nodali si perviene alla seguente espressione

$$\mathbf{u}(x, t) = \mathbf{N}(x) \mathbf{q}(t) = \mathbf{q}^T(t) \mathbf{N}^T(x) \quad (3.40)$$

dove il vettore \mathbf{u} raccoglie i tre campi di spostamento appena descritti

$$\mathbf{u}(x, t) = \begin{Bmatrix} u(x, t) \\ v(x, t) \\ \theta(x, t) \end{Bmatrix} \quad (3.41)$$

mentre la matrice \mathbf{N} delle funzioni di forma risulta

$$\mathbf{N} = \begin{bmatrix} \mathbf{N}_u \\ \mathbf{N}_v \\ \mathbf{N}_\theta \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} N_{11} & 0 & 0 & N_{14} & 0 & 0 \\ 0 & N_{22} & N_{23} & 0 & N_{25} & N_{26} \\ 0 & N_{32} & N_{33} & 0 & N_{35} & N_{36} \end{bmatrix} \quad (3.42)$$

i cui termini valgono

$$N_{11} = 1 - \frac{x}{L} \quad (3.43)$$

$$N_{14} = \frac{x}{L} \quad (3.44)$$

$$N_{22} = \frac{1 + t(1-p) - 3p^2 + 2p^3}{1+t} \quad (3.45)$$

$$N_{23} = Lp \frac{1 + t \frac{(1-p)}{2} - 2p + p^2}{1+t} \quad (3.46)$$

$$N_{25} = \frac{tp + 3p^2 - 2p^3}{1+t} \quad (3.47)$$

$$N_{26} = Lp \frac{-t \frac{(1-p)}{2} - p + p^2}{1+t} \quad (3.48)$$

$$N_{32} = \frac{6p(p-1)}{L(1+t)} \quad (3.49)$$

$$N_{33} = \frac{1 - 4p + 3p^2 + t(1-p)}{(1+t)} \quad (3.50)$$

$$N_{35} = \frac{-6p(p-1)}{L(1+t)} \quad (3.51)$$

$$N_{36} = \frac{-2p + 3p^2 + tp}{(1+t)} \quad (3.52)$$

dove con p si è indicata la coordinata adimensionale $\frac{x}{L}$ e dove il termine t , parametro significativo della snellezza della trave, vale

$$t = \frac{12EJ}{\kappa GAL^2} \quad (3.53)$$

Identificazione di danneggiamenti in strutture piane mediante metodi dinamici

con κ fattore di riduzione dell'area A al fine di considerare le deformazioni dovute alle azioni taglianti ($\kappa = \frac{5}{6}$ nel caso di sezioni rettangolari). Si noti che per travi snelle (dove il raggio di inerzia è piccolo rispetto alla lunghezza L) la costante t è piccola (al limite tende a zero) e quindi anche il valore dello scorrimento al taglio risulta piccolo; per travi tozze invece (dove il raggio d'inerzia è grande rispetto alla lunghezza L) il valore della costante t è grande. In sostanza quindi, attraverso il fattore t si attua un passaggio graduale da un caso estremo (trave snella) all'altro (trave tozza) eliminando il problema dello *shear locking*.

Operando in maniera analoga a quanto visto per l'elemento asta, le matrici di massa, smorzamento e rigidezza ed il vettore dei carichi nodali equivalenti per l'elemento finito trave di Timoshenko risultano:

- *Matrice delle masse dell'elemento $\{i\}$* . Trascurando gli effetti dell'inerzia rotazionale, essa risulta data dalla

$$\begin{aligned}
 \mathbf{m}^{\{i\}} &= \int_0^L \begin{bmatrix} \mathbf{N}_u \\ \mathbf{N}_v \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} \rho A & 0 \\ 0 & \rho A \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{N}_u \\ \mathbf{N}_v \end{bmatrix} dx \\
 &= \rho AL \begin{bmatrix} \frac{1}{3} & 0 & 0 & \frac{1}{6} & 0 & 0 \\ & \frac{13}{35} & \frac{11L}{210} & 0 & \frac{9}{70} & -\frac{13L}{420} \\ & & \frac{1L^2}{105} & 0 & \frac{13L}{420} & -\frac{1L^2}{140} \\ & & & \frac{1}{3} & 0 & 0 \\ & & & & \frac{13}{35} & -\frac{11L}{210} \\ \text{SIMM.} & & & & & \frac{1L^2}{105} \end{bmatrix}
 \end{aligned} \tag{3.54}$$

- *Matrice di smorzamento dell'elemento $\{i\}$* . Nel caso in cui $c(x)$ sia costante lungo tutta la lunghezza dell'elemento, considerando solo gli effetti dovuti

alla traslazione, si ha

$$\mathbf{c}^{\{i\}} = \int_0^L \begin{bmatrix} \mathbf{N}_u \\ \mathbf{N}_v \end{bmatrix}^T c \begin{bmatrix} \mathbf{N}_u \\ \mathbf{N}_v \end{bmatrix} dx$$

$$= c \begin{bmatrix} \frac{1}{3} & 0 & 0 & \frac{1}{6} & 0 & 0 \\ & \frac{13}{35} & \frac{11L}{210} & 0 & \frac{9}{70} & -\frac{13L}{420} \\ & & \frac{1L^2}{105} & 0 & \frac{13L}{420} & -\frac{1L^2}{140} \\ & & & \frac{1}{3} & 0 & 0 \\ & & & & \frac{13}{35} & -\frac{11L}{210} \\ \text{SIMM.} & & & & & \frac{1L^2}{105} \end{bmatrix}$$
(3.55)

- *Matrice di rigidità elastica dell'elemento $\{i\}$.* Trattandosi ancora di una trave di Timoshenko, oltre al valore della deformazione assiale $\frac{\partial u}{\partial x}$ e di curvatura $\frac{\partial \theta}{\partial x}$ rappresentativo della deformazione a flessione, occorre mettere in conto anche lo scorrimento a taglio γ , e pertanto il vettore che esprime lo stato di deformazione è un vettore tre componenti

$$\boldsymbol{\varepsilon} = \begin{Bmatrix} \frac{\partial u}{\partial x} \\ \frac{\partial \theta}{\partial x} \\ \gamma \end{Bmatrix}$$
(3.56)

il quale, espresso in termini di coordinate nodali e tenuto conto della (3.35), assume la forma

$$\boldsymbol{\varepsilon} = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathbf{N}_u}{\partial x} \\ \frac{\partial \mathbf{N}_\theta}{\partial x} \\ \frac{\partial \mathbf{N}_v}{\partial x} - \mathbf{N}_\theta \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} u_i \\ v_i \\ \theta_i \\ u_j \\ v_j \\ \theta_j \end{Bmatrix} = \mathbf{D}\mathbf{q}$$
(3.57)

La matrice di rigidità \mathbf{C} del materiale, che esprime il legame fra tensioni σ e deformazioni è data dalla

$$\mathbf{C} = \begin{bmatrix} EA & 0 & 0 \\ 0 & EJ & 0 \\ 0 & 0 & \kappa GA \end{bmatrix}$$
(3.58)

Per $A(x)$ costante lungo la lunghezza dell'elemento, la matrice di rigidezza elastica può infine essere scritta come

$$\mathbf{k}^{\{i\}} = \int_0^L \mathbf{D}^T \mathbf{C} \mathbf{D} dx = \frac{EA}{L} \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ & & 0 & 0 & 0 & 0 \\ & & & 1 & 0 & 0 \\ & & & & 0 & 0 \\ SIMM. & & & & & 0 \end{bmatrix} +$$

$$+ \frac{EJ}{(1+t)L^3} \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ & 12 & 6L^3 & 0 & -12 & 6L \\ & & (4+t)L^2 & 0 & -6L & (2-t)L^2 \\ & & & 0 & 0 & 0 \\ & & & & 12 & -6L \\ SIMM. & & & & & (4+t)L^2 \end{bmatrix} \quad (3.59)$$

- *Vettore dei carichi nodali equivalenti dell'elemento $\{i\}$.* Indicando con $p_u(x, t)$ e $p_v(x, t)$ i carichi distribuiti, rispettivamente, lungo l'asse della trave e perpendicolarmente all'asse della trave, e raccogliendoli nel vettore colonna

$$\mathbf{f} = \begin{Bmatrix} p_u \\ p_v \end{Bmatrix} \quad (3.60)$$

il vettore delle forze nodali equivalenti per p_u e p_v costanti lungo l'asse della trave può scriversi come

$$\mathbf{p}(t)^{\{i\}} = \int_0^L \begin{bmatrix} \mathbf{N}_u \\ \mathbf{N}_v \end{bmatrix}^T \mathbf{f} dx = \begin{Bmatrix} \frac{p_u L}{2} \\ \frac{p_v L}{2} \\ \frac{p_v L^2}{12} \\ \frac{p_u L}{2} \\ \frac{p_v L}{2} \\ -\frac{p_v L^2}{12} \end{Bmatrix} \quad (3.61)$$

Il passaggio dal sistema di coordinate nel riferimento locale xy a quello nel sistema globale XY può essere effettuato ponendo ancora una volta

$$\mathbf{M}^{\{i\}} = \mathbf{T}^{T\{i\}} \mathbf{m}^{\{i\}} \mathbf{T}^{\{i\}} \quad (3.62)$$

$$\mathbf{C}^{\{i\}} = \mathbf{T}^{T\{i\}} \mathbf{c}^{\{i\}} \mathbf{T}^{\{i\}} \quad (3.63)$$

$$\mathbf{K}^{\{i\}} = \mathbf{T}^{T\{i\}} \mathbf{k}^{\{i\}} \mathbf{T}^{\{i\}} \quad (3.64)$$

$$\mathbf{P}^{\{i\}} = \mathbf{T}^{T\{i\}} \mathbf{p}^{\{i\}} \quad (3.65)$$

dove la matrice di trasformazione \mathbf{T} assume la forma

$$\mathbf{T}^{\{i\}} = \begin{bmatrix} l & m & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -m & l & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & l & m & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -m & l & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (3.66)$$

dove, con riferimento alla Figura 3.2, si è indicato $l = \cos \beta$ e $m = \sin \beta$.

Ancora una volta, il sistema globale di equazioni per l'intera mesh può essere ottenuto applicando le regole di assemblaggio note dalla teoria degli elementi finiti, come ad esempio il *direct stiffness method* a tutti gli elementi già ruotati nel sistema di riferimento globale. In tal modo, si ha

$$\sum_{i=1}^{N_e} \left[\mathbf{M}^{\{i\}} \ddot{\mathbf{q}} + \mathbf{C}^{\{i\}} \dot{\mathbf{q}} + \mathbf{K}^{\{i\}} \mathbf{q} \right] = \sum_{i=1}^{N_e} \mathbf{p}^{\{i\}} \quad (3.67)$$

ed in forma compatta

$$\mathbf{M} \ddot{\mathbf{q}} + \mathbf{C} \dot{\mathbf{q}} + \mathbf{K} \mathbf{q} = \mathbf{P}(t) \quad (3.68)$$

nel quale, anche in questo caso, il termine N_e indica il numero totale di elementi finiti e i termini \mathbf{M} , \mathbf{C} , \mathbf{K} e \mathbf{P} indicano, rispettivamente, la matrice di massa, smorzamento, rigidezza ed il vettore dei carichi esterni del sistema assemblato nel riferimento globale.

3.3 Identificazione delle rigidzze residue di un sistema strutturale sottoposto a forzanti armoniche

Si considerino le equazioni del moto di un sistema dinamico sottoposto ad una o più forzanti esterne

$$\mathbf{M}^u \ddot{\mathbf{u}} + \mathbf{C}^u \dot{\mathbf{u}} + \mathbf{K}^u \mathbf{u} = \mathbf{p}(t) \quad (3.69)$$

dove $\mathbf{u}(t)$ rappresenta il vettore degli spostamenti nodali e \mathbf{M}^u , \mathbf{C}^u , \mathbf{K}^u e \mathbf{p} indicano, rispettivamente, la matrice di massa, smorzamento, rigidzza ed il vettore delle forzanti esterne del sistema che vibra in uno stato non danneggiato (apice u).

Quando il sistema strutturale si danneggia le matrici di massa, smorzamento e rigidzza si modificano e vengono denotate rispettivamente con \mathbf{M}^d , \mathbf{C}^d , \mathbf{K}^d . Assumendo uno stato dinamico del sistema caratterizzato da piccole ampiezze di vibrazione, la (3.69) può essere posta nella forma

$$\mathbf{M}^d \ddot{\mathbf{u}} + \mathbf{C}^d \dot{\mathbf{u}} + \mathbf{K}^d \mathbf{u} = \mathbf{p}(t) \quad (3.70)$$

Se la forzante è di tipo armonico, allora il vettore delle forzanti esterne può essere scritto come

$$\mathbf{p}(t) = \mathbf{p}_0 e^{i\Omega t} \quad (3.71)$$

dove \mathbf{p}_0 è il vettore delle ampiezze delle forzanti e Ω la pulsazione angolare delle forzanti. La (3.71) può essere riscritta come

$$\mathbf{p}(t) = \mathbf{p}_0 (\cos \Omega t + i \sin \Omega t) \quad (3.72)$$

che racchiude in se i casi

$$\mathbf{p}(t) = \mathbf{p}_0 \cos \Omega t \quad (3.73)$$

$$\mathbf{p}(t) = \mathbf{p}_0 \sin \Omega t \quad (3.74)$$

L'equazione del moto in forma complessa diviene

$$\mathbf{M}^d \ddot{\mathbf{u}} + \mathbf{C}^d \dot{\mathbf{u}} + \mathbf{K}^d \mathbf{u} = \mathbf{p}_0 e^{i\Omega t} \quad (3.75)$$

e la soluzione stazionaria sarà dunque un vettore di numeri complessi del tipo

$$\mathbf{u}(t) = \mathbf{u}_0 e^{i(\Omega t - \varphi)} \quad (3.76)$$

nella quale \mathbf{u}_0 indica il vettore delle ampiezze di spostamento e φ rappresenta lo sfasamento angolare. La risposta del sistema sarà la parte reale della soluzione complessa se le forzanti sono del tipo della (3.73) oppure la parte immaginaria della soluzione complessa nel caso in cui le forzanti siano del tipo della (3.74).

Sostituendo la (3.76) nella (3.71) ed osservando che

$$\dot{\mathbf{u}}(t) = i\Omega \mathbf{u}_0 e^{i(\Omega t - \varphi)} \quad (3.77)$$

$$\ddot{\mathbf{u}}(t) = -\Omega^2 \mathbf{u}_0 e^{i(\Omega t - \varphi)} \quad (3.78)$$

si ottiene

$$-\Omega^2 \mathbf{M}^d \mathbf{u}_0 e^{i(\Omega t - \varphi)} + i\Omega \mathbf{C}^d \mathbf{u}_0 e^{i(\Omega t - \varphi)} + \mathbf{K}^d \mathbf{u}_0 e^{i(\Omega t - \varphi)} = \mathbf{p}_0 e^{i\Omega t} \quad (3.79)$$

che può essere riarrangiata nella

$$(\mathbf{K}^d + i\Omega \mathbf{C}^d - \Omega^2 \mathbf{M}^d) \mathbf{u}_0 e^{i(\Omega t - \varphi)} = \mathbf{p}_0 e^{i\Omega t} \quad (3.80)$$

od anche

$$(\mathbf{K}^d + i\Omega \mathbf{C}^d - \Omega^2 \mathbf{M}^d) \underbrace{\mathbf{u}_0 e^{-i\varphi} e^{i\Omega t}}_{\mathbf{u}(t)} = \underbrace{\mathbf{p}_0 e^{i\Omega t}}_{\mathbf{p}(t)} \quad (3.81)$$

Indicando il vettore delle ampiezze complesse con

$$\mathbf{d} = \mathbf{u}_0 e^{-i\varphi} \quad (3.82)$$

la (3.81) può esprimersi come

$$(\mathbf{K}^d + i\Omega \mathbf{C}^d - \Omega^2 \mathbf{M}^d) \mathbf{d} = \mathbf{p}_0 \quad (3.83)$$

ed indicando con

$$\mathbf{H}(\Omega) = (\mathbf{K}^d + i\Omega \mathbf{C}^d - \Omega^2 \mathbf{M}^d)^{-1} \quad (3.84)$$

Identificazione di danneggiamenti in strutture piane mediante metodi dinamici

la matrice di cedibilità dinamica o recettanza del sistema, la risposta del sistema in termini di spostamenti rimane definita come il prodotto della matrice di recettanza per il vettore delle forzanti armoniche

$$\mathbf{u}(t) = \mathbf{H}^{-1}(\Omega) \mathbf{p}(t) \quad (3.85)$$

$$\mathbf{d} = \mathbf{H}^{-1}(\Omega) \mathbf{p}_0 \quad (3.86)$$

Ricordando le (3.33) (3.67) la matrice di rigidezza globale della struttura nello stato danneggiato può essere riscritta come

$$\mathbf{K}^d = \sum_{i=1}^n \mathbf{K}_i^d = \sum_{i=1}^n \alpha_i \mathbf{K}_i^u \quad (3.87)$$

dove n è il numero di elementi finiti di cui è formato il sistema strutturale e α_i è un coefficiente adimensionale che descrive la riduzione di rigidezza dell'elemento, con

$$0 \leq \alpha_i \leq 1 \quad (3.88)$$

Per quanto riguarda la matrice delle masse, se si assume che il danno strutturale non comporti una variazione significativa della massa dell'elemento, allora risulta

$$\mathbf{M}^d = \mathbf{M}^u = \mathbf{M} \quad (3.89)$$

ed in maniera analoga, la matrice di smorzamento per il sistema danneggiato può essere assunta uguale a quella del sistema non danneggiato

$$\mathbf{C}^d = \mathbf{C}^u = \mathbf{C} \quad (3.90)$$

In base alle (3.87), (3.89) e (3.90), la (3.83) può ora essere riscritta nella forma

$$\left(\sum_{i=1}^n \alpha_i \mathbf{K}_i^u + i\Omega \mathbf{C} - \Omega^2 \mathbf{M} \right) \mathbf{d} = \mathbf{p}_0 \quad (3.91)$$

dalla quale è possibile calcolare il vettore delle ampiezze complesse \mathbf{U} in termini del vettore delle ampiezze delle forzanti esterne \mathbf{P}_0 . Dal vettore delle ampiezze complesse degli spostamenti è poi possibile passare a quello delle ampiezze complesse delle velocità e di quelle delle accelerazioni tenendo conto delle (3.77) (3.78). Se si assume una pulsazione della forzante armonica lontana da quella

di risonanza del sistema, allora il termine di smorzamento può essere trascurato e la (3.91) diviene

$$\left(\sum_{i=1}^n \alpha_i \mathbf{K}_i^u - \Omega^2 \mathbf{M} \right) \mathbf{d} = \mathbf{p}_0 \quad (3.92)$$

Si considerino ora i seguenti due vettori:

- \mathbf{d}^c rappresenta il vettore delle ampiezze delle vibrazioni armoniche ottenuto numericamente dal modello FEM e
- \mathbf{d}^m contiene le ampiezze misurate in situ sulla struttura.

Confrontando questi due vettori di risposta è possibile ricostruire la distribuzione delle rigidezze degli elementi della struttura analizzata. Si definisce il seguente funzionale (norma), che misura la differenza normalizzata tra il vettore delle ampiezze calcolate \mathbf{d}^c e quelle misurate in situ \mathbf{d}^m

$$J(\boldsymbol{\alpha}) = \sum_{j=1}^{n_d} \left(\frac{d_j^c(\boldsymbol{\alpha}) - d_j^m}{d_j^m} \right)^2 \quad (3.93)$$

dove n_d è il numero di misure di ampiezza effettuate.

Minimizzando la (3.91), il vettore dei coefficienti di riduzione delle rigidezze

$$\boldsymbol{\alpha} = \begin{pmatrix} \alpha_1 \\ \vdots \\ \alpha_i \\ \vdots \\ \alpha_n \end{pmatrix} \quad (3.94)$$

consente descrivere lo stato attuale della struttura: esso, pertanto, diviene l'oggetto dell'identificazione.

Questa procedura di ricostruzione delle rigidezze richiede che in situ siano misurate le ampiezze di ogni grado di libertà di cui si è tenuto conto nel modello agli elementi finiti, ma il fatto di considerare delle vibrazioni di tipo armonico consente di poter effettuare una serie di misurazioni in sequenza, potendo applicare un sensore alla volta e rendendo così la fase operativa dell'esperimento relativamente semplice.

Nel caso in cui si considerino danneggiamenti multipli è necessario tenere conto di due parametri che quantificano, in due modi diversi, gli errori commessi nel problema inverso di identificazione del vettore dei coefficienti $\boldsymbol{\alpha}$:

Identificazione di danneggiamenti in strutture piane mediante metodi dinamici

- l'errore medio pesato (WAE, *Weighted Average Error*):

$$\text{WAE} = \sqrt{\sum_{i=1}^n \left(\frac{\alpha_i^a - \alpha_i^d}{\alpha_i^d} \right)^2} \quad (3.95)$$

il quale misura la differenza tra i fattori di riduzione della rigidezza α^d assunti e gli α^d identificati;

- l'errore massimo (ME, *Maximum Error*) tra i coefficienti di riduzione delle rigidezze assunti e quelli identificati

$$\text{ME} = \max_i |\alpha_i^a - \alpha_i^d| \quad (3.96)$$

3.4 Soluzione del problema di identificazione mediante l'applicazione degli algoritmi genetici

Quando il problema di identificazione si basa su un modello con decine o centinaia di gradi di libertà, il problema di minimizzazione (3.93) può risultare computazionalmente proibitivo da poter essere risolto con le tecniche classiche di ottimizzazione, e per tale motivo si ricorre alla tecnica degli algoritmi genetici.

Tutta la procedura di implementazione del modello agli elementi finiti e di minimizzazione della (3.93) è stata implementata in un codice di calcolo in ambiente MatLab (vedasi Appendice 1).

Nel presente lavoro il modello agli elementi finiti viene utilizzato anche per simulare il set di misurazioni: dopo aver implementato il modello, si fissano delle rigidezze residue in alcuni elementi in maniera da simulare lo stato danneggiato della struttura. Dopo aver lanciato il programma, le ampiezze degli spostamenti ottenute dalla simulazione vengono reutilizzate come set di misure effettuate.

Una procedura di condensazione (basata sul metodo di eliminazione di Gauss) della matrice di recettanza e del vettore dei carichi esterni viene applicata per tutti i gradi di libertà per i quali non vengono simulate le misurazioni.

Una volta effettuata la simulazione delle misure per la struttura nello stato danneggiato, può essere lanciata la procedura di identificazione del vettore dei coefficienti di riduzione di rigidezza α , consistente nella minimizzazione della (3.93) utilizzando gli algoritmi genetici. La procedura implementata nel programma si compone delle seguenti fasi:

- Si genera inizialmente una popolazione di individui (cromosomi) in maniera casuale, ognuno dei quali rappresenta una possibile soluzione del problema. Ogni elemento di un singolo cromosoma (gene) costituisce un coefficiente di riduzione della rigidezza per l'elemento afferente alla posizione occupata dal gene all'interno del cromosoma. L'utente può scegliere anche un valore iniziale da assegnare alla soluzione: vale a dire che all'interno della popolazione vi sarà un cromosoma assunto come soluzione iniziale i cui geni possono essere fissati a priori dall'utente.

In ogni applicazione dei GAs, quando la popolazione iniziale viene formata, è necessario specificare anche eventuali vincoli del problema, specialmente per quanto riguarda i limiti del dominio in cui si vuole cercare la soluzione.

Per il problema di ottimizzazione (3.93) infatti è facile notare che i limiti del dominio per ogni elemento (gene) del cromosoma sono 0 per quanto riguarda il limite inferiore e 1 per il limite superiore; vale a dire che ogni α_i deve essere compreso nel range $[0, 1]$.

È importante rilevare che è in questa fase che assume molta importanza la tipologia di encoding scelto per i cromosomi che costituiscono la popolazione: in generale, per quanto detto nel Capitolo 1, l'encoding classico a stringa binaria risulta meno efficiente dell'encoding di tipo a virgola mobile. Il programma consente in tutto tre diverse tipologie di encoding (bitstring, custom e doublevector, quest'ultima già utilizzata di default)

- Per ogni individuo della popolazione viene calcolato il valore di fitness, ovvero viene valutata la

$$J(\boldsymbol{\alpha}) = \sum_{i=1}^{n_d} \left(\frac{d_j^c(\boldsymbol{\alpha}) - d_j^m}{d_j^m} \right)^2$$

Il valore di fitness conseguito da ogni cromosoma costituisce la base sul quale si fondano i processi successivi di riproduzione ed elitismo.

- Come appena accennato, la fase che segue è quella della riproduzione, che racchiude in se il concetto di selezione naturale. Gli individui da accoppiare possono venire scelti in diversi modi: la scelta può essere totalmente casuale, oppure può essere proporzionale al valore di fitness degli individui della popolazione, così come può essere basata sul metodo della roulette wheel. Questa operazione viene fatta dal tool interno del software Matlab secondo parametri prefissati che comunque possono essere modificati dall'utente. Nel codice di calcolo realizzato viene utilizzata la funzione di riproduzione già implementata di default nel tool interno del software.
- Dopo la fase riproduzione seguono le fasi di incrocio e mutazione. Anche in questo caso il software lascia ampia possibilità di scelta all'utente: tra le tipologie di incrocio vengono infatti implementate le già citate crossover one-point e crossover two-point, nonché altre tipologie (scattered, utilizzata di default, heuristic etc.). La percentuale di popolazione che viene sottoposta a crossover per passare alla generazione successiva può essere fissata dall'utente. In generale viene quasi sempre assunta pari all'80%. Tra gli individui soggetti a crossover non rientrano gli elite-members, ovvero

quegli individui che vengono direttamente clonati (copiati) per la generazione successiva, in modo da preservare comunque il miglior valore di fitness ottenuto fino alla generazione corrente. In genere la percentuale di elitismo si aggira attorno ai 5%, ma dipende anche dalla numerosità della popolazione che costituisce ogni generazione, la quale deve essere fissata ad inizio procedura dall'utente (in maniera diversa il programma fissa una popolazione di 20 individui per ogni generazione). Per quanto riguarda la mutazione, anche in questo caso il programma lascia decidere all'utente sia la percentuale che il tipo di mutazione. In generale si assume una percentuale dell'1%; tra le diverse funzioni disponibili vi sono quella della mutazione uniforme e quella basata su un'inferenza gaussiana.

- A questo punto, effettuati i processi di riproduzione, crossover e mutazione, la nuova popolazione è pronta per costituire la generazione successiva. Per ogni individuo generato viene valutata la funzione di fitness ed il processo si ripete fin quando un individuo (vincitore, che andrà a rappresentare la soluzione finale) raggiunge un valore minimo prefissato di fitness o non si hanno significativi miglioramenti almeno nel 95% della popolazione per un certo numero di generazioni.

3.5 Applicazioni numeriche

La prima applicazione numerica che si vuole presentare consiste nell'identificazione di eventuali cadute di rigidità (ad esempio dovute a processi di corrosione interna) in aste di strutture reticolari. La struttura presa in esame è quella di Figura 3.3. La reticolare è composta da 7 nodi e 24 aste in totale. Le aste sono in acciaio con densità $\rho = 7850 \text{ kg/m}^3$, modulo di Young pari a 206 GPa e sezione tubolare con diametro esterno di $101,6 \text{ mm}$ e spessore pari a $3,6 \text{ mm}$.

Due differenti scenari di danno vengono considerati: nel primo viene simulata una riduzione della rigidità assiale dell'asta numero 9 pari al 20%, ovvero si ipotizza una rigidità residua dell'80% della rigidità iniziale. Nel secondo scenario di danneggiamento si considera che anche l'asta numero 4 sia affetta da una riduzione di rigidità, fissata pari al 10%. La matrice di smorzamento viene generata dal programma utilizzando il metodo di Rayleigh, sulla base del quale si ha:

$$\mathbf{C} = a_0 \mathbf{M} + a_1 \mathbf{K}^d \quad (3.97)$$

con

$$a_0 = \xi \frac{2\omega_i \omega_j}{\omega_i + \omega_j} \quad (3.98)$$

$$a_1 = \xi \frac{2}{\omega_i + \omega_j} \quad (3.99)$$

dove ω_i ed ω_j sono due pulsazioni naturali della struttura, in genere assunte vicine alla pulsazione della condizione di moto in cui si suppone si andrà a trovare la struttura oppure, in mancanza di altri dati, assunte rispettivamente come la pulsazione minima e massima calcolata con il modello FEM. In questa applicazione si assume un rapporto di smorzamento pari a $\xi = 0\%$ in quanto la frequenza della forzante e quindi anche quella della struttura a regime sono assunte lontane da quelle della risonanza, rendendo in tal modo trascurabili gli effetti dello smorzamento. la forzante armonica si considera applicata al nodo 4 in direzione verticale, con ampiezza pari a 1 kN e frequenza pari a 5 Hz .

Un primo test viene effettuato simulando l'acquisizione delle misure di spostamento per ogni nodo sia in direzione orizzontale che verticale. I risultati ottenuti sono quelli visibili in Figura 3.4 per lo scenario di danneggiamento 1 ed in Figura 3.5 per lo scenario di danneggiamento 2.

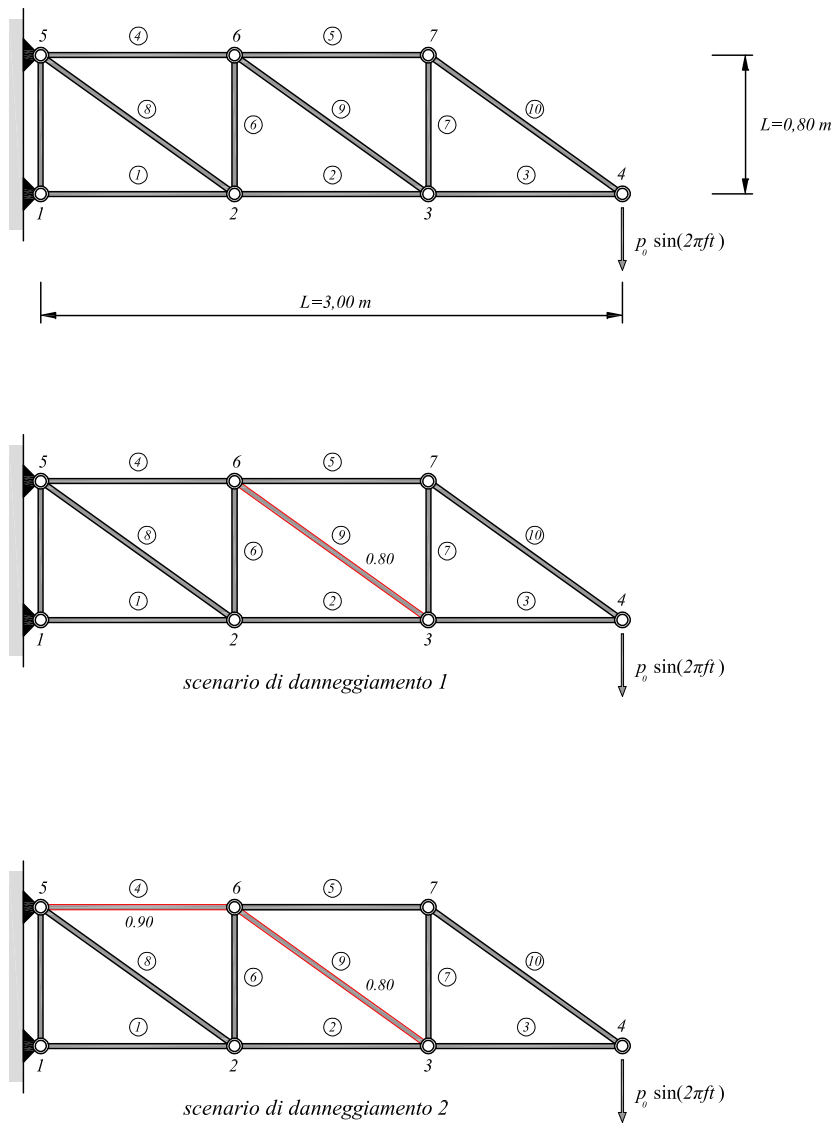


Figura 3.3: Modellizzazione della reticolare e scenari di danneggiamento

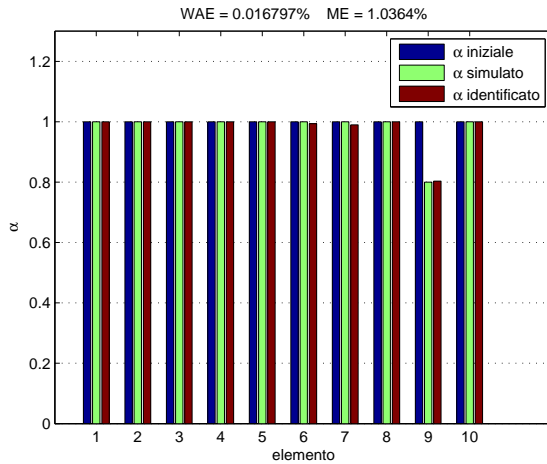


Figura 3.4: Risultati dell'analisi effettuata sulla struttura di Figura 3.3 per lo scenario di danneggiamento 1, simulando le misurazioni in direzione orizzontale e verticale per ogni nodo

Per rendere più realistica la simulazione numerica si assume ora che il set di misure disponibili sia solamente quelle effettuate in direzione verticale e relative ai nodi 2,3,4,6 e 7. I rimanenti gradi di libertà relativi agli spostamenti orizzontali vengono in tal modo condensati. I risultati ottenuti con questo set di misure sono indicati in Figura 3.6 ed in Figura 3.7 per gli scenari di danneggiamento 1 e 2 rispettivamente. Dai grafici si può notare che il danno nell'asta 9 per lo scenario 1 viene identificato e quantificato con elevata accuratezza, mentre nello scenario 2 l'algoritmo risulta leggermente meno accurato pur mantenendosi tuttavia entro valori di tolleranza più che accettabili, essendo per quest'ultimo caso $WAE=0,3788\%$ e $ME=4,4922\%$.

La seconda applicazione numerica consiste nell'identificazione delle rigidità residue di una trave a due campate supposta in diverse condizioni di danno. La trave è in conglomerato cementizio armato, di sezione rettangolare di 30×50 cm, modulo di Young uguale a 25 GPa, coefficiente di Poisson pari a $\nu = 0,15$, densità specifica $\rho = 2500$ Kg/m³ e lunghezza di ogni campata di $6,00$ m. Si assume un rapporto di smorzamento nullo ($\xi = 0\%$).

La prima analisi che si effettua simula un set di misurazioni effettuate su tutti i nodi comprendenti sia gli spostamenti trasversali che le rotazioni degli stessi. La trave viene discretizzata in 17 nodi e 16 elementi finiti. I tre scenari di danno che si considerano sono quelli indicati in Figura 3.8.

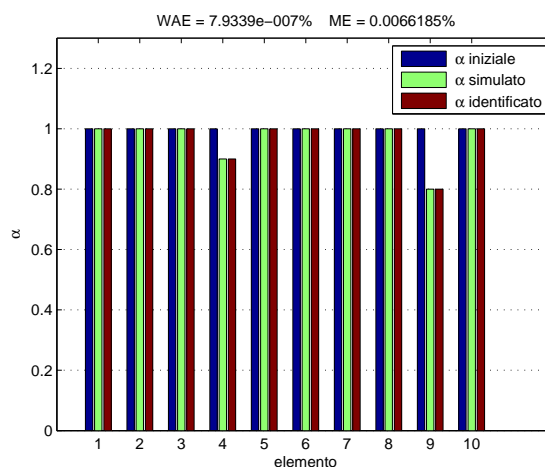


Figura 3.5: Risultati dell’analisi effettuata sulla struttura di Figura 3.3 per lo scenario di danneggiamento 2, simulando le misurazioni in direzione orizzontale e verticale per ogni nodo

scenario di danno	f_1 (Hz)	f_2 (Hz)	f_3 (Hz)	f_4 (Hz)
trave intatta	17,10	25,40	67,10	77,50
scenario 1	17,10	26,60	67,70	79,10
scenario 2	17,00	25,30	66,10	75,90
scenario 3	16,80	25,10	65,90	76,10

Tabella 3.1: Frequenze della trave di Figura 3.8 per i diversi scenari di danneggiamento

In prima istanza si può notare dalla *tabella2.1* che le prime quattro frequenze naturali del sistema per lo stato non danneggiato e per i tre diversi scenari di danneggiamento non si discostano molto tra loro (3.1), rendendo in tal modo difficoltosa una indagine basata sull’identificazione delle sole frequenze naturali o dei modi di vibrare.

I settaggi relativi agli algoritmi genetici comprendono:

- valore limite del valore di fitness oltre il quale l’algoritmo si ferma pari a 10^{-8} ;
- numero massimo di generazioni pari 3000;
- dimensione massima della popolazione fissata a 40 individui (cromosomi);

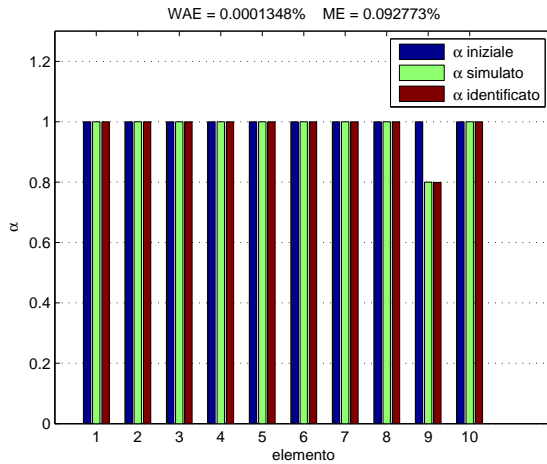


Figura 3.6: Risultati dell'analisi effettuata sulla struttura di Figura 3.3 per lo scenario di danneggiamento 1, simulando le misurazioni in direzione verticale per i nodi 2,3,4,6 e 7

- percentuale di crossover 80%;
- percentuale di mutazione 1%
- 2 elite members per ogni generazione.

In base alle frequenze naturali ricavate per i tre differenti scenari di danno si decide di fissare la frequenza della forzante in entrambe le condizioni di carico a $f = 3,5 \text{ Hz}$, con ampiezza pari a $1,00 \text{ kN}$. I risultati dell'identificazione per la prima condizione di carico nel caso di acquisizione di tutte le misure di tipo traslazionale e rotazionale per ogni nodo sono riportati, rispettivamente per gli scenari di danneggiamento 1,2 e 3, nelle Figure 3.9 - 3.11.

Le misure relative ai gradi di libertà assiali, essendo poco significative, vengono omesse ed tali gradi di libertà condensati.

Si può osservare una buona corrispondenza tra le rigidezze simulate e quelle identificate, confermata anche dagli indici WAE e ME per ogni analisi. Tuttavia, la soluzione adottata consistente nell'effettuare una misura per ogni grado di libertà trasversale e rotazionale può risultare, a livello sperimentale, impraticabile. Si decide così di ripetere le analisi considerando solamente i gradi di libertà trasversali e rotazionali dei nodi 3,6,9 (solo rotazionale), 12 e 15. In Figura 3.12 sono riportati i risultati dell'analisi per la trave nelle condizioni di carico 1 e 2:

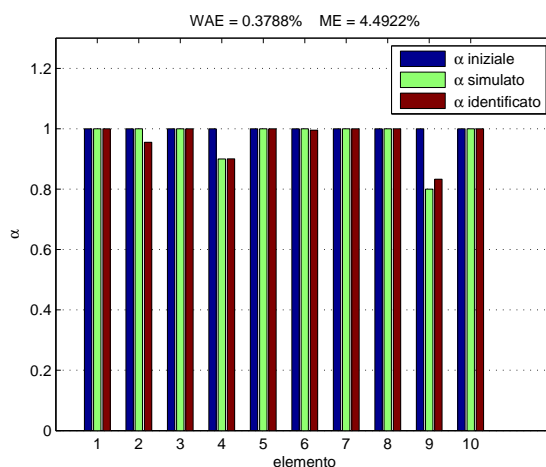


Figura 3.7: Risultati dell’analisi effettuata sulla struttura di Figura 3.3 per lo scenario di danneggiamento 2, simulando le misurazioni in direzione verticale per i nodi 2,3,4,6 e 7

si può notare che i risultati risultano ancora abbastanza accurati, specialmente nel caso del carico di tipo 2 (in basso nella figura).

I risultati della stessa analisi effettuata per gli scenari di danneggiamento 2 e 3 sono riportati in Figura 3.13 e 3.14.

Osservando questi ultimi si evince che il set di misurazioni simulato risulta piuttosto scarso per la corretta identificazione dei parametri. L’altra informazione che se ne ricava è relativa alla sensibilità dell’analisi in funzione della posizione della forzante: in quasi tutti i casi si nota infatti che l’analisi condotta con la forzante posizionata nel nodo 7 fornisce risultati meno accurati dell’analisi condotta con la forzante applicata nel nodo 3, nonostante essa sia in prossimità in tutti gli scenari di danneggiamento dell’appoggio centrale, sul quale sono localizzate le riduzioni di rigidezza maggiori. Dopo alcune prove condotte modificando la posizione della forzante si è constatato che in genere i risultati migliori per ogni scenario di carico si ottengono quando la forzante è applicata nei nodi 3,4 e 5.

Soffermandosi quindi sullo scenario di danneggiamento 1, una ulteriore prova delle potenzialità dell’analisi può essere condotta effettuando il test con le misure di solo spostamento trasversale simulate nei nodi 3,6,12 e 15. Dai risultati riportati in figura 3.15 si nota ancora una accuratezza sufficientemente elevata; i risultati risultano leggermente meno accurati del caso già esposto in Figura 3.12,

Identificazione di danneggiamenti in strutture piane mediante metodi dinamici

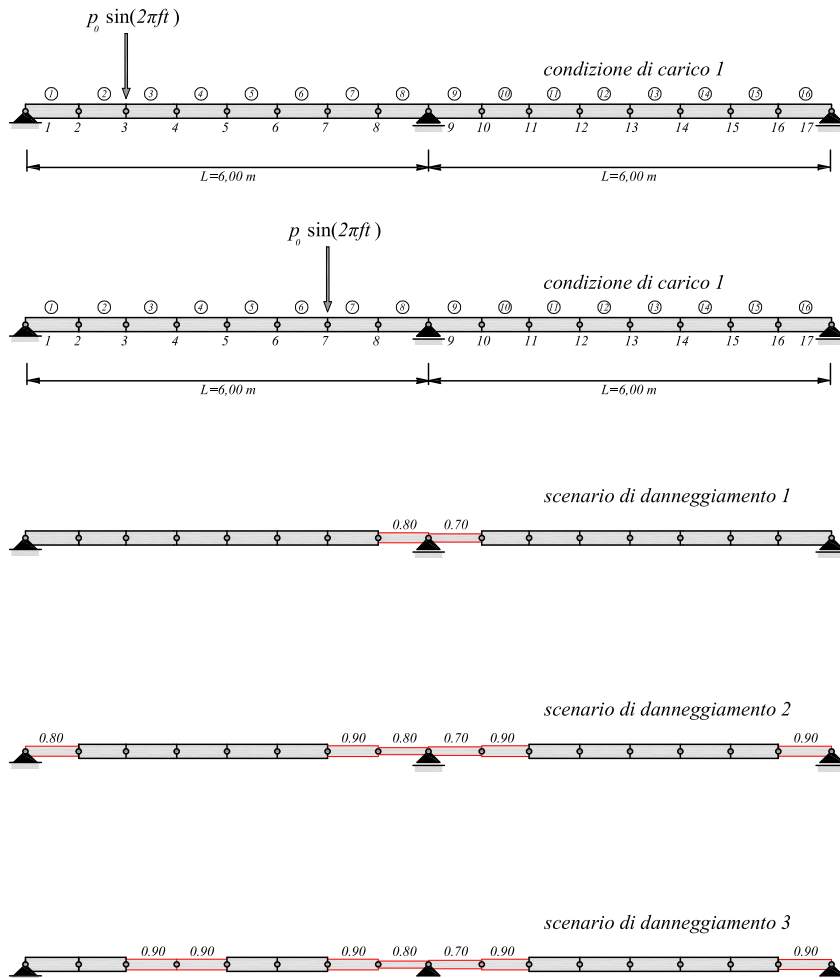


Figura 3.8: Trave a due campate discretizzata in 16 elementi e 17 nodi e scenari di danneggiamento oggetto di studio

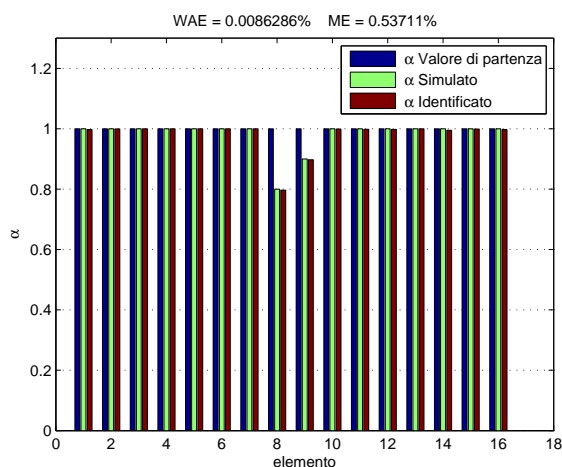


Figura 3.9: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.8 nella condizione di carico 1 per lo scenario di danneggiamento 1, simulando per ogni nodo le misurazioni traslazionali (in direzione verticale) e rotazionali

per il quale l'analisi è stata condotta simulando anche le misurazioni sui gradi di libertà rotazionali dei nodi. Oltre all'aspetto puramente computazionale, associato alla minor numero di informazioni introdotte nella funzione di fitness, ve ne è uno di questione pratica legato al fatto che le misure effettuate con soli sensori che registrano i movimenti traslazionali sono comunque soggette agli effetti delle rotazioni dei sensori stessi [8]. Si fa comunque notare che l'accuratezza raggiunta implica un WAE pari allo 0,2486% ed un ME pari allo 3,2498% per la localizzazione di un doppio danneggiamento effettuata con 4 misure su un totale di 51 gradi di libertà considerati nel modello.

Come terza ed ultima applicazione numerica si considera il telaio di Figura 3.16. Il telaio è in conglomerato cementizio armato, con piedritti a sezione quadratadi $35 \times 35 \text{ cm}$ e traversi a sezione rettangolare di $30 \times 40 \text{ cm}$. Il modulo di Young si assume pari a 25 GPa ed il coefficiente di Poisson pari a $\nu = 0,15$. La densità specifica è $\rho = 2500 \text{ Kg/m}^3$.

La forzante armonica, di ampiezza pari ad 1 kN , viene applicata al nodo 5, inclinandola di 45° in maniera tale da attivare quanto più possibile sia i gradi di libertà traslazionali verticali ed orizzontali. In base alle prime quattro frequenze naturali riportate in *tabella2.2* si fissa una frequenza della forzante pari a $3,5 \text{ Hz}$: in questo modo, essendo lontana dalle frequenze di risonanza, gli effetti dello smorzamento possono essere trascurati e si può porre pertanto

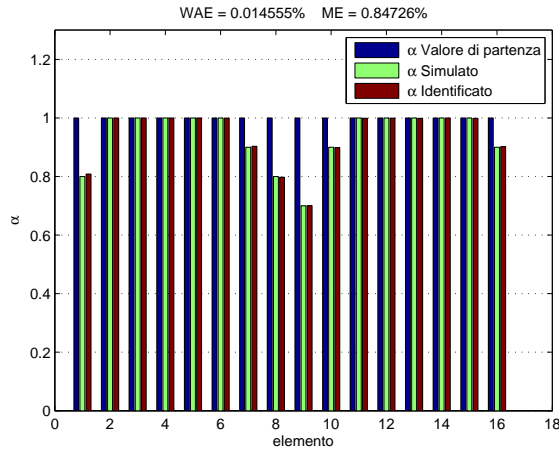


Figura 3.10: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.8 nella condizione di carico 1 per lo scenario di danneggiamento 2, simulando per ogni nodo le misurazioni traslazionali (in direzione verticale) e rotazionali

scenario di danno	f_1 (Hz)	f_2 (Hz)	f_3 (Hz)	f_4 (Hz)
telaio intatto	14,10	38,20	48,00	94,40
scenario 1	13,90	37,80	47,90	94,30
scenario 2	13,80	37,60	47,60	93,50

Tabella 3.2: Frequenze naturali del telaio di Figura 3.16 per i diversi scenari di danneggiamento

$\xi = 0\%$.

L'ipotesi che si fa è quella per cui i soli nodi raggiungibili per l'applicazione dei sensori siano il 2,4,7,9,13 e 15. Ai nodi 2,9 e 15 si ipotizza di applicare dei sensori che rilevino i soli spostamenti traslazionali in direzione orizzontale, mentre nei nodi 4,7 e 13 dei sensori che rilevino sia gli spostamenti in direzione orizzontale che gli spostamenti angolari. Tutti i rimanenti gradi di libertà vengono condensati nell'analisi. I risultati forniti dal programma con le ipotesi assunte sono riportati in Figura 3.17 e 3.18. In entrambi i casi può osservarsi una buona corrispondenza tra i parametri α simulati e quelli identificati.

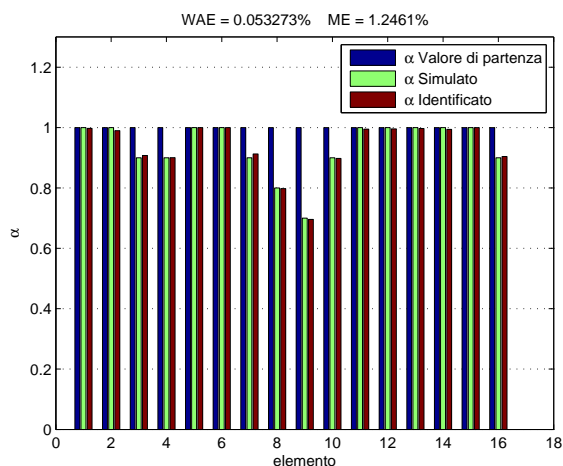


Figura 3.11: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.8 nella condizione di carico 1 per lo scenario di danneggiamento 3, simulando per ogni nodo le misurazioni traslazionali (in direzione verticale) e rotazionali

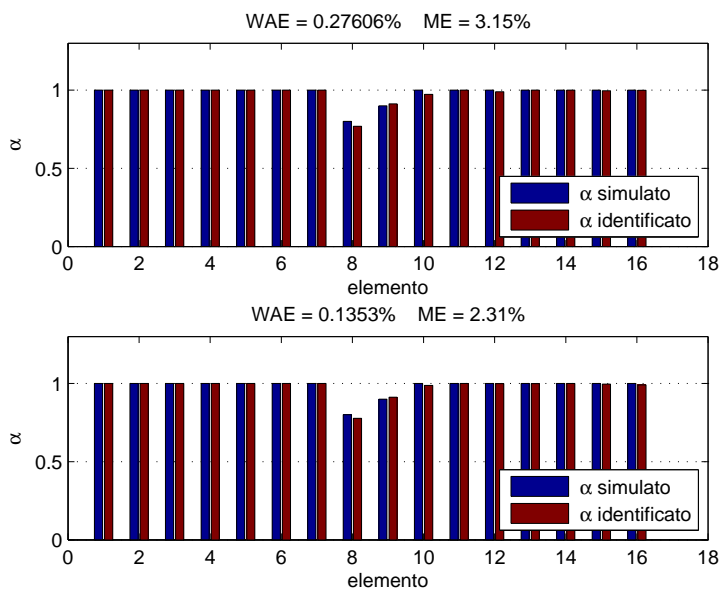


Figura 3.12: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.8 in condizione di carico 1 (in alto) e 2 (in basso) per lo scenario di danneggiamento 1. Le misurazioni (di tipo traslazionale e rotazionale) sono state simulate per i nodi 3,6,9,12,15

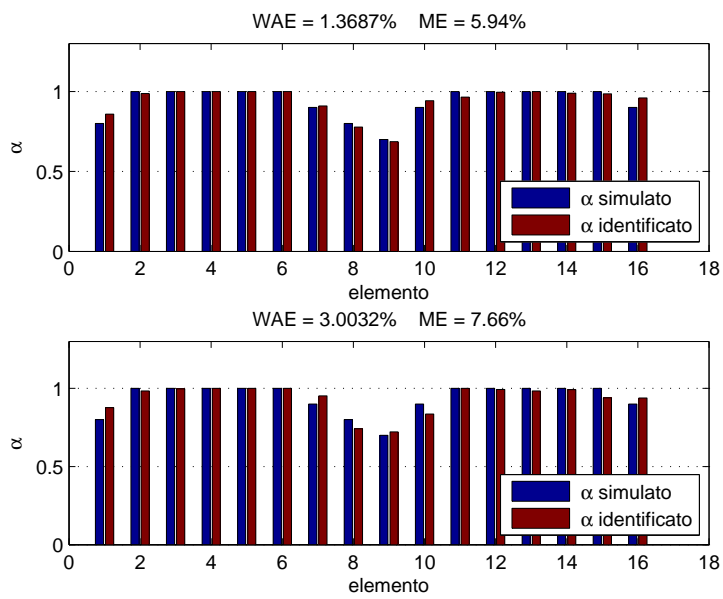


Figura 3.13: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.8 in condizione di carico 1 (in alto) e 2 (in basso) per lo scenario di danneggiamento 2. Le misurazioni (di tipo traslazionale e rotazionale) sono state simulate per i nodi 3,6,9,12,15

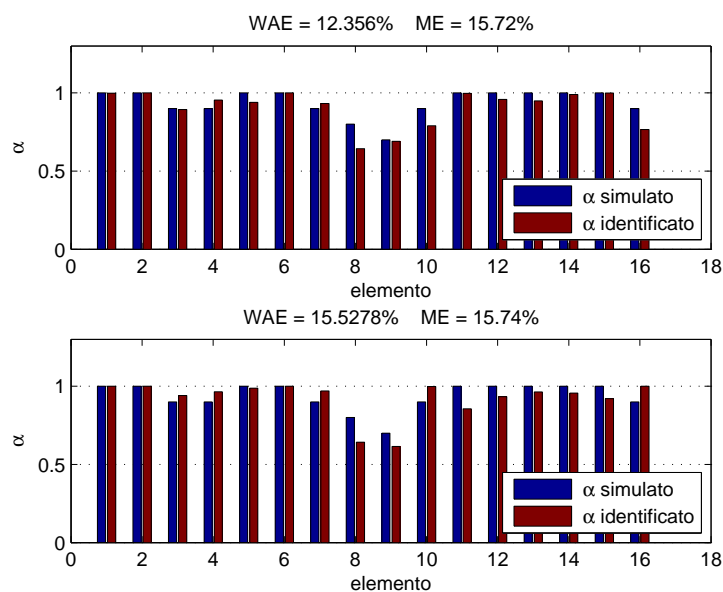


Figura 3.14: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.8 in condizione di carico 1 (in alto) e 2 (in basso) per lo scenario di danneggiamento 3. Le misurazioni (di tipo traslazionale e rotazionale) sono state simulate per i nodi 3,6,9,12,15

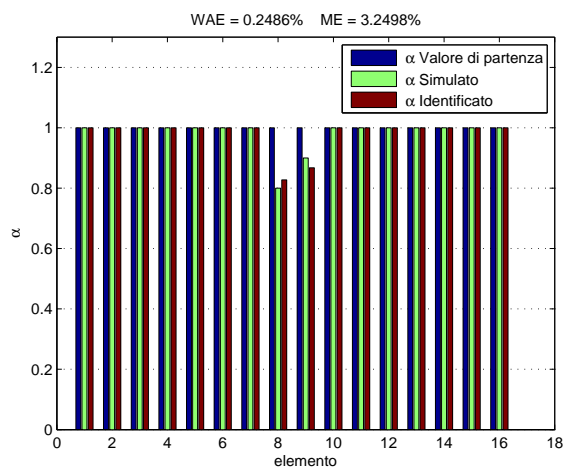


Figura 3.15: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.8 in condizione di carico 1 per lo scenario di danneggiamento 1. Le misurazioni (di solo tipo traslazionale in direzione verticale) sono state simulate per i nodi 3,6,12 e 15

Identificazione di danneggiamenti in strutture piane mediante metodi dinamici

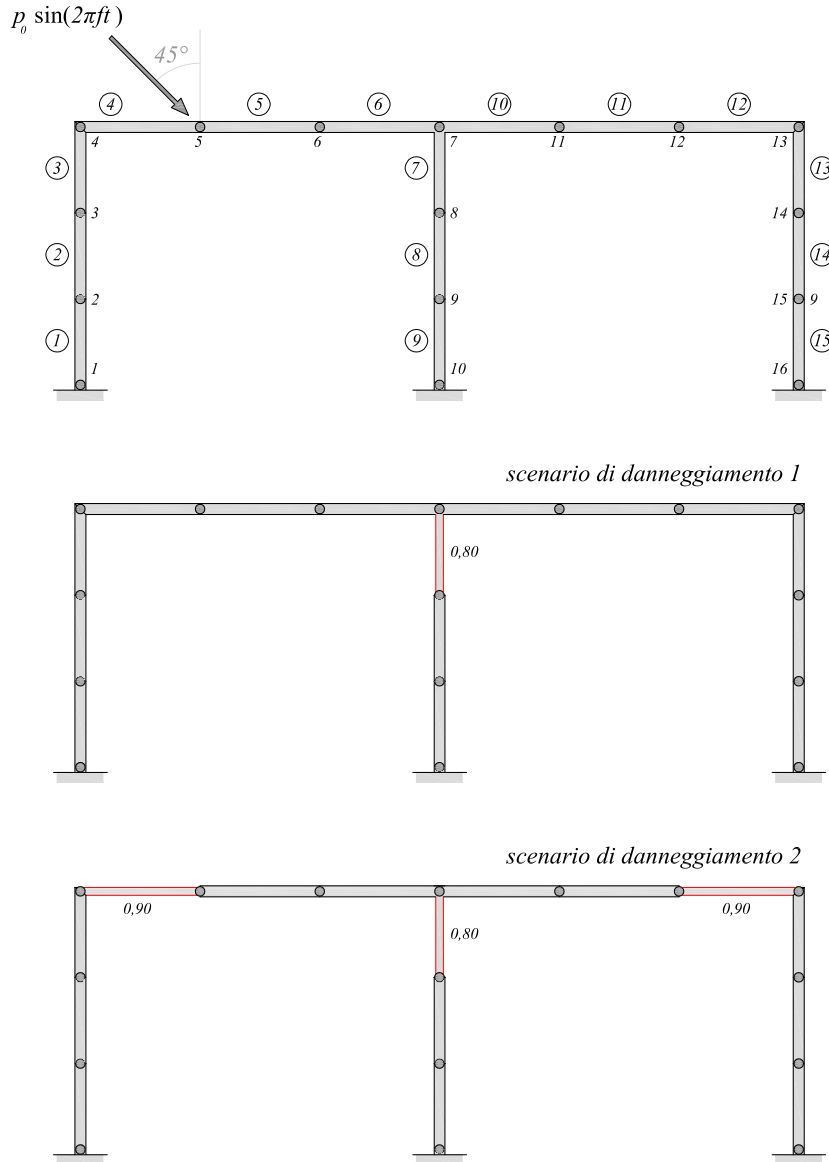


Figura 3.16: Telaio discretizzato e scenari di danneggiamento

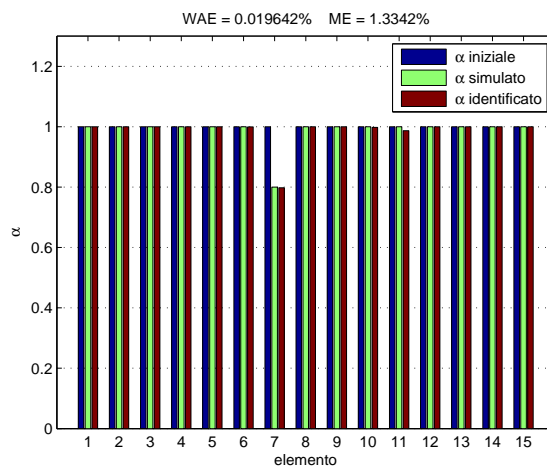


Figura 3.17: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.16 per lo scenario di danneggiamento 1. Le misure simulate sono quelle di traslazione orizzontale per i nodi 2, 9 e 15 e di traslazione orizzontale e rotazione per i nodi 4, 7 e 13

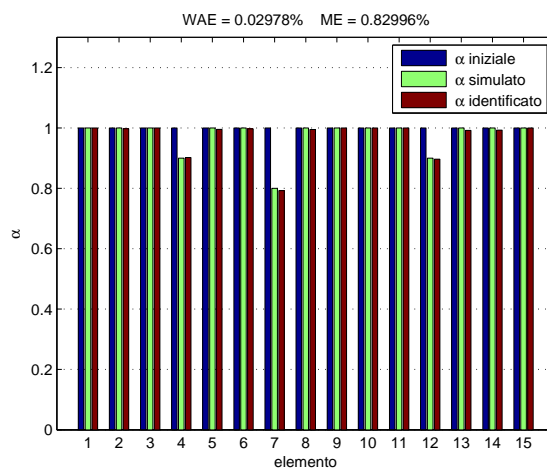


Figura 3.18: Risultati dell'analisi effettuata sulla trave di Figura 3.16 per lo scenario di danneggiamento 2. Le misure simulate sono quelle di traslazione orizzontale per i nodi 2,9 e 15 e di traslazione orizzontale e rotazione per i nodi 4,7 e 13

3.6 Osservazioni conclusive

Le analisi numeriche esposte nel precedente paragrafo dimostrano che l'accuratezza del metodo di identificazione basato sulla misura della risposta in ampiezza di un sistema sollecitato da forzante armonica dipende strettamente dal numero di danneggiamenti, dal numero di misure effettuate e dalla posizione della forzante armonica. In generale, se la struttura si trova in condizioni di danneggiamento molto severe, è necessario effettuare diverse prove di carico e disporre di almeno l'80% delle misure sui gradi di libertà del modello FEM implementato. Nel caso invece di uno o due danneggiamenti, il programma riesce ad identificare la rigidità residua degli elementi interessati pur disponendo di poche misure, compatibilmente con la geometria della struttura e le condizioni di carico. Può accadere infatti che certe condizioni di carico o certi set di misure siano poco sensibili al danno presente, rendendo quindi necessario effettuare delle prove di carico e delle misure diversificate tra loro. Dato che il tipo di analisi coinvolge, per sua stessa natura, tutte le caratteristiche meccaniche della struttura, risulta in ogni caso vantaggioso disporre di misure globali (ovvero che coprano quanto più possibile la struttura stessa).

Spesso può risultare vantaggioso anche operare sui parametri degli algoritmi genetici. Ad esempio si può agire sulla funzione di fitness, modificandola in modo da renderla più sensibile ai parametri α (si ricorda infatti che l'obiettivo da conseguire è quello di rendere la funzione di fitness il più sensibile possibile al parametro che si vuole identificare ed il meno possibile ai rimanenti parametri del problema). Spesso può aiutare anche l'imposizione di certi limiti del dominio di ricerca della soluzione; ad esempio, quando si possiede già a priori la conoscenza di uno o più parametri da stimare (vale a dire che è già nota la rigidità di alcuni elementi della struttura): in questo caso infatti tali parametri possono essere direttamente settati all'interno di qualsiasi cromosoma della popolazione, restringendo in tal modo il campo di ricerca ai rimanenti parametri (geni) che compongono il cromosoma, cioè il vettore soluzione del problema. Non si deve comunque trascurare in tutto l'effetto dell'aleatorietà della procedura sul risultato finale.

Capitolo 4

IDENTIFICAZIONE DI OCCLUSIONI IN RETI DI CONDOTTE IN PRESSIONE

4.1 Introduzione

In questo capitolo verrà presentato un modello agli elementi finiti per il calcolo delle reti di condotte in pressione e per l'identificazione di eventuali occlusioni, ovvero di depositi formantisi all'interno delle condotte, di aventi un'estensione variabile. Procedure generali per l'analisi di reti di condotte sono state sviluppate fin dal 1936 quando Hardy-Cross (HC) presentarono il loro *corrective loop method*, caratterizzato però da una convergenza alla soluzione relativamente lenta.

Questo inconveniente può essere superato con il metodo di Newton-Raphson (NR), con il quale si determinano contemporaneamente tutte le portate corrette e le altezze piezometriche ai nodi nella matrice Jacobiana. Mentre la convergenza del metodo di HC è lineare, quella del metodo di NR è quadratica: questo implica che, per quest'ultimo metodo, ogni residuo al passo corrente è proporzionale alla radice quadrata del residuo del passo precedente (Jeppson, 1982). I risultati ottenuti con il metodo di NR possono dipendere altamente dal

set di valori assunti all'inizio dell'analisi (Jeppson, 1982). Inoltre, la necessità di calcolare le derivate di ogni equazione delle portate rispetto ogni equazione correttiva delle stesse, può portare a calcoli talvolta computazionalmente molto onerosi.

Il metodo lineare (LT) è stato proposto per la prima volta da Wood e Charles (1972). Il vantaggio di questo metodo è direttamente legato alla sua rapida convergenza senza la necessità di una stima iniziale delle portate o del calcolo di delle derivate come nel caso del metodo di NR. In esso le portate diventano le variabili dipendenti e le pressioni nodali vengono calcolate in funzione di esse.

Bralts e Bralts e Segerlind (1985) sono stati i primi ad applicare il metodo degli elementi finiti (FEM) al calcolo delle reti di condotte, in particolare a quello delle reti di irrigazione. Haghighi e al. (1988; 1989) e Saldivia e al. (1990) hanno esteso il lavoro di Bralts e Segerlind alle reti di irrigazioni tenendo conto delle varie componenti e dispositivi idraulici presenti nella rete stessa. Una ulteriore estensione, comprendente anche l'ottimizzazione dal punto di vista economico, è stata fornita da Mohtar e al. (1991).

In questo capitolo si intende ampliare il lavoro già proposto da Mohatr in maniera tale da tener conto delle diversità dei fluidi con riferimento particolare alle proprietà fisiche che essi presentano in relazione alle variazioni di temperatura (densità e viscosità dinamica in particolar modo): questo aspetto è di notevole importanza se si pensa all'estensione delle reti di trasporto degli idrocarburi (condotte lunghe centinaia di chilometri) ed alle innate caratteristiche di viscosità degli stessi.

4.2 Equazioni del moto stazionario nelle condotte

Dalla dinamica dei fluidi è noto che le caratteristiche del flusso di un fluido possono essere determinate applicando ad un volume di controllo CV i principi di:

1. Bilancio di massa;
2. Bilancio della quantità di moto;
3. bilancio dell'energia.

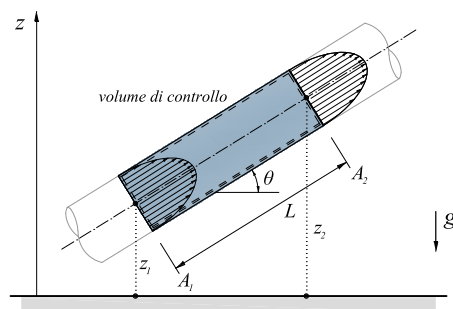


Figura 4.1: Volume di controllo in una condotta inclinata

1) Bilancio di massa

Indicando con CS la superficie racchiudente il volume CV , la forma integrale della legge di bilancio della massa risulta

$$\frac{\partial}{\partial t} \int_{CV} \rho dV = \int_{CS} \rho \mathbf{u} \cdot \mathbf{n} dS \quad (4.1)$$

nella quale ρ indica la densità del fluido, \mathbf{u} la velocità in un punto, \mathbf{n} la normale esterna di modulo unitario alla superficie CS e t il tempo.

Il primo termine rappresenta l'accumulo di massa nel tempo nel volume di controllo ed è quindi nullo nel caso di flusso stazionario. Il prodotto $\mathbf{u} \cdot \mathbf{n}$ fornisce la componente della velocità \mathbf{u} diretta secondo la normale al suo punto di applicazione giacente su CS . Nel caso di flusso stazionario di un liquido a densità costante all'interno di una condotta il principio di conservazione della

Identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione

massa (4.1) è generalmente indicato come *principio di continuità*, e può essere riscritto come

$$Q = \int_A u dA = \bar{V}_1 A_1 = \bar{V}_2 A_2 \quad (4.2)$$

nella quale A_i rappresenta l'area trasversale nell' i -esima sezione della condotta, \bar{V}_i la velocità media e Q la portata volumetrica all'interno della condotta. Per una condotta a sezione costante si ha pertanto

$$A = A_1 = A_2 \quad (4.3)$$

e pertanto risulta

$$\bar{V}_1 = \bar{V}_2 \quad (4.4)$$

2) Bilancio della quantità di moto

La legge di bilancio della quantità di moto in forma integrale è espressa dalla

$$\int_{CS} (\rho \mathbf{u}) (\mathbf{u} \cdot \mathbf{n}) dS = \int_{CV} \rho \mathbf{f} dV + \int_{CS} \boldsymbol{\Sigma} dS \quad (4.5)$$

nella quale il vettore \mathbf{f} indica le forze di volume ed il vettore $\boldsymbol{\Sigma}$ le forze di superficie.

Considerando la componente di questa equazione nella direzione del flusso, per valutare i termini nella sezione di entrata 1 e di uscita 2, tenendo conto della (4.4), si può notare che il profilo delle velocità è il medesimo in entrambe le sezioni. Pertanto, dato che il momento di trasporto nella sezione di uscita bilancia quello nella sezione di entrata, il momento di trasporto globale nella direzione del flusso è nullo.

Con riferimento alla Figura 4.1, la forza di volume agente nella direzione del flusso è data dalla

$$\int_{CV} \rho (-g \sin \theta) dV = -\rho g \sin \theta \int_{CV} dV = -\rho g V \sin \theta \quad (4.6)$$

nella quale g indica l'accelerazione di gravità e V il volume di CV . Poichè

$$L \sin \theta = z_2 - z_1 \quad (4.7)$$

la (4.6) può essere riscritta come

$$-\rho g A L \sin \theta = -(z_2 - z_1) \rho g A \quad (4.8)$$

Considerando ora la forza di superficie, data dal contributo della pressione agente ad ogni estremità di CV

$$p_1 A - p_2 A \quad (4.9)$$

ed il contributo dato dalle azioni tangenziali esercitate dalla parete della condotta sul fluido

$$\bar{\tau}_{wall} A_{wall} \quad (4.10)$$

dove $\bar{\tau}_{wall}$ sono le forze tangenziali medie e A_{wall} è l'area della parete della condotta a contatto con il fluido, la forza totale di superficie nella direzione del flusso risulta

$$p_1 A - p_2 A - \bar{\tau}_{wall} A_{wall} \quad (4.11)$$

Il bilancio della quantità di moto nella direzione del flusso assume la forma

$$-(z_2 - z_1) \rho g A + p_1 A - p_2 A - \bar{\tau}_{wall} A_{wall} = 0 \quad (4.12)$$

da cui, dopo alcuni riarrangiamenti, è possibile ottenere

$$p_1 - p_2 = \rho g (z_2 - z_1) - \frac{\bar{\tau}_{wall} A_{wall}}{A} \quad (4.13)$$

ed infine

$$\left(\frac{p_1}{\rho g} + z_1 \right) - \left(\frac{p_2}{\rho g} + z_2 \right) = \frac{\bar{\tau}_{wall} A_{wall}}{\rho g A} \quad (4.14)$$

La (4.13) mostra che la differenza di pressione in una condotta rettilinea di lunghezza L , sezione trasversale di area costante A e percorsa da un fluido in regime di moto stazionario, è determinata dalla differenza in elevazione tra le due sezioni di passaggio 1 e 2 e l'attrito viscoso (espresso in termini di azioni tangenziali esercitate dal muro sul fluido).

La (4.14) mostra invece che l'azione tangenziale media $\bar{\tau}_{wall}$ può essere misurata attraverso misure di caduta di pressione e in termini di differenza in elevazione fra le sezioni di estremità della condotta.

3) Bilancio dell'energia

Identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione

Nel caso più generale di condotte a sezione variabile, dalla dinamica dei fluidi è noto che per un fluido Euleriano incompressibile, in regime di moto stazionario e soggetto ad un campo gravitazionale di tipo conservativo la variazione di energia meccanica posseduta dal fluido nel passaggio dalla sezione 1 alla sezione 2 è data dalla

$$\left(\frac{\bar{V}_1^2}{2g} + \frac{p_1}{\rho g} + z_1 \right) - \left(\frac{\bar{V}_2^2}{2g} + \frac{p_2}{\rho g} + z_2 \right) = \frac{\bar{\tau}_{wall} A_{wall}}{\rho g A} \quad (4.15)$$

nella quale ogni termine della è rappresentato dimensionalmente da una lunghezza. La (4.15) rappresenta l'equazione di bilancio dell'energia per una condotta attraversata da un fluido incompressibile in regime di moto stazionario.

In generale accade che le perdite di carico in una condotta non sono determinate unicamente dall'attrito fluido-parete: esistono infatti altre fonti (local losses) quali, ad esempio, valvole, raccordi angolari o raccordi a curvatura, diffusori, contrattori, etc.

Più in generale può quindi porsi

$$\left(\frac{\bar{V}_1^2}{2g} + \frac{p_1}{\rho g} + z_1 \right) - \left(\frac{\bar{V}_2^2}{2g} + \frac{p_2}{\rho g} + z_2 \right) = h_T = h_L + \sum_i h_{l, i} \quad (4.16)$$

in cui il termine h_T indica la perdita di carico totale, la quale è data dalla somma di h_L , perdita di carico associata all'attrito fluido-parete, espressa dalla

$$h_L = \frac{\bar{\tau}_{wall} A_{wall}}{\rho g A} \quad (4.17)$$

ed $h_{l, i}$, che indica la generica i -esima perdita di carico locale (descritta in dettaglio nei paragrafi a seguire).

4.3 Perdite di carico

Come già fatto notare nel precedente paragrafo, il termine h_T che compare nell'eq. (4.16) è il responsabile di due tipi di fenomeni cui sono soggetti i fluidi reali: perdite di carico dovute all'attrito fluido-parete, e perdite di carico aggiuntive causate da interferenze locali esercitate da dispositivi idraulici (valvole, raccordi, diffusori, contrattori ecc.) che disturbano il flusso generando distacchi della vena fluida dalla parete e inducono maggiori dissipazioni energetiche.

La perdita di carico dovuta all'attrito (h_L), risulta pertanto sempre presente lungo tutta la lunghezza della condotta, ed è quella che in genere induce le perdite di carico di entità maggiore. Le perdite di carico locali (h_M) vengono anche dette minori, in quanto non contribuiscono (individualmente ed anche complessivamente, nel caso lungo la condotta fossero presenti in un numero maggiore di uno) significativamente alla definizione del regime di moto, venendo spesso, per questo motivo, trascurate nelle analisi.

4.3.1 Perdite di carico distribuite: formula di Darcy-Weisbach

La relazione $\bar{\tau}_{wall} = F(V, D, \rho, \mu, e)$ che intercorre tra l'azione tangente media esercitata dalla parete sul fluido $\bar{\tau}_{wall}$, la velocità V , il diametro della condotta D , la densità del fluido ρ , la viscosità dinamica del fluido μ e la scabrezza assoluta e può essere ricondotta mediante l'analisi dimensionale (Teorema di Buckingham) alla seguente relazione

$$\frac{\bar{\tau}_{wall}}{\rho V^2} = F\left(\frac{\rho V D}{\mu}, \frac{e}{D}\right) = \frac{f}{8} \quad (4.18)$$

nella quale f indica il coefficiente d'attrito. Espandendo il volume di controllo CV fino ad includere l'area trasversale della condotta (supposta a diametro D costante) ed integrando lungo la lunghezza L della stessa si perviene, dopo qualche passaggio, alla relazione che lega h_L e $\bar{\tau}_{wall}$

$$\bar{\tau}_{wall} = \rho g h_L \frac{D}{4L} = S_g h_L \frac{D}{4L} \quad (4.19)$$

nella quale il termine S_g è l'abbreviazione di Specific Gravity.

Combinando la (4.18) con la (4.19) si ottiene la relazione che intercorre tra la perdita di carico per effetto dell'attrito h_L e la portata Q nella condotta, nota anche come formula di *Darcy-Weisbach*

$$h_L = f \frac{L}{D} \frac{V^2}{2g} = f \frac{L}{D} \frac{Q^2}{2gA^2} = \frac{8fL}{g\pi^2 D^5} Q^2 = kQ^2 \quad (4.20)$$

4.3.2 Coefficiente d'attrito

Nell' Eq. (4.18) il coefficiente d'attrito f è stato introdotto come una notazione abbreviata della funzione $F\left(\frac{\rho VD}{\mu}, \frac{e}{D}\right)$. Esso è funzione del numero di Reynolds

$$Re = \frac{\rho VD}{\mu} = \frac{VD}{\nu} \quad (4.21)$$

e della scabrezza relativa $\frac{e}{D}$. Nella (4.21) il termine $\nu = \frac{\mu}{\rho}$ indica la viscosità cinematica del fluido. Il flusso stazionario del fluido all'interno della condotta può possedere caratteristiche di laminarità o turbolenza a seconda dei valori assunti dal numero di Reynolds. Per bassi valori di Re dominano le forze viscosi e il flusso risulta stabile: è questo il caso del moto laminare, per il quale i filetti fluidi fluiscono all'interno della condotta più o meno parallelamente tra loro. Il passaggio da una condizione di flusso stabile ad una di flusso instabile, nel quale sono le forze di inerzia a dominare, è caratterizzato da valori del numero di Reynolds pari all'incirca a $Re = 2300$: in questo caso il moto è turbolento, ed è caratterizzato da un flusso disordinato dei filetti fluidi.

Poichè le condotte presenti in commercio, di qualunque materiale, possiedono caratteristiche molto eterogenee tra loro in termini di scabrezza assoluta e , il coefficiente d'attrito f può essere stimato solo con modesta precisione. La relazione tra f , Re e e/D viene generalmente graficata nel diagramma di Moody, mostrato in Figura 4.2

In condizioni di flusso laminare il coefficiente d'attrito f può essere assunto come

$$f = \frac{64}{Re} \quad (4.22)$$

dalla quale si evince chiaramente che, nel caso di moto laminare, le cadute di pressione date dalla (4.20) non dipendono dalla scabrezza relativa. Nel caso di flusso turbolento il coefficiente di attrito può essere valutato utilizzando la formula di Colebrook

$$\frac{1}{\sqrt{f}} = -2.0 \log \left(\frac{e/D}{3.7} + \frac{2.51}{\sqrt{f} Re} \right) \quad (4.23)$$

la quale, essendo trascendente, richiede un calcolo iterativo di f una volta fissati i valori della scabrezza relativa e del numero di Reynolds.

Un'altra equazione empirica per il calcolo di f , avente il vantaggio di non richiedere iterazioni, è quella proposta da Chen

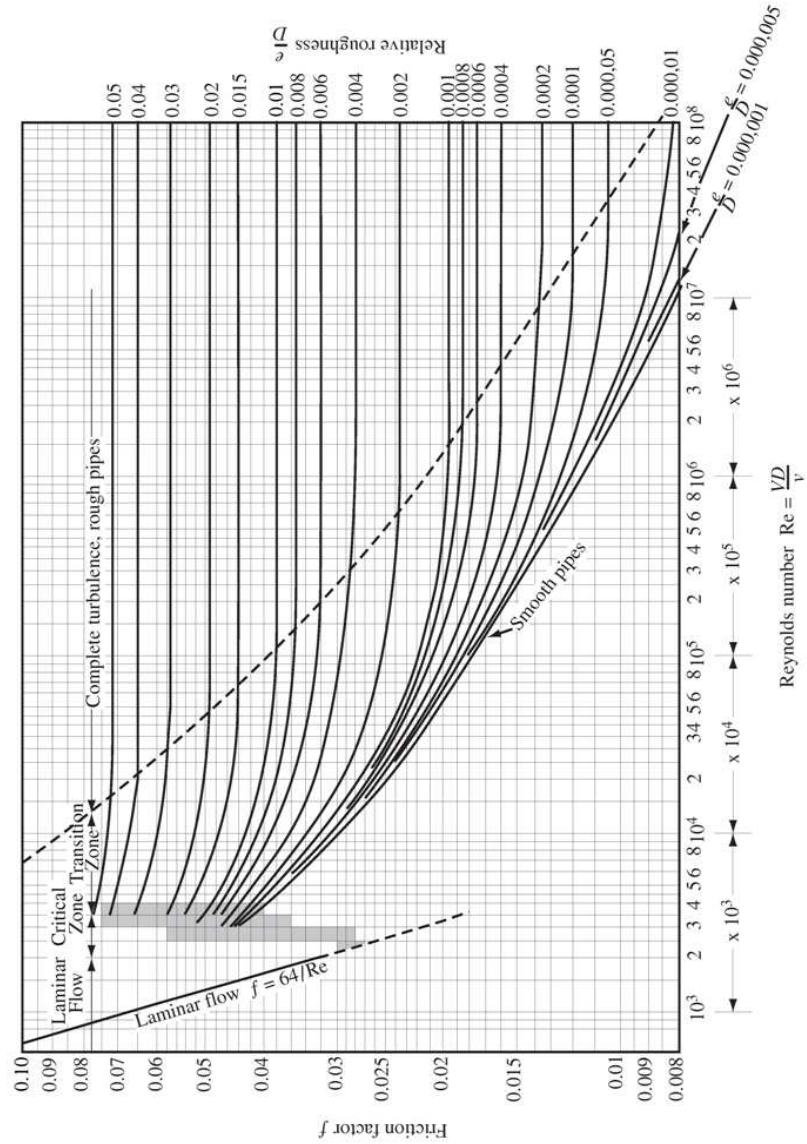


Figura 4.2: Diagramma classico di Moody per la determinazione del coefficiente d'attrito f

$$f = \left\{ -2.0 \log \left[\frac{e/D}{3.7065} - \frac{5.0452}{Re} \log \left(\frac{(e/D)^{1.1098}}{2.8257} + \frac{5.8506}{Re^{0.8981}} \right) \right] \right\} \quad (4.24)$$

È da rilevare il fatto che il valore di f ottenuto mediante le (4.22), (4.23) e (4.24) risulta in genere affetto da un errore del $\pm 10\%$. Nel calcolo del coefficiente d'attrito bisogna inoltre tenere presente che le condotte tendono a degradarsi durante il loro periodo di servizio per effetto di depositi biologici, corrosione o altro. Per questo motivo, la scabrezza assoluta di una condotta nuova è generalmente molto inferiore di quella di una condotta in servizio da molti anni.

Haaland (1983) ha mostrato che i valori forniti dalla (4.23) risultano relativamente inaccurati quando $2300 < Re < 10000$ e nel caso di transizione da condotte con piccole disuniformità della scabrezza superficiale a condotte con grandi disuniformità della stessa. Lo stesso Haaland ha pertanto proposto la seguente formulazione:

$$\frac{1}{\sqrt{f}} = -\frac{2.0}{u_s} \log \left[\left(\frac{1.547}{\sqrt{f} Re} \right)^{0.9445 u_s} + \left(\frac{e/D}{3.7} \right)^{u_s} \right] \quad (4.25)$$

dove il termine u_s indica il fattore di uniformità della scabrezza e vale 1 nel caso di grandi disuniformità (è quello che fornisce un f maggiore), 3 nel caso di disuniformità di media entità e 10 nel caso di piccole disuniformità (è il meno conservativo, ovvero quello che fornisce un f minore).

4.3.3 Perdite di carico concentrate

Una perdita di carico locale è causata generalmente dalla distorsione del flusso (cambio di direzione e geometria) per opera di elementi quali valvole, raccordi angolari ed altri componenti. Tale perdita di carico risulta ovviamente distribuita su una, seppur piccola, lunghezza della condotta, ma di consuetudine in idraulica la si considera concentrata tutta unicamente nel punto della condotta in cui il dispositivo è installato. Normalmente la teoria risulta insufficiente a quantificare l'entità dell'energia dissipata, così tali perdite sono spesso ottenute sperimentalmente dalla stessa ditta produttrice del dispositivo.

Le perdite di carico locali (o minori) vengono usualmente calcolate mediante la formula

$$h_l = K_L \frac{V^2}{2g} \quad (4.26)$$

nella quale $V = Q/A$ è la velocità del fluido nella sezione di entrata dello flusso nella condotta e K_L il coefficiente di perdita di carico localizzata.

L'energia dissipata è una conseguenza principalmente dovuta alla turbolenza del fluido causata dalla presenza del dispositivo. Normalmente una accelerazione locale del fluido determina una minore perdita di carico rispetto ad una decelerazione dello stesso. Se la decelerazione è troppo rapida, infatti, si ha un distacco della vena fluida con conseguente aumento della turbolenza ed aumento della velocità nella zona non interessata dal distacco con la formazione di possibili vorticità locali.

a) Raccordi ad angolo

La formazioni di zone vorticose nel punto deviazione dell'asse della condotta induce, come già fatto notare in precedenza, una separazione della vena fluida, con la creazione del meccanismo conosciuto anche con il nome di vena contratta. Attraverso tale meccanismo, l'energia meccanica viene convertita in calore mediante una dissipazione di tipo viscoso. La perdita di carico dovuta alla presenza di tale dispositivo può essere attenuata inserendo delle guide interne che riducono il distacco della vena fluida.

Per questo tipo di dispositivo il coefficiente di perdita locale K_L è dato dalla

$$K_L = 0.442\alpha^{2.17} \quad (4.27)$$

in cui α rappresenta l'angolo di deviazione dell'asse della condotta espresso in radianti.

b) Raccordi circolari

Un approccio differente rispetto a quello appena illustrato, volto alla riduzione delle perdite di carico, consiste nell'impiego di una curvatura graduale dell'asse della condotta.

In questo caso, rispetto al precedente, si ha un minore distacco della vena fluida anche in assenza di canali guida, con conseguente minore formazione di vortici e minore energia dissipata. L'equazione proposta da Swamee (1990) che fornisce il coefficiente di perdita di carico è

$$K_L = \left[0.0733 + 0.923 \left(\frac{R}{D} \right)^{3.5} \right] \alpha^{0.5} \quad (4.28)$$

nella quale R indica il raggio di curvatura del raccordo, D il diametro della condotta ed α l'angolo di deviazione dell'asse della condotta espresso in radianti.

c) Diffusori e contrattori

Idelchik (1992) ha dimostrato che, per diffusori aventi una direttrice della parete inclinata formante un angolo β con l'asse della condotta, le perdite di carico risultano minime se $\beta \leq 22,5^\circ$, in quanto non si hanno distacchi della vena fluida dalla parete. Per valori di β relativamente alti invece i distacchi dei filetti fluidi diventano dominanti e la sezione conica si comporta di fatto come un allargamento brusco della sezione. Una correlazione semplificata tra il coefficiente K_L e l'angolo β è data dalle:

$$K_L = 2.6 \left[1 - \left(\frac{D_{in}}{D_{out}} \right)^2 \right]^2 \sin \beta \quad \text{per } \beta \leq 22,5^\circ \quad (4.29)$$

$$K_L = 2.6 \left[1 - \left(\frac{D_{in}}{D_{out}} \right)^2 \right]^2 \quad \text{per } 22,5^\circ \leq \beta \leq 90^\circ \quad (4.30)$$

dove D_{in} indica il diametro della sezione di entrata del flusso e D_{out} il diametro della sezione di uscita.

Analogamente, nel caso di un contrattore per il quale una direttrice della parete conica inclinata forma un angolo β con l'asse della condotta, Idelchik ha fornito le seguenti formule:

$$K_L = 0.8 \left[1 - \left(\frac{D_{out}}{D_{in}} \right)^2 \right] \sin \beta \quad \text{per } \beta \leq 22,5^\circ \quad (4.31)$$

$$K_L = 0.5 \left[1 - \left(\frac{D_{out}}{D_{in}} \right)^2 \right] \sqrt{\sin \beta} \quad \text{per } 22,5^\circ \leq \beta \leq 90^\circ \quad (4.32)$$

Valvole

Le valvole ricoprono un ruolo molto importante tra i vari dispositivi che causano perdite di carico generalizzate nelle reti di condotte. Data la grande varietà di valvole presenti in commercio, non ci sono testi di riferimento generali che riescano a coprire integralmente l'argomento. Il lettore interessato può comunque trovare una trattazione approfondita nel testo di Crane *Flow of Fluids - Through Valve, Fittings and Pipes* ed in quello di T.Christopher Dickenson *Valves, Piping and Pipelines Handbook*.

Le ditte produttrici di valvole in genere forniscono nei cataloghi e nelle caratteristiche tecniche il valore del coefficiente K_L , il quale può assumere valori compresi tra 0,1 e 15000 a seconda del tipo di valvola e della sua percentuale di apertura.

4.4 Termoidraulica delle reti di condotte: dipendenza del flusso dalla temperatura

La termoidraulica tiene conto delle variazioni della temperatura e degli scambi termici con l'ambiente circostante del fluido durante il suo moto. Questo è in contrasto con l'idraulica isoterma, nella quale non ci sono significative variazioni di temperatura del fluido all'interno delle condotte. In molti casi accade che il liquido venga riscaldato prima di essere immesso nella rete: ad esempio, prima di essere inviato ad una stazione di pompaggio, un fluido può essere riscaldato fino ad una certa temperatura in modo da diminuirne la viscosità, riducendo in tal modo il lavoro necessario da fornire alla pompa che lo andrà a reimmettere all'interno della rete.

Nell'esposizione delle equazioni dell'idraulica classica ci si è concentrati sul flusso stazionario del fluido nella condotta senza porre molta attenzione alle variazioni di temperatura che lungo di essa possono verificarsi: in definitiva, si è assunto che la temperatura del fluido nella sezione di uscita della condotta fosse uguale a quella della sezione di entrata.

Nel moto isoterma, una volta definita la temperatura del fluido nella sezione di entrata della condotta (o nella rete intera di condotte), rimangono fissate le proprietà come la specific gravity e la viscosità, mediante le quali è possibile calcolare il numero di Reynolds e, attraverso esso, il coefficiente d'attrito, da cui infine si ricavano le perdite di carico.

In realtà, quando il fluido scorre all'interno della condotta, esso è soggetto ad uno scambio termico di tipo convettivo con l'ambiente circostante (suolo nel caso di condotte interrate, aria nel caso di condotte aeree) attraverso le pareti della condotta, nonché ad uno scambio termico di tipo conduttivo associato all'inerzia termica del fluido stesso.

Significativi cambiamenti della temperatura del fluido dovuti allo scambio di calore con l'ambiente esterno lungo la condotta influiscono sulle proprietà (specific gravity e viscosità dinamica) dello stesso, influenzando così anche le cadute di pressione. Ne consegue pertanto che il calcolo il coefficiente d'attrito e le cadute di pressione risultano intimamente correlati alla temperatura e degli scambi termici operati dal fluido in moto all'interno della condotta con l'ambiente esterno.

Nel calcolo degli scambi termici è consuetudine considerare, in prima ap-

Identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione

prossimazione, un concetto di differenza di temperatura che prende il nome di Logarithmic Mean Temperature Difference (LMTD). L'LMTD tra il fluido all'interno della condotta e l'ambiente circostante può essere calcolato come segue:

Si consideri un segmento di condotta di lunghezza L ed una temperatura del liquido pari a T_1 nella sezione di ingresso e T_2 nella sezione di uscita. Se T_S rappresenta la temperatura media dell'ambiente circostante, la logarithmic mean temperature per quel tratto di condotta (T_M) è data dalla:

$$T_M = \frac{T_1 - T_2}{\ln \left[\frac{T_1 - T_S}{T_2 - T_S} \right]} - T_S \quad (4.33)$$

Questo tipo di approccio fornisce un risultato più accurato rispetto ad uno ottenuto calcolando una semplice media delle temperature del fluido in ingresso ed in uscita dal segmento di condotta. Può notarsi facilmente che la presenza del logaritmo naturale all'interno della (4.33) è indicativa di un decadimento esponenziale della temperatura del fluido all'interno della condotta: questo aspetto si ripercuote anche sull'andamento della linea dei carichi piezometrici, che quindi non risulta più lineare (come invece accade nel caso isotermico).

4.5 Formulazione agli elementi finiti

La distribuzione delle pressioni in ogni rete di condotte è governata dall'equazione di Benoulli (legge di conservazione dell'energia meccanica). Applicando questa equazione tra due nodi i e j qualsiasi della rete, indicati rispettivamente come nodo di entrata e di uscita del flusso del fluido, si ha

$$\left(\frac{V_i^2}{2g} + H_i + z_i\right) - \left(\frac{V_j^2}{2g} + H_j + z_j\right) + \sum_{k=1}^{N_I} h_{m,k} = h_L + \sum_{q=1}^{N_f} h_{l,q} = h_T \quad (4.34)$$

dove z_i e z_j sono le altezze fisiche dei nodi i e j , $H_i = \frac{p_i}{\rho g}$ e $H_j = \frac{p_j}{\rho g}$ sono le altezze piezometriche dei nodi i e j , V_i e V_j sono le velocità ai nodi i e j , $h_{m,k}$ è la generica k -esima componente legata all'energia meccanica aggiunta lungo la condotta ij , N_I è il numero totale di componenti che immettono energia meccanica lungo la condotta, h_L rappresenta il termine associato alle perdite di carico distribuite lungo le condotte, $h_{l,q}$ il termine legato alla q -esima perdita di carico localizzata lungo la condotta e N_f il numero totale di dispositivi che inducono perdite di carico localizzate lungo la condotta ij . Il termine g rappresenta l'accelerazione di gravità.

L'equazione generale che tiene conto delle perdite di carico totali h_T in una condotta ij può essere espressa nella forma generale

$$h_{ij} = k_{ij} Q_{ij}^m \quad (4.35)$$

nella quale, applicando la formula di Darcy-Weisbach (4.20) per il calcolo delle perdite di carico distribuite l'esponente m può essere posto uguale a 2, mentre il coefficiente k_{ij} assume la forma

$$k_{ij} = \frac{8f_{ij}L_{ij}}{\pi g^2 D_{ij}^5} + \sum_{q=1}^{N_f} h_{l,q} \quad (4.36)$$

dove $f_{ij}(Re, \mu, e_{ij}/D_{ij})$ è il coefficiente d'attrito calcolato per la condotta ij , che dipende dal numero di Reynolds $Re = \frac{\rho_{ij} V_{ij} D_{ij}}{\mu_{ij}}$ del flusso all'interno della condotta e L_{ij} e D_{ij} sono, rispettivamente, la lunghezza e il diametro della condotta ij . Si noti che la densità specifica ρ e la viscosità dinamica μ del fluido all'interno della condotta dipendono strettamente dalla temperatura del fluido stesso. Appare quindi evidente la grande influenza (in termini di altezze piezometriche ai nodi e portate nelle condotte) che assumono gli scambi termici che avvengono lungo la condotta ij .

Tenendo conto della (4.35), la (4.34) può essere riscritta nella forma

$$(z_i - z_j) + (H_i - H_j) = k_{ij} Q_{ij}^2 - \frac{1}{2g} (V_i^2 - V_j^2) \quad (4.37)$$

e, posto $V_i = Q_{ij}/A_i$ e $V_j = Q_{ij}/A_j$, con A_i e A_j , rispettivamente, area della condotta ij nel nodo i ed area della condotta ij nel nodo j , si ottiene

$$(z_i - z_j) + (H_i - H_j) = k_{ij} Q_{ij}^2 - \frac{Q_{ij}^2}{2g} \left(\frac{1}{A_i} - \frac{1}{A_j} \right) \quad (4.38)$$

ovvero, raccogliendo i termini in Q_{ij}^2

$$(z_i - z_j) + (H_i - H_j) = \left[k_{ij} - \frac{1}{2g} \left(\frac{1}{A_i} - \frac{1}{A_j} \right) \right] Q_{ij}^2 \quad (4.39)$$

La (4.39) può essere posta nella forma

$$\begin{aligned} Q_{ij} &= \frac{(z_i - z_j) + (H_i - H_j)^{\frac{1}{2}}}{\left[k_{ij} - \frac{1}{2g} \left(\frac{1}{A_i} - \frac{1}{A_j} \right) \right]^{\frac{1}{2}}} \\ &= \frac{(z_i - z_j) + (H_i - H_j)^{-\frac{1}{2}}}{\left[k_{ij} - \frac{1}{2g} \left(\frac{1}{A_i} - \frac{1}{A_j} \right) \right]^{\frac{1}{2}}} [(z_i - z_j) + (H_i - H_j)] \end{aligned} \quad (4.40)$$

oppure, in modo più sintetico, come

$$Q_{ij} = c_{ij} (H_i - H_j) + c_{ij} (z_i - z_j) \quad (4.41)$$

dove

$$c_{ij} = \frac{(z_i - z_j) + (H_i - H_j)^{-\frac{1}{2}}}{\left[k_{ij} - \frac{1}{2g} \left(\frac{1}{A_i} - \frac{1}{A_j} \right) \right]^{\frac{1}{2}}} \quad (4.42)$$

Per ogni elemento $\{e\}$ che connette i nodi i e j , possono essere scritte le seguenti equazioni di continuità ai nodi (equazioni di conservazione della massa)

$$-\sum_{e=1}^{N_e} Q_{in_i}^{\{e\}} + \sum_{e=1}^{N_e} Q_{out_i}^{\{e\}} + q_i = 0 \quad (4.43)$$

$$-\sum_{e=1}^{N_e} Q_{in_j}^{\{e\}} + \sum_{e=1}^{N_e} Q_{out_j}^{\{e\}} + q_j = 0 \quad (4.44)$$

nelle quali la portata Q_{ij} è indicata positiva se entrante nel nodo e negativa se uscente. N_e è il numero di elementi (condotte) convergenti nel generico nodo,

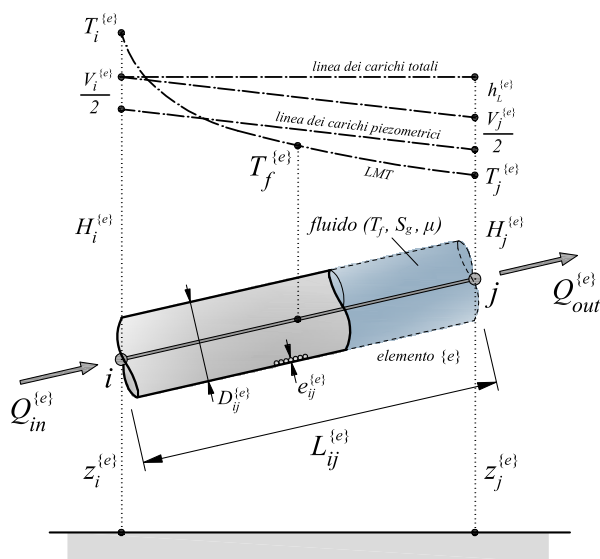


Figura 4.3: Elemento finito condotta

$Q_{in}^{(e)}$ e $Q_{out}^{(e)}$ sono le portate dell'elemento $\{e\}$ entranti ed uscenti dal generico nodo e q è la portata sottratta dal generico nodo (Figura 4.3).

Il contributo di ogni elemento $\{e\}$ alle equazioni (4.43) e (4.44) è dato da $Q_{out_i}^{(e)}$ e $Q_{out_j}^{(e)}$ che, per semplicità, possono essere indicate con $Q_i^{(e)}$ e $Q_j^{(e)}$. Per l'elemento $\{e\}$, utilizzando le (4.41), (4.42), (4.43) e (4.44), le equazioni di bilancio dell'energia meccanica in forma estesa possono scriversi:

$$\begin{Bmatrix} Q_i^{(e)} \\ Q_j^{(e)} \end{Bmatrix} = \begin{bmatrix} c_{ij} & -c_{ij} \\ -c_{ij} & c_{ij} \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} H_i \\ H_j \end{Bmatrix} - \begin{Bmatrix} -c_{ij}(z_i - z_j) \\ c_{ij}(z_i - z_j) \end{Bmatrix} + \begin{Bmatrix} q_i \\ q_j \end{Bmatrix} \quad (4.45)$$

e, in forma matriciale compatta

$$\mathbf{R}^{\{e\}} = \mathbf{K}^{\{e\}} (\mathbf{H}^{\{e\}}) \mathbf{H}^{\{e\}} - \mathbf{F}_g^{\{e\}} - \mathbf{F}_q^{\{e\}} \quad (4.46)$$

avendo posto

$$\mathbf{F}_g^{\{e\}} = \begin{Bmatrix} -c_{ij}(z_i - z_j) \\ c_{ij}(z_i - z_j) \end{Bmatrix} \quad \mathbf{F}_q^{\{e\}} = - \begin{Bmatrix} q_i \\ q_j \end{Bmatrix} \quad (4.47)$$

Infine, assumendo

$$\mathbf{F}^{\{e\}} = \mathbf{F}_g^{\{e\}} + \mathbf{F}_q^{\{e\}} \quad (4.48)$$

la (4.46) può risciversi come

$$\mathbf{R}^{\{e\}} = \mathbf{K}^{\{e\}} \left(\mathbf{H}^{\{e\}} \right) \mathbf{H}^{\{e\}} - \mathbf{F}^{\{e\}} \quad (4.49)$$

in cui $\mathbf{K}^{\{e\}}$ rappresenta la matrice di rigidezza dell'elemento $\{e\}$, $\mathbf{H}^{\{e\}}$ il vettore delle altezze piezometriche ai nodi dell'elemento $\{e\}$, $\mathbf{F}^{\{e\}}$ il vettore delle forze nodali dell'elemento $\{e\}$ ed $\mathbf{R}^{\{e\}}$ il vettore dei residui per l'elemento $\{e\}$. La (4.49) rappresenta la forma matriciale standard del singolo elemento finito e può essere scritta per ogni elemento della rete. Il set di equazioni ottenuto per ogni elemento può essere poi assemblato utilizzando la classica procedura di assemblaggio nota anche in letteratura come direct stiffness method

$$\begin{aligned} \mathbf{R} &= \sum_{e=1}^N \left(\mathbf{K}^{\{e\}} \left(\mathbf{H}^{\{e\}} \right) \mathbf{H}^{\{e\}} - \mathbf{F}^{\{e\}} \right) \\ &= \mathbf{K}(\mathbf{H}) \mathbf{H} - \mathbf{F} = \mathbf{0} \end{aligned} \quad (4.50)$$

dove N è il numero di elementi della mesh e i

\mathbf{K} = matrice di rigidezza globale

\mathbf{H} = vettore globale delle altezze piezometriche ai nodi

\mathbf{F} = vettore globale delle forze nodali

\mathbf{R} = vettore globale dei residui

Il sistema algebrico di equazioni non lineari (4.50) può essere risolto iterativamente nelle incognite \mathbf{H} utilizzando una delle procedure descritte nel paragrafo successivo.

4.6 Procedure risolutive per sistemi di equazioni algebriche non lineari

La formulazione agli elementi finiti di problemi di natura non lineare conduce alla scrittura di un sistema di equazioni algebriche non lineari. In particolare, per ogni elemento della mesh, la forma matriciale delle equazioni che governano il problema può assumersi come

$$\mathbf{K}^{\{e\}} \left(\mathbf{u}^{\{e\}} \right) \mathbf{u}^{\{e\}} = \mathbf{F}^{\{e\}} \quad (4.51)$$

nella quale $\mathbf{K}^{\{e\}}$ rappresenta la matrice dei coefficienti, dipendente dal vettore delle incognite $\mathbf{u}^{\{e\}}$ ed $\mathbf{F}^{\{e\}}$ rappresenta il vettore delle forze nodali. Quando $\mathbf{K}^{\{e\}}$ è indipendente da $\mathbf{u}^{\{e\}}$, i coefficienti della matrice possono essere valutati per ogni elemento, e le equazioni globali possono essere direttamente risolte dopo aver imposto le condizioni di vincolo. Quando $\mathbf{K}^{\{e\}}$ dipende dal vettore delle incognite $\mathbf{u}^{\{e\}}$, i coefficienti della matrice non possono essere valutati. Se si riesce a trovare una approssimazione di $\mathbf{u}^{\{e\}}$, chiamandola ad esempio $\mathbf{u}^{\{e\}1}$, allora la matrice $\mathbf{K}^{\{e\}} \left(\mathbf{u}^{\{e\}1} \right)$ può essere calcolata ed assemblata assieme a quelle di tutti gli altri elementi della mesh. Successivamente, una prima approssimazione della soluzione può essere ottenuta risolvendo il sistema globale delle equazioni

$$\mathbf{u}^{(2)} = \left[\mathbf{K} \left(\mathbf{u}^{(1)} \right) \right]^{-1} \mathbf{F} \quad (4.52)$$

Questa procedura può essere ripetuta fino a quando la soluzione approssimata diviene inferiore, rispetto alla soluzione ottenuta al passo precedente, di una certa tolleranza. In questo paragrafo vengono presentati due dei metodi più comunemente utilizzati nelle procedure iterative di soluzione di sistemi di equazioni algebriche non lineari:

1. Il metodo di Picard, o *direct iteration method*.
2. Il metodo di Newton-Raphson.

Si consideri per semplicità l'equazione non lineare

$$K(u)u = F \quad \text{o} \quad R(u) = 0 \quad (4.53)$$

dove u è la soluzione da determinarsi, $K(u)$ è una funzione nota di u , F è il termine noto e R il residuo definito come

$$R(u) = K(u)u - F \quad (4.54)$$

Per ogni valore u_i , $K(u_i)$ denota la secante alla curva nel punto $u = u_i$ e $\left(\frac{\partial R}{\partial u}\right)_{u_i}$ denota la tangente alla curva nel medesimo punto.

4.6.1 Metodo di Picard

Nel metodo di Picard, conosciuto anche come *direct iteration method*, si inizia fissando un valore di partenza $u^{(0)}$ e determinando una prima approssimazione di u risolvendo l'equazione

$$u^{(1)} = \left[K(u^{(0)}) \right]^{-1} F \quad (4.55)$$

Poichè risulta $u^{(1)} \neq u$, una seconda approssimazione di u può essere ottenuta utilizzando $K(u^{(1)})$

$$u^{(2)} = \left[K(u^{(1)}) \right]^{-1} F \quad (4.56)$$

Questa procedura può essere ripetuta fino a quando la differenza fra due approssimazioni consecutive di u differiscono tra loro per meno di un valore di tolleranza prelezionato. In questo modo, l'algoritmo ed il criterio di convergenza possono essere scritti come

$$u^{(r)} = \left[K(u^{(r-1)}) \right]^{-1} F \quad (4.57)$$

$$\sqrt{\frac{(u^{(r)} - u^{(r-1)})^2}{(u^{(r)})^2}} < \varepsilon \quad (4.58)$$

dove ε denota la tolleranza di convergenza ed r denota il numero dell'iterazione.

Il successo dell'algoritmo dipende dalla natura della curva non lineare $R(u) = 0$, dal valore iniziale assunto per u e dal valore di F . Nel metodo di iterazione diretto la retta secante viene calcolata ad ogni iterazione e l'inversione della $K(u^{(r-1)})$ consente di ottenere l'approssimazione della soluzione al passo successivo: questo può essere computazionalmente molto oneroso quando il numero delle equazioni da risolvere è elevato. Quando applicato al metodo degli elementi finiti l'algoritmo assume la forma

$$\mathbf{u}^{(r)} = \left[\mathbf{K}(\mathbf{u}^{(r-1)}) \right]^{-1} \mathbf{F} \quad (4.59)$$

mentre il criterio di convergenza può essere riscritto come

$$\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (u_i^{(r)} - u_i^{(r-1)})^2}{\sum_{i=1}^N (u_i^{(r)})^2}} < \varepsilon \quad (4.60)$$

In definitiva, l'algoritmo di iterazione diretta applicato alla soluzione di un sistema di equazioni non lineari derivante da una analisi agli elementi finiti, si compone dei seguenti step:

1. Calcolo delle matrici di rigidezza $\mathbf{K}^{\{e\}}$ e dei vettori delle forze nodali $\mathbf{F}^{\{e\}}$ per ogni elemento e utilizzando la soluzione $\mathbf{u}^{(r-1)}$.
2. Assemblaggio delle matrici $\mathbf{K}^{\{e\}}$ e dei vettori $\mathbf{F}^{\{e\}}$.
3. Applicazione delle condizioni di vincolo al sistema delle equazioni assemblate.
4. Soluzione del sistema di equazioni utilizzando la (4.59).
5. Verifica della convergenza della soluzione utilizzando la (4.60). Se la convergenza non è verificata e il numero massimo di iterazioni non è raggiunto, si aggiornano i vettori $\mathbf{u}^{(r-1)}$ e $\mathbf{u}^{(r)}$ e si ripetono gli step 1-5.

4.6.2 Metodo di Newton-Raphson

Si supponga di conoscere la soluzione della (4.53) alla $(r-1)$ -esima iterazione e di voler cercare la soluzione alla r -esima iterazione. Espandendo $R(u)$ in serie di Taylor nell'intorno della soluzione nota $u^{(r-1)}$, si ottiene

$$R(u) = R(u^{(r-1)}) + \left(\frac{\partial R}{\partial u}\right)_{u^{(r-1)}} \delta u + \frac{1}{2} \left(\frac{\partial^2 R}{\partial u^2}\right)_{u^{(r-1)}} (\delta u)^2 + \dots = 0 \quad (4.61)$$

dove δu è l'incremento dato da

$$\delta u^{(r)} = u^{(r)} - u^{(r-1)} \quad (4.62)$$

Trascurando i termini del secondo ordine in δu , si perviene alla seguente equazione

$$\begin{aligned}\delta u^{(r)} &= - \left[K_T \left(u^{(r-1)} \right) \right]^{-1} R \left(u^{(r-1)} \right) \\ &= \left[K_T \left(u^{(r-1)} \right) \right]^{-1} \left(F - K \left(u^{(r-1)} \right) u^{(r-1)} \right)\end{aligned}\quad (4.63)$$

dove K_T è la tangente alla curva $R(u)$ nel punto $u^{(r-1)}$:

$$K_T = \left(\frac{\partial R}{\partial u} \right)_{u^{(r-1)}} \quad (4.64)$$

Il residuo $R(u^{(r-1)})$ si riduce gradatamente a zero se la procedura converge. La (4.63) fornisce l'incremento di u alla r -esima iterazione, ed in questo modo la soluzione totale risulta

$$u^{(r)} = u^{(r-1)} + \delta u^{(r)} \quad (4.65)$$

L'iterazione procede fino a quando un criterio di convergenza, come ad esempio quello della (4.58), è soddisfatto. Per molti tipi di problemi questo metodo presenta delle ottime caratteristiche di velocità di convergenza, ma poichè la tangente K_T deve essere aggiornata ad ogni iterazione, si necessita, specie per sistemi di molte equazioni, di notevoli risorse computazionali. Per tale motivo spesso viene utilizzato il metodo di Newton-Raphson modificato, nel quale la tangente K_T viene fissata ad inizio iterazione e poi riutilizzata per ognuna delle iterazioni successive, anche se questo potrebbe richiedere un numero maggiore di iterazioni per raggiungere la convergenza.

Nel caso di problemi a più dimensioni, il sistema di equazioni governanti è riscritto nella forma

$$\mathbf{R} = \mathbf{K}(\mathbf{u}) \mathbf{u} - \mathbf{F} = \mathbf{0} \quad (4.66)$$

dove \mathbf{R} è il vettore dei residui. Conoscendo la soluzione alla $(r-1)$ -esima iterazione, la soluzione al passo \mathbf{r} può essere ottenuta, come nel caso ad una variabile, espandendo \mathbf{R} in serie di Taylor nell'intorno di $\mathbf{u}^{(r-1)}$

$$\mathbf{R}(u) = \mathbf{R} \left(\mathbf{u}^{(r-1)} \right) + \left(\frac{\partial \mathbf{R}}{\partial \mathbf{u}} \right)^{(r-1)} \delta \mathbf{u} + \dots = \mathbf{0} \quad (4.67)$$

Omettendo i termini del secondo ordine e superiori, si perviene a

$$\left(\frac{\partial \mathbf{R}}{\partial \mathbf{u}} \right)^{(r-1)} \delta \mathbf{u} = -\mathbf{R} \left(\mathbf{u}^{(r-1)} \right) \quad (4.68)$$

$$\mathbf{K}_T^{(r-1)} \delta \mathbf{u} = -\mathbf{R}(\mathbf{u}^{(r-1)}) \quad (4.69)$$

Il termine $\mathbf{K}_{T(r-1)} = \left(\frac{\partial \mathbf{R}}{\partial \mathbf{u}}\right)_{(r-1)}$ che compare nelle (4.68) e (4.69) è usualmente chiamato matrice di rigidità tangente. Le componenti di $\mathbf{K}_{T(r-1)}$ al livello del singolo elemento valgono

$$\begin{aligned} \left(K_T^{\{e\}}\right)_{ij} &= \frac{\partial R_i^{\{e\}}}{\partial u_j^{\{e\}}} = \left(\sum_{m=1}^N K_{im}^{\{e\}} u_m^{\{e\}} - F_i^{\{e\}}\right) \\ &= \sum_{m=1}^N \left(\frac{\partial K_{im}^{\{e\}}}{\partial u_j^{\{e\}}} u_m^{\{e\}} + K_{im}^{\{e\}} \frac{\partial u_m^{\{e\}}}{\partial u_j^{\{e\}}}\right) \\ &= \sum_{m=1}^N \frac{\partial K_{im}^{\{e\}}}{\partial u_j^{\{e\}}} u_m^{\{e\}} + K_{ij}^{\{e\}} \end{aligned} \quad (4.70)$$

Il vettore dei residui alla $(r-1)$ -esima può essere direttamente ricavato dalla (4.66) e vale

$$-\mathbf{R}(\mathbf{u}^{(r-1)}) = \mathbf{F} - \mathbf{K}(\mathbf{u}^{(r-1)}) \mathbf{u}^{(r-1)} \quad (4.71)$$

Facendo uso delle (4.70) e (4.71), sostituendo nella (4.69), il vettore di incremento $\delta \mathbf{u}$ calcolato alla r -esima iterazione risulta

$$\delta \mathbf{u} = \mathbf{K}_T^{(r-1)} \left[\mathbf{F} - \mathbf{K}(\mathbf{u}^{(r-1)}) \mathbf{u}^{(r-1)} \right] \quad (4.72)$$

e la soluzione totale, somma della soluzione alla $(r-1)$ -esima iterazione e del vettore di incremento calcolato alla (4.72) risulta pertanto determinata come segue

$$\mathbf{u}^{(r)} = \mathbf{u}^{(r-1)} + \delta \mathbf{u} \quad (4.73)$$

La simmetria o non simmetria della matrice \mathbf{K} o \mathbf{K}_T dipende dalle equazioni differenziali adottate nella formulazione debole agli elementi finiti, mentre la simmetria o non simmetria della sola matrice di rigidità tangente dipende dalla natura lineare o non lineare del problema. Alcune osservazioni possono essere effettuate a proposito del metodo:

- Alla fine di ogni iterazione la procedura fornisce un vettore di incremento della soluzione, contrariamente al metodo di Picard con il quale si perviene direttamente alla soluzione totale.

Identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione

- Se le condizioni di vincolo sono già implementate nel nel vettore adottato come soluzioni iniziali di tentativo, il vettore degli incrementi è soggetto solamente alla parte omogenea delle condizioni di vincolo stesse. Vale a dire che in corrispondenza del grado di libertà cui afferisce la condizione di vincolo stessa il vettore incremento di soluzione $\delta\mathbf{u}$ conterrà degli zeri.
- Nel metodo di Newton-Raphson modificato la matrice di rigidezza tangente è calcolata ad inizio procedura e rimane fissata per tutte le iterazioni della stessa, la soluzione potrebbe divergere più facilmente nel caso in cui la non linearità del problema sia piuttosto marcata.

Per sistemi di equazioni assemblate con il metodo degli elementi finiti, la procedura di Newton-Raphson può essere schematizzata nella seguente serie di step:

1. Valutazione delle matrici di rigidezza $\mathbf{K}^{\{e\}}$ e dei vettori delle forze nodali $\mathbf{F}^{\{e\}}$ per ogni elemento $\{e\}$ della mesh, calcolo della matrice di rigidezza tangente $\mathbf{K}_T^{\{e\}}$ del singolo elemento e del vettore dei residui $\mathbf{R}^{\{e\}}(\mathbf{u}^{\{e\}(r-1)}) = \mathbf{K}^{\{e\}}(\mathbf{u}^{\{e\}(r-1)}) - \mathbf{F}^{\{e\}}$.
2. Assemblaggio delle matrici $\mathbf{K}_T^{\{e\}}$ nella matrice di rigidezza tangente globale \mathbf{K}_T e del vettore dei residui $\mathbf{R}^{\{e\}}$ nel vettore dei residui globale \mathbf{R} .
3. Applicazione delle condizioni di vincolo al sistema assemblato $\mathbf{K}_T\delta\mathbf{u} = \mathbf{R}$.
4. Soluzione del sistema assemblato:
$$\delta\mathbf{u} = \mathbf{K}_T^{-1}\mathbf{R}.$$
5. Aggiornamento del vettore delle soluzioni: $\mathbf{u}^{(r)} = \mathbf{u}^{(r-1)} + \delta\mathbf{u}$.
6. Verifica della convergenza della soluzione utilizzando la (4.60). Se la convergenza non è verificata e il numero massimo di iterazioni non è raggiunto, si reinizia con una nuova iterazione, ripetendo gli step 1-5.

4.7 Identificazione di occlusioni mediante l'utilizzo di misure di portata e pressione

In questo lavoro la modalità di identificazione di eventuali occlusioni all'interno di una o più condotte passa direttamente attraverso un problema di ottimizzazione basato sulla minimizzazione di una funzione di fitness che tiene conto della differenza fra le portate nelle condotte e le pressioni nei nodi misurate in situ e quelle calcolate dal modello.

Si indichi il vettore delle portate misurate in situ con

$$\mathbf{Q}^m = \begin{pmatrix} Q_1^m \\ \vdots \\ Q_j^m \\ \vdots \\ Q_{n_p}^m \end{pmatrix} \quad (4.74)$$

dove n_p è il numero delle condotte per le quali è stata effettuata la misura. Analogamente, si indichi il vettore delle pressioni nodali misurate in situ con

$$\mathbf{H}^m = \begin{pmatrix} H_1^m \\ \vdots \\ H_k^m \\ \vdots \\ H_{n_n}^m \end{pmatrix} \quad (4.75)$$

dove n_n è il numero totale di nodi sui quali è stata effettuata la misura di pressione. La funzione di fitness proposta in questo lavoro è data dalla

$$J(\mathbf{D}) = \sum_{j=1}^{n_p} \left(\frac{Q_j(\mathbf{D}) - Q_j^m}{Q_j^m} \right)^2 + \sum_{k=1}^{n_n} \left(\frac{H_k(\mathbf{D}) - H_k^m}{H_k^m} \right)^2 \quad (4.76)$$

dove \mathbf{D} è il vettore i cui elementi corrispondono ai diametri delle condotte della rete. Il problema (4.76) costituisce un problema di minimo, che può essere risolto, così come già visto nel Capitolo 2 a proposito dell'identificazione delle rigidità residue, mediante l'ausilio degli algoritmi genetici.

A tal fine è stato realizzato un codice di calcolo in ambiente MatLab nel quale è stato implementato il modello termoidraulico agli elementi finiti e la procedura di ottimizzazione della (4.76). Inoltre, è stato anche implementata una

apposita funzione che consente di simulare la presenza di una o più occlusioni nella rete, fissandone l'estensione ed il diametro residuo che esse comportano. Dopo aver lanciato il programma, le portate e le altezze piezometriche ottenute dalla simulazione vengono reutilizzate come set di misure effettuate.

Questo set di misure entra poi nel programma di identificazione del vettore dei diametri \mathbf{D} , basato, come già detto, sulla minimizzazione della (4.76). La procedura implementata nel programma, del tutto simile a quella già esposta nel Capitolo 2, si compone delle seguenti fasi:

- Si genera inizialmente una popolazione di individui (cromosomi) in maniera casuale, ognuno dei quali rappresenta una possibile soluzione del problema. Ogni elemento di un singolo cromosoma (gene) costituisce un diametro per la condotta afferente alla posizione occupata dal gene all'interno del cromosoma. Per quanto riguarda il valore iniziale della soluzione, cioè del vettore dei diametri della rete, il programma utilizza di default i diametri della rete considerata in uno stato per il quale non sia presente alcuna occlusione.

Inoltre, è facile notare che mentre il limite inferiore del dominio è zero per ogni elemento del vettore cromosoma, il limite superiore è dato dal diametro effettivo della condotta afferente a quell'elemento supponendo che in essa non vi sia alcuna occlusione.

È importante rilevare che è in questa fase che assume molta importanza la tipologia di encoding scelto per i cromosomi che costituiscono la popolazione: in generale, per quanto detto nel Capitolo 1, l'encoding classico a stringa binaria risulta meno efficiente dell'encoding di tipo a virgola mobile. Il programma consente in tutto tre diverse tipologie di encoding (bitstring, custom e doublevector, quest'ultima già utilizzata di default).

- Si calcola il valore di fitness per ogni vettore cromosoma della popolazione.
- Si procede con le fasi di riproduzione, incrocio e mutazione, generando i nuovi individui per la popolazione della generazione successiva (tenendo anche conto degli elite members).
- Si verifica se il valore medio di fitness della popolazione converge al valore di tolleranza desiderata o se si ha raggiunto il numero massimo di generazioni. In caso contrario, si ripete la procedura di riproduzione, incrocio

e mutazione fino a quando una delle due condizioni suddette risulta verificata. Il cromosoma che al termine della procedura avrà dato luogo al miglior valore di fitness (vale a dire, in questo caso, il più basso valore di fitness) sarà scelto come soluzione finale del problema.

4.8 Applicazioni numeriche

Al fine di mostrare le performance del codice realizzato, vengono presentate in questo paragrafo alcune applicazioni numeriche, inizialmente su reti di modesta estensione e successivamente su reti più ampie. Non potendosi effettuare direttamente delle misurazioni di campo, le occlusioni saranno introdotte in maniera artificiosa in tutti gli esempi riportati.

Il primo test numerico viene eseguito su condotta di lunghezza pari a 6 km , diametro pari a 30 cm (costante lungo tutta la lunghezza della condotta) e scabrezza di $0,5\text{ mm}$ assunta costante lungo tutta la condotta (Figura 4.4). Si assume una temperatura esterna $T_s = 10^\circ\text{C}$ ed una temperatura uguale in tutti i nodi, supposta anch'essa pari a 10°C . La condotta viene divisa in 6 parti di lunghezza pari ad 1 km ciascuna. Ad ogni nodo e lungo ogni porzione della condotta vengono misurate sia le altezze piezometriche che la portata (ovviamente, quest'ultima risulterà costante lungo tutta la condotta). Si assume che non vi siano prelievi o immissioni di portata nei nodi e che le altezze piezometriche dei nodi 1 e 7 siano costantemente mantenute a 100 m e 75 m rispettivamente.

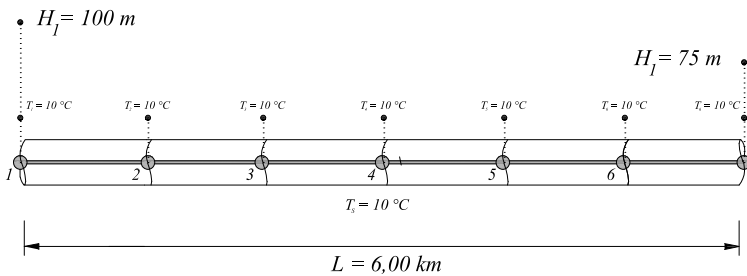


Figura 4.4: Condotta utilizzata nel test

Con i dati assunti, il programma fornisce i valori delle altezze piezometriche e della portata riportati in Tabella 4.8.

nodo	H (m)
1	100,00
2	95,83
3	91,66
4	87,50
5	83,33
6	79,17
7	75,00
condotta	Q (m^3/s)
1	0,0716
2	0,0716
3	0,0716
4	0,0716
5	0,0716
6	0,0716

Tabella 4.1: Altezze piezometriche e portate volumetriche

La presenza della singola occlusione può essere simulata inserendo nel programma l'elemento interessato dall'occlusione, l'estensione dell'occlusione e il diametro residuo espresso in percentuale sul diametro effettivo della condotta in assenza di occlusione. La simulazione viene effettuata considerando l'occlusione localizzata nell'elemento 4.

Nel primo test effettuato si suppone che l'estensione dell'occlusione sia pari alla lunghezza dell'elemento (1,00 km) e che il diametro residuo dell'elemento sia del 95%, ovvero si considera una riduzione del diametro interno della condotta del 5%. I risultati della procedura di identificazione, ottenuti mantenendo i settaggi di default dell'algorithm genetico, sono mostrati in Tabella 4.8 ed in Figura 4.5.

Si prosegue il test diminuendo ulteriormente la percentuale di diametro residuo dell'elemento. In Tabella 4.8 e Figura 4.6 i risultati mostrati sono quelli relativi ad una occlusione estesa per tutta la lunghezza dell'elemento ed un diametro residuo del 50%. I risultati forniti a seguito di un'ulteriore diminuzione della percentuale di diametro residuo, portata al 30%, sono infine mostrati in Tabella 4.8 e Figura 4.7.

Identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione

elemento	diametro iniziale	diametro effettivo	diametro identificato	errore %
1	0.2042	0.30	0.29117	2.9446
2	0.5985	0.30	0.29117	2.9448
3	0.4971	0.30	0.29117	2.9445
4	0.1345	0.285	0.27591	3.1911
5	0.3972	0.30	0.29117	2.9447
6	0.1171	0.30	0.29117	2.9447

Tabella 4.2: Risultati per diametro residuo dell'elemento 4 pari al 95%

elemento	diametro iniziale	diametro effettivo	diametro identificato	errore %
1	0.0543	0.30	0.28831	3.8962
2	0.2910	0.30	0.28831	3.8962
3	0.1322	0.30	0.28831	3.8964
4	0.0469	0.15	0.14053	6.3135
5	0.0631	0.30	0.28831	3.8963
6	0.2071	0.30	0.28831	3.8961

Tabella 4.3: Risultati per diametro residuo dell'elemento 4 pari al 50%

elemento	diametro iniziale	diametro effettivo	diametro identificato	errore %
1	0.2362	0.30	0.28045	6.5175
2	0.1322	0.30	0.28045	6.5176
3	0.4082	0.30	0.28045	6.5175
4	0.0833	0.09	0.081715	9.2061
5	0.3503	0.30	0.28045	6.5176
6	0.0846	0.30	0.28045	6.5176

Tabella 4.4: Risultati per diametro residuo dell'elemento 4 pari al 30%

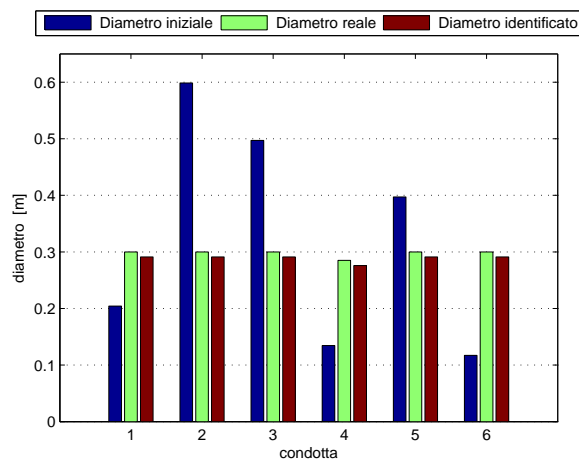


Figura 4.5: Risultati del test effettuato con una occlusione localizzata nell'elemento 4, estesa per tutta la lunghezza dell'elemento. Il diametro residuo è pari al 95% di quello reale

La seconda parte del test consiste nella ripetizione delle analisi precedentemente effettuate considerando una estensione più limitata dell'occlusione. Quest'ultima non viene più infatti considerata di lunghezza pari a quella dell'elemento, ma solo del 30% di essa. Si considera quindi una occlusione di 300 *m* di estensione. La prima analisi, i cui risultati sono riportati in Tabella 4.8 ed in Figura 4.7, consiste nel considerare nuovamente una riduzione del diametro del 5%, vale a dire un diametro residuo del 95%.

A conclusione del test vengono presentati i risultati ottenuti per un diametro residuo del 50% (Tabella 4.6 e Figura 4.9) e per un diametro residuo del 30% (Tabella 4.7 e Figura 4.10).

La seconda applicazione numerica che viene presentata riguarda la rete di Figura 4.11, composta da 43 condotte e 41 nodi.

Le caratteristiche (lunghezza, diametro e scabrezza) di ogni condotta sono riportata nelle tabelle a seguire, mentre la temperatura si considera costante in tutti i punti della rete e pari a 10 gradi centigradi.

Identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione

elemento	diametro iniziale	diametro effettivo	diametro identificato	errore %
1	0.1158	0.30	0.29117	2.9447
2	0.0044	0.30	0.29117	2.9448
3	0.1698	0.30	0.29117	2.9447
4	0.1444	0.15	0.28336	0.57567
5	0.1406	0.30	0.29117	2.9447
6	0.4420	0.30	0.29117	2.9447

Tabella 4.5: Risultati per diametro residuo dell'elemento 4 pari al 95% con estensione dell'occlusione pari al 30% della lunghezza della condotta

elemento	diametro iniziale	diametro effettivo	diametro identificato	errore %
1	0.4453	0.30	0.28972	3.4275
2	0.1685	0.30	0.28972	3.4277
3	0.3253	0.30	0.28972	3.4274
4	0.3805	0.15	0.17616	17.44
5	0.3619	0.30	0.28972	3.4274
6	0.3345	0.30	0.28972	3.4276

Tabella 4.6: Risultati per diametro residuo dell'elemento 4 pari al 50% con estensione dell'occlusione pari al 30% della lunghezza della condotta

elemento	diametro iniziale	diametro effettivo	diametro identificato	errore %
1	0.3041	0.30	0.28454	5.1546
2	0.0355	0.30	0.28454	5.1547
3	0.2905	0.30	0.28454	5.1547
4	0.0061	0.09	0.10389	15.438
5	0.3727	0.30	0.28454	5.1547
6	0.4305	0.30	0.28454	5.1546

Tabella 4.7: Risultati per diametro residuo dell'elemento 4 pari al 30% con estensione dell'occlusione pari al 30% della lunghezza della condotta

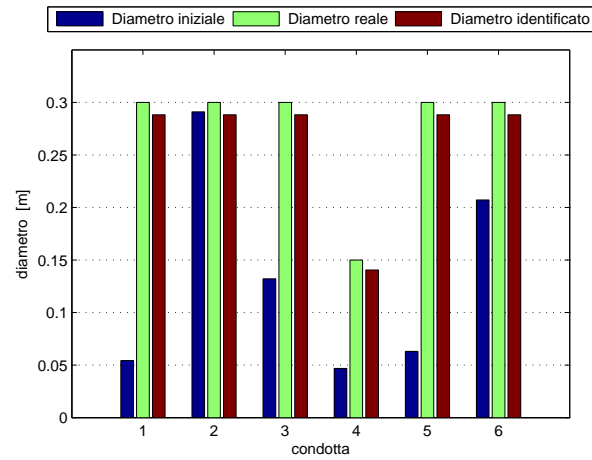


Figura 4.6: Risultati del test effettuato con una occlusione localizzata nell'elemento 4, estesa per tutta la lunghezza dell'elemento. Il diametro residuo è pari al 50% di quello reale

Condotta	Lunghezza [km]	Diametro [m]	Scabrezza [mm]
1	30,00	1,00	5,00
2	35,00	1,00	5,00
3	30,00	1,00	5,00
4	35,00	1,00	5,00
5	30,00	1,00	5,00
6	35,00	1,00	5,00
7	30,00	1,00	5,00
8	35,00	1,00	5,00
9	30,00	1,00	5,00
10	35,00	1,00	5,00
11	30,00	1,00	5,00
12	35,00	1,00	5,00
13	30,00	2,00	5,00
14	25,00	2,00	5,00
15	30,00	2,00	5,00
16	50,00	2,00	5,00
17	40,00	2,00	5,00
18	55,00	2,00	5,00
19	50,00	2,00	5,00
20	60,00	2,00	5,00
21	80,00	2,00	5,00

Identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione

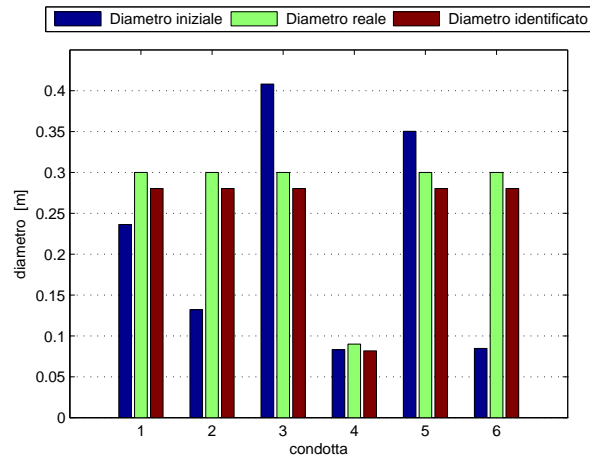


Figura 4.7: Risultati del test effettuato con una occlusione localizzata nell'elemento 4, estesa per tutta la lunghezza dell'elemento. Il diametro residuo è pari al 30% di quello reale

condotta	Lunghezza [km]	Diametro [m]	Scabrezza [mm]
22	25,00	3,00	5,00
23	40,00	3,00	5,00
24	60,00	3,00	5,00
25	50,00	3,00	5,00
26	30,00	1,00	5,00
27	35,00	1,00	5,00
28	30,00	1,00	5,00
29	35,00	1,00	5,00
30	40,00	2,00	5,00
31	40,00	2,00	5,00
32	35,00	1,00	5,00
33	30,00	1,00	5,00
34	50,00	2,00	5,00
35	50,00	4,00	5,00
36	70,00	4,00	5,00
37	70,00	4,00	5,00
38	30,00	4,00	5,00
39	30,00	3,00	5,00
40	80,00	5,00	5,00
41	20,00	5,00	5,00
42	40,00	5,00	5,00
43	65,00	5,00	5,00

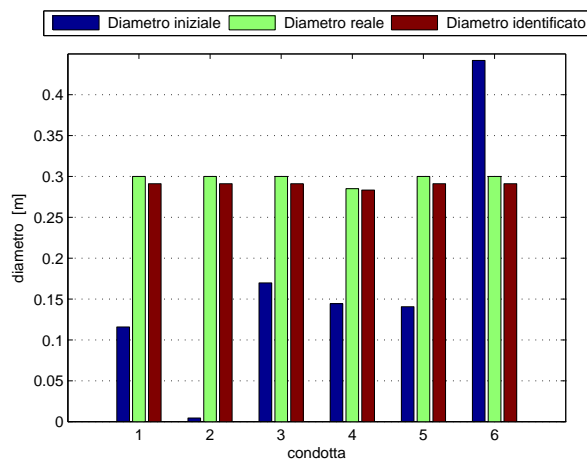


Figura 4.8: Risultati del test effettuato con una occlusione localizzata nell'elemento 4, estesa per il 30% della lunghezza dell'elemento. Il diametro residuo è pari al 95% di quello reale

Si ipotizza altresì che in alcuni nodi sia imposta una pressione (altezza piezometrica) costante, così come indicato nella seguente tabella

Nel test vengono considerati quattro diversi casi in cui si ipotizza la presenza di occlusioni; nel primo caso si ipotizza una occlusione nella condotta 35, estesa per tutta la condotta e che da luogo ad un diametro residuo pari al 70% di quello reale. I risultati dell'analisi sono riportati in Figura 4.12. Nel secondo caso si ipotizza la presenza di una occlusione nella condotta 13, avente un'estensione pari alla metà della lunghezza della condotta. L'occlusione da luogo ad un diametro residuo pari al 80% di quello reale. I risultati forniti dal programma sono indicati in Figura 4.13. Nel terzo caso si considera una occlusione nella condotta 24 ed una nella condotta 39. Entrambe le occlusioni danno luogo ad un diametro residuo pari al 70% di quello reale ed entrambe si considerano estese lungo tutta la lunghezza della condotta (Figura 4.14). In Figura 4.15 sono riportati infine i risultati del quarto caso di studio, nel quale si è tenuto conto di tre occlusioni: la prima localizzata nella condotta 19, con diametro residuo pari all'80% ed estensione pari a metà della lunghezza della condotta, la seconda situata nella condotta 24, con estensione pari ad 1/3 della lunghezza della condotta e diametro residuo uguale al 70% ed infine la terza, localizzata nella condotta 39, di estensione pari alla lunghezza della condotta e con diametro residuo del 70%.

Identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione

Nodo	H [m]
22	15,25
23	30,50
24	30,50
25	30,50
26	30,50
27	30,50
28	30,50
29	30,50
30	30,50
31	30,50
32	30,50
33	30,50
34	30,50
35	30,50
36	24,40
37	24,40
38	24,40
39	24,40
40	21,35
41	21,35

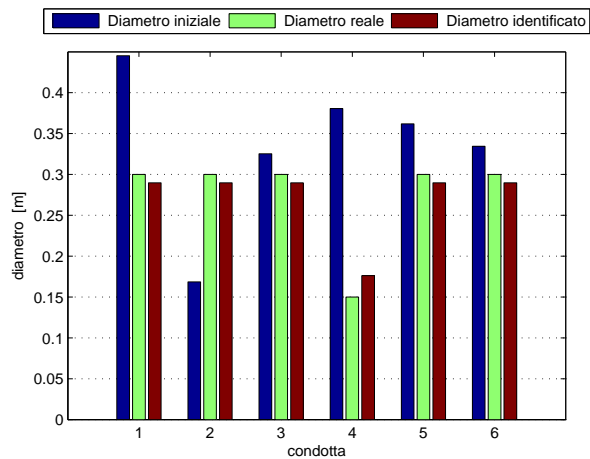


Figura 4.9: Risultati del test effettuato con una occlusione localizzata nell'elemento 4, estesa per il 30% della lunghezza dell'elemento. Il diametro residuo è pari al 50% di quello reale

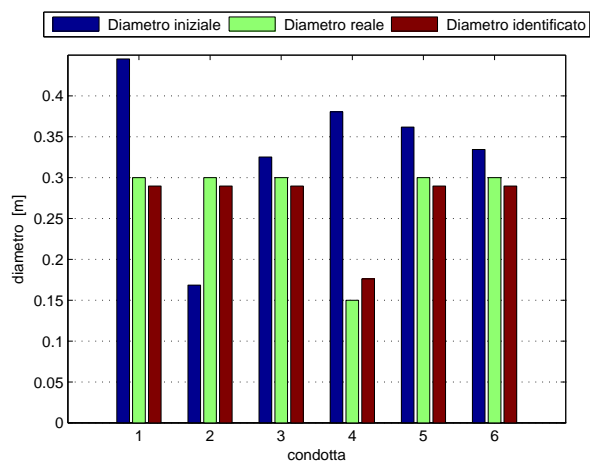


Figura 4.10: Risultati del test effettuato con una occlusione localizzata nell'elemento 4, estesa per il 30% della lunghezza dell'elemento. Il diametro residuo è pari al 30% di quello reale

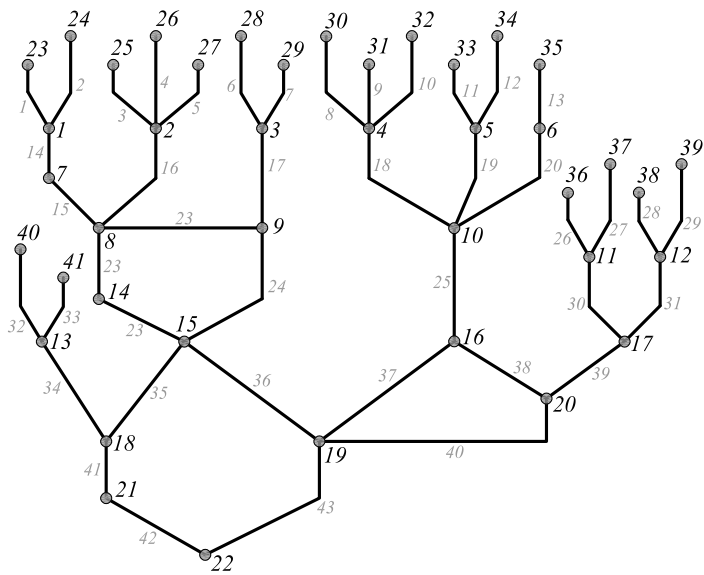


Figura 4.11: Rete utilizzata nel test

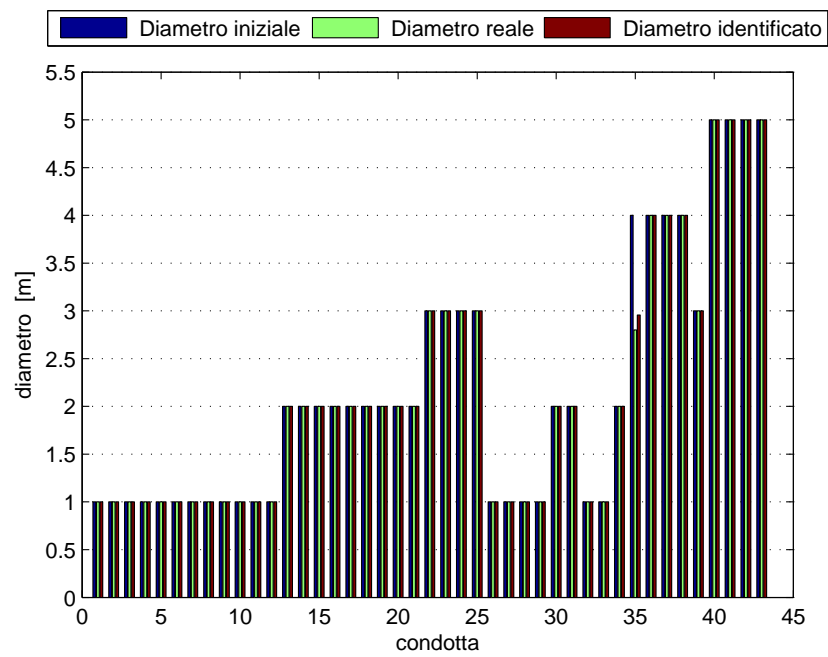


Figura 4.12: Risultati dell'analisi per una occlusione localizzata nella condotta 35. L'occlusione si considera estesa per tutta la condotta e da luogo ad un diametro residuo pari al 70% del diametro reale

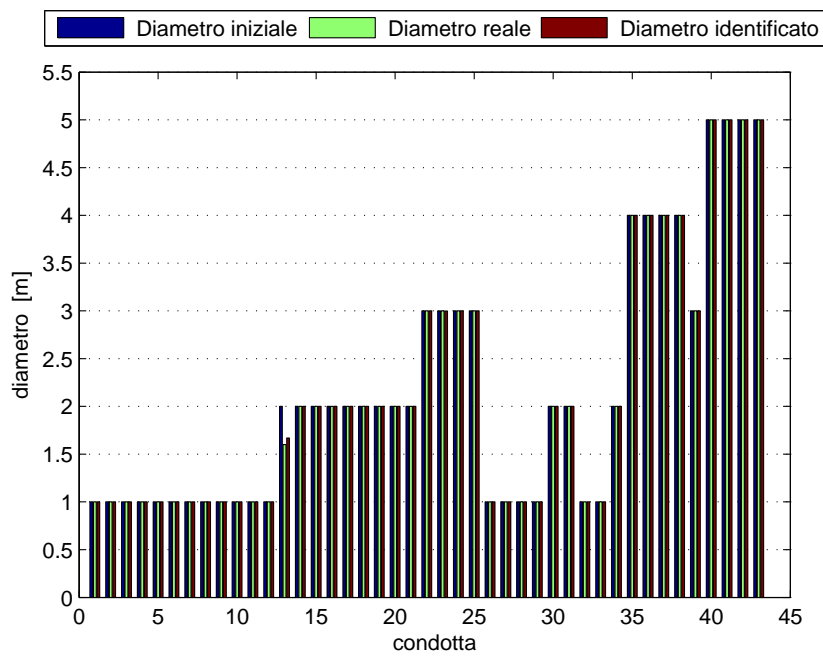


Figura 4.13: Risultati dell'analisi per una occlusione localizzata nella condotta 13. L'occlusione si considera estesa per metà della lunghezza della condotta e da luogo ad un diametro residuo pari al 80% del diametro reale

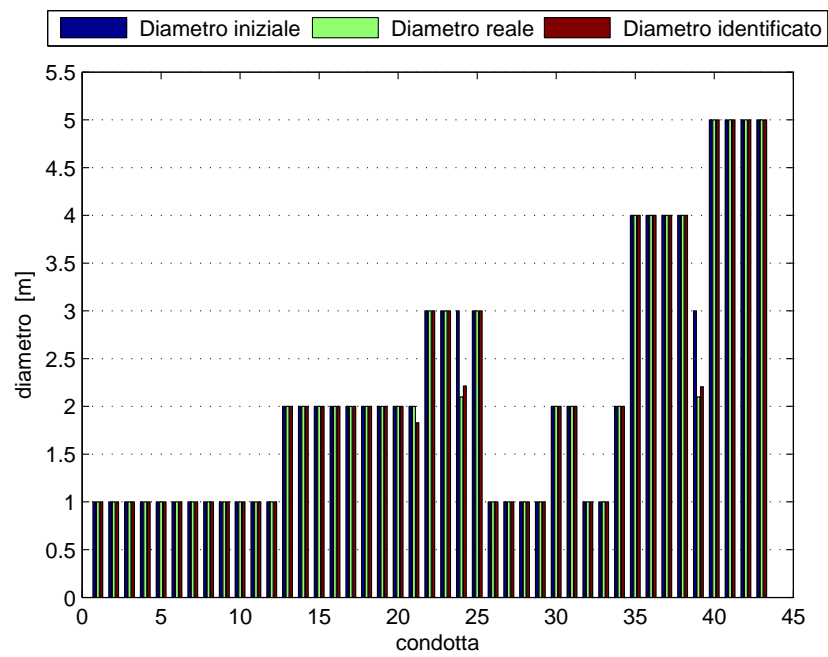


Figura 4.14: Risultati dell'analisi per due occlusioni localizzate rispettivamente nelle condotte 24 e 39. Entrambe le occlusioni si estendono per tutta la lunghezza delle condotte e danno luogo ad un diametro residuo pari al 70% di quello reale

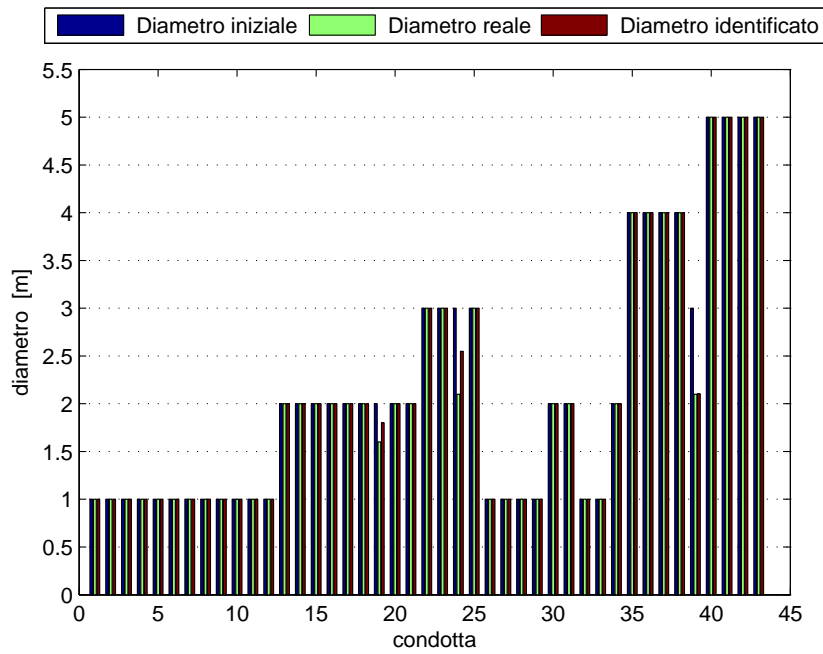


Figura 4.15: Risultati dell'analisi effettuata nel caso di 3 occlusioni localizzate nelle condotte 19,29 e 39. I diametri residui cui danno luogo le occlusioni sono, rispettivamente, 80%, 70% e 70%, mentre le rispettive estensioni sono di 1/3 e 1/2 della lunghezza della condotta per le prime due occlusioni e pari alla lunghezza totale della condotta per la terza occlusione

4.9 Osservazioni conclusive

Sulla base delle analisi numeriche presentate per i casi di Figura 4.4 e di Figura 4.11 si evince che l'accuratezza dei risultati della procedura di identificazione dipende principalmente da due fattori:

1. Il numero di occlusioni presenti nella rete: nel caso in cui più occlusioni siano contemporaneamente presenti, la corretta identificazione impone che tutte le misure di portata e di pressione nodale (altezza piezometrica nei nodi) siano note.
2. L'estensione delle occlusioni e la riduzione di diametro da esse indotte: in tutti i casi in cui la lunghezza dell'occlusione sia modesta se paragonata alla lunghezza della condotta, l'accuratezza nell'identificazione del diametro residuo cala in maniera piuttosto evidente. Dai risultati ottenuti si evince che in generale questo accade quando l'occlusione si estende per una lunghezza inferiore ad $1/3$ della condotta, fino a diventare quasi invisibile all' algoritmo per lunghezze inferiori ad $1/100$ di quella della condotta. Per ovviare a questo inconveniente è necessario discretizzare ogni condotta con un numero elevato di elementi finiti, anche se questo comporta l'aggiunta di ulteriori gradi di libertà, che si traduce a sua volta in tempi di calcolo maggiori e soprattutto nell'aggiunta di nuove misure di portata e pressione che tengano conto dei nuovi nodi ed elementi aggiunti nel modello della rete.

Anche in questo caso, come già fatto notare a conclusione del Capitolo 2, agendo sui settaggi degli algoritmi genetici (elite members, percentuale di crossover, numerosità della popolazione, etc.) è possibile ottenere dei benefici in termini di accuratezza e tempi computazionali. L'algoritmo implementato nel programma potrebbe infatti risultare molto efficace nell'identificazione dei diametri di una rete utilizzando determinati valori per i settaggi dei GAs, mentre gli stessi valori potrebbero risultare meno efficaci per reti diverse. Non si può quindi parlare di settaggi ottimali in senso assoluto, ma il miglior compromesso deve essere ricercato, per ogni singola rete, attraverso prove numeriche effettuate per diversi stati in cui la rete stessa può venire a trovarsi.

Capitolo 5

VALUTAZIONE DELL'INCERTEZZA NELLA STIMA DEI PARAMETRI

In molti problemi di analisi inversa per l'identificazione dei parametri che risultano di interesse per l'ingegneria strutturale, è opportuno valutare anche l'incertezza delle stime finali dovuta alla limitata accuratezza degli strumenti di misura ed alla dispersione dei dati sperimentali. Può essere utile, per tale motivo, disporre di un metodo che consenta di tener conto di tale incertezza e del suo effetto sui risultati finali.

In questo capitolo verrà brevemente mostrato come accoppiare il metodo di ricerca dei minimi quadrati (*Least Squares*) a quello degli algoritmi genetici, in modo di ottenere sia il valor medio dei parametri incogniti che la loro matrice di covarianza.

Nei Capitoli 3 e 4 le funzioni di fitness da minimizzare erano date dalla

$$J(\boldsymbol{\alpha}) = \sum_{j=1}^{n_d} \left(\frac{d_j^c(\boldsymbol{\alpha}) - d_j^m}{d_j^m} \right)^2 \quad (5.1)$$

nel caso dell'identificazione delle rigidezze residue di una struttura 2D, e dalla

$$J(\mathbf{D}) = \sum_{j=1}^{n_p} \left(\frac{Q_j(\mathbf{D}) - Q_j^m}{Q_j^m} \right)^2 + \sum_{k=1}^{n_n} \left(\frac{H_k(\mathbf{D}) - H_k^m}{H_k^m} \right)^2 \quad (5.2)$$

nel caso dell'identificazione dei diametri residui in una rete di condotte. In entrambi i casi il problema di ottimizzazione, risolto mediante l'uso degli algoritmi genetici, è un problema del tipo

$$\hat{\mathbf{x}} = \arg \min \{J(\mathbf{x})\} \quad (5.3)$$

con $\hat{\mathbf{x}}$ vettore dei parametri stimati.

Come nel caso di molti problemi di ottimizzazione su larga scala, anche con gli algoritmi genetici è difficile specificare un criterio di convergenza specifica. Nei GAs normalmente i calcoli vengono interrotti quando si raggiunge un numero massimo prefissato di generazioni, accettando come soluzione finale l'individuo che ha dato luogo al miglior valore di fitness. In questo modo la soluzione ottenuta si trova presumibilmente nelle vicinanze della soluzione globale. Questa soluzione può essere migliorata accoppiando ai GAs un metodo di minimizzazione come ad esempio quello dei minimi quadrati.

Utilizzando il metodo dei minimi quadrati (o "residui pesati") è possibile ottenere una stima "robusta" del valor medio dei parametri (robusta nel senso che risulta poco sensibile a perturbazioni dei dati ed alla scelta della inizializzazione). Per poter applicare il metodo è necessario calcolare la matrice di covarianza dei parametri, la quale può essere valutata impiegando una metodologia tipo Monte Carlo. Tale metodologia prevede le seguenti fasi operative:

1. i dati sperimentali \mathbf{y}^m vengono perturbati m volte con un rumore additivo casuale a media nulla e deviazione standard assegnata, in modo da generare m insiemi indipendenti di dati

$$\tilde{\mathbf{y}}_p^m, \quad p = 1, 2, \dots, m$$

come se fossero raccolti in altrettanti esperimenti. Con riferimento al problema dell'identificazione delle rigidzze residue in un sistema strutturale piano, si pensi ad esempio al fatto che il segnale registrato dai sensori risulta inevitabilmente contaminato da un rumore. Per simulare questo rumore nelle analisi numeriche è possibile aggiungere una certa quantità al segnale registrato sotto forma di uno specifico processo casuale. Detti $u(t)$ il segnale misurato, e $\eta_u(t)$ il rumore a media nulla e deviazione

standard pari ad 1 ad esso aggiunto, il segnale contaminato risultante sarà dato dalla

$$\tilde{u}(t) = u(t) + \eta(t)$$

con [7, 8]

$$\eta_u(t) = \eta \times l \times RMS(u)$$

dove η indica un numero casuale a distribuzione gaussiana normale (media nulla e deviazione standard pari ad 1), l è il livello di rumore applicato e $RMS(u)$ rappresenta la radice quadrata della media del quadrato dei valori assunti dal segnale nei diversi istanti temporali. Per ogni segnale stazionario, discreto e sufficientemente lungo, la RMS (Root Mean Square) può essere valutata come

$$RMS(u) = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n u_i^2}$$

dove n è il numero di campioni registrati e i rappresenta l' i -esimo istante temporale. Poichè nel caso considerato il segnale è armonico, si ha che la $RMS(u)$ equivale a circa 0,707 volte l'ampiezza della sinusoidale. Pertanto, il segnale armonico finale contaminato dal rumore sarà dato dalla seguente formula approssimata:

$$\tilde{u}(t) = u(t) + \eta \times l \times 0,707 \times a_u$$

dove a_u rappresenta l'ampiezza del segnale armonico $u(t) = a_u \sin(\Omega t)$ (in Figura 5.1 è riportato l'esempio di un segnale armonico contaminato con un livello di rumore pari a $l = 4\%$).

2. ciascuno degli insiemi di dati $\tilde{\mathbf{y}}_p^m$, $p = 1, 2, \dots, m$ è un input nel problema (5.4) e permette di generare un vettore di stime dei parametri

$$\tilde{\mathbf{x}}_p, \quad p = 1, 2, \dots, m$$

3. la popolazione di stime così ottenute, $\tilde{\mathbf{x}}_p$, $p = 1, 2, \dots, m$, viene ad essere caratterizzata dagli operatori di media e covarianza campionari, rispettivamente $\bar{\mathbf{x}}$ e $\bar{\mathbf{C}}$, così definiti:

$$\bar{\mathbf{x}} = \frac{1}{m} \sum_{p=1}^m \tilde{\mathbf{x}}_p$$

$$\bar{\mathbf{C}} = \frac{1}{(m-1)} \sum_{p=1}^m (\tilde{\mathbf{x}}_p - \bar{\mathbf{x}}) (\tilde{\mathbf{x}}_p - \bar{\mathbf{x}})^T$$

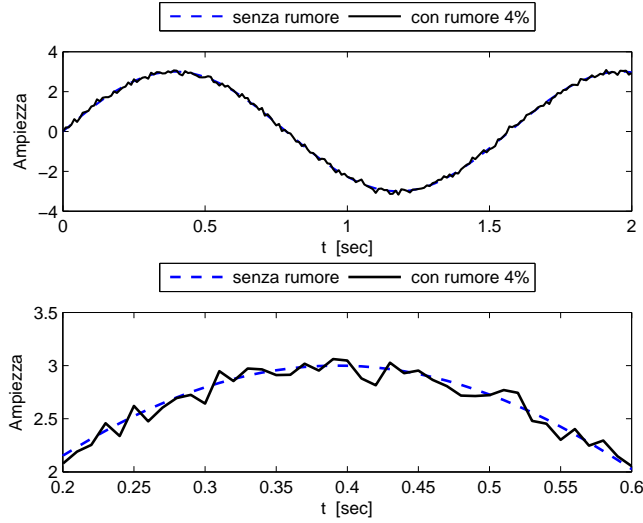


Figura 5.1: Segnale armonico contaminato con un livello di rumore pari al 4%

A questo punto, la stima dei parametri $\hat{\mathbf{x}}$ può essere ottenuta come soluzione del seguente problema

$$\hat{\mathbf{x}} = \arg \min \left\{ \omega(\mathbf{x}) = \mathbf{r}^T (\mathbf{C}^m)^{-1} \mathbf{r} \right\} \quad (5.4)$$

$$\mathbf{r}(\mathbf{x}) = \mathbf{y}^m - \mathbf{y}(\mathbf{x}) \quad (5.5)$$

dove la funzione $\omega(\mathbf{x})$ rappresenta una norma adimensionale del divario (o residuo) tra le quantità misurate \mathbf{y}^m e quelle calcolate $\mathbf{y}(\mathbf{x})$ per mezzo del modello matematico agli elementi finiti in funzione dei parametri incogniti \mathbf{x} , pesato per la corrispondente matrice di covarianza \mathbf{C}^m .

Un altro metodo basato sulla stima ai minimi quadrati è quello che utilizza l'algoritmo di Levenberg-Marquardt

$$\hat{\mathbf{x}} = \arg \min \left\{ \omega(\mathbf{x}) = \frac{1}{2} \|\mathbf{r}(\mathbf{x})\|^2 \right\} \quad (5.6)$$

$$r_j(\mathbf{x}) = \frac{y_j^m - y_j(\mathbf{x})}{y_j^m} \quad (5.7)$$

che si è dimostrato molto efficace nel migliorare le soluzioni già ottenute con il metodo degli algoritmi genetici nello studio di identificazione di danneggiamenti in sistemi strutturali 2D e 3D (modellizzati mediante il metodo degli elementi finiti) con misure sperimentali affette da diversi livelli di rumore.

Capitolo 6

CONCLUSIONI E SVILUPPI FUTURI

In questo lavoro di tesi è stato studiato ed applicato un metodo di identificazione parametrica basato sull'utilizzo degli algoritmi genetici. Due problemi ingegneristici sono stati considerati, in ognuno dei quali il problema di identificazione si configura come un problema di ricerca del minimo di una funzione di residui fra le misure ottenute in situ ed i risultati forniti dal modello agli elementi finiti.

Il primo problema affrontato tratta l'identificazione delle rigidità degli elementi che compongono un sistema strutturale piano. La procedura di identificazione si compone di due fasi, la prima di tipo sperimentale, consistente nell'applicazione di una forzante armonica alla struttura fino al raggiungimento dello stato di regime (cioè quando la struttura vibra con una frequenza sincronizzata con quella della forzante) e nella successiva registrazione dell'ampiezza della risposta dinamica della struttura mediante l'utilizzo di appositi sensori; in alternativa, il codice di calcolo realizzato in ambiente MatLab consente di effettuare una simulazione numerica inserendo nel modello agli elementi finiti dei fattori di riduzione della rigidità di ogni elemento. La seconda fase consiste nell'applicazione degli algoritmi genetici al problema di minimizzazione della funzione obiettivo, che rappresenta un norma adimensionale del divario (o "residuo") tra le quantità misurate (o simulate) e quella calcolate per mezzo del modello matematico in funzione delle rigidità degli elementi (parametri incogniti oggetto della stima). L'identificazione delle rigidità residue di un sistema strutturale rientra in quella che viene chiamata diagnostica non invasiva, consis-

tente nel monitoraggio dello stato di salute di una struttura durante la sua vita utile senza fare ricorso all'impiego di tecniche distruttive che ne compromettano l'integrità.

Come fanno notare Kokot e Zembaty [7, 8] questo metodo presenta alcuni vantaggi rispetto i metodi classici basati sull'analisi modale, in quanto non lavora con un numero finito di frequenze e riesce ad identificare danni multipli senza utilizzare necessariamente i modi relativi alle alte frequenze. D'altra parte però, l'applicazione di una forzante armonica richiede che la struttura sia messa temporaneamente fuori servizio.

Il secondo problema tratta l'identificazione di occlusioni in reti di condotte in pressione trasportanti fluidi viscosi di derivazione petrolifera, rientrante in un progetto di ricerca finanziato da un'importante azienda che opera nel campo della distribuzione di olii e gas; lo scopo della ricerca è quello di realizzare ed implementare su software un modello di calcolo che consenta di monitorare lo stato delle proprie reti ed identificare eventuali occlusioni che ne compromettano le prestazioni in termini di portate, efficienza e durabilità. Anche in questo caso è stato studiato, messo a punto ed implementato su un codice di calcolo in ambiente MatLab un apposito modello termoidraulico agli elementi finiti per il calcolo delle portate nelle condotte e delle pressioni nodali, tenente conto dei cambiamenti delle proprietà fisiche del fluido dovuti alle variazioni di temperatura lungo la rete e della presenza nelle rete stessa di dispositivi idraulici come diffusori, contrattori, valvole, etc. In analogia al caso dell'identificazione di danneggiamenti strutturali, la procedura di identificazione si compone della fase di reperimento delle misure di portata e pressione in situ e della fase di minimizzazione, mediante algoritmi genetici, della funzione di fitness, che tiene conto delle discrepanze tra le misure acquisite e quelle calcolate dal modello. Il codice di calcolo realizzato consente di simulare numericamente le misure, lasciando all'utente la possibilità di introdurre nel modello una o più occlusioni decidendone la posizione, l'estensione ed il diametro residuo cui esse danno luogo. I risultati numerici hanno dimostrato che quando un'occlusione si estende per brevi tratti della condotta, essa diventa quasi invisibile all'algoritmo, anche nel caso in cui comporti una rilevante riduzione di diametro. La soluzione al problema può aversi mediante una discretizzazione più fitta degli elementi della rete, la quale però richiede una aggiunta di informazioni dovuta al fatto che vengono aggiunti un certo numero di nodi e condotte: poichè l'algoritmo lavora attualmente utilizzando tutte le misure di pressione nodale e di portata nelle

condotte, lo step evolutivo da conseguire nell'immediato futuro è sicuramente quello di estendere la procedura anche al caso di misure mancanti, in maniera tale da poter operare discretizzazioni più fitte senza disporre necessariamente di una misura reale per ogni nodo e condotta del modello matematico.

Si conclude osservando che i risultati di ogni analisi possono essere comunque migliorati combinando tecniche diverse tra loro: ad esempio, unendo ai GAS delle procedure di ricerca locale come il metodo ai minimi quadrati o metodi basati sull'inferenza bayesiana, oppure ibridizzando gli stessi con altre tecniche laddove queste presentino già delle buone attitudini di accuratezza e stabilità nella ricerca del minimo per il problema posto.

Capitolo 7

CODICE MATLAB PER L'IDENTIFICAZIONE DELLE RIGIDEZZE DEGLI ELEMENTI DI UNA STRUTTURA 2D

7.1 File dati.m

```
%=====
% IDENTIFICAZIONE RIGIDEZZE IN STRUTTURE 2D
% Università Degli Studi di Bologna
% Facoltà di Ingegneria, LAMC
% M. Mazzotti
%=====
clear all, close all, clc
%-----
% DATI INPUT
%-----
%COORDINATE NODI
```

Codice MatLab per l'analisi di identificazione delle rigidzze degli elementi di una struttura 2D

```
% Matrice delle coordinate dei nodi
% vnodi(:,1) = ascissa del nodo (cm)
% vnodi(:,2) = ordinata del nodo (cm)
% X Y
vnodi = [ 0 0
100 0
200 0
300 0
0 80
100 80
200 80 ];
% Matrice di connettività
% LCO(i,1) = nodo inferiore dell'asta i-esima
% LCO(i,2) = nodo superiore dell'asta i-esima
% nodo i nodo j
LCO = [ 1 2
2 3
3 4
5 6
6 7
2 6
3 7
2 5
3 6
4 7 ];
nfig = geometria( size(LCO,1), vnodi, LCO, size(vnodi,1), 2.0 )
%-----
% PROPRIETÀ MECCANICHE DEGLI ELEMENTI
%
% VPA(ip,:) = caratteristiche dell'elemento ip
% VPA(:,1) = tipo di elemento 1: truss (funz. di forma lineari)
% 2: trave Timoshenko (funz. forma lineari + cubiche)
% VPA(:,2) = modulo di Young (MPa)
% VPA(:,3) = coefficiente di Poisson
% VPA(:,4) = densità del materiale (Kg/m^3)
% VPA(:,5) = area della sezione (cm^2)
```

```

% VPA(:,6) = momento d'inerzia della sezione (cm^4)
% VPA(:,7) = fattore di correzione a taglio (k=1/chi)
%
% type E v rho A J k
VPA = [ 1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6
1 206000 0.25 7850 11,1 45000 5/6 ];
%
% Rapporto di smorzamento della struttura
csi = 0.00;
%-----
% VINCOLAMENTO
%
% BL(:,1) = nodo vincolato
% BL(:,2) = direzione vincolata 1: lungo x
% 2: lungo y
% 3: rotazione
% BL(:,3) = entità dello spostamento (cm)
%
BL = [ 1 1 0
1 2 0
5 1 0
5 2 0 ];
%-----
% FORZANTI ARMONICHE
%
% F(:,1) = nodo in cui è applicata la forzante
% F(:,3) = direzione di applicazione della forzante 1: orizzontale
% 2: verticale

```

Codice MatLab per l'analisi di identificazione delle rigidzze degli elementi di una struttura 2D

```
% F(:,3) = ampiezza della forzante (N)
%
F = [ 4 2 -1000 ];
%
freq = 5; % frequenza della forzante (Hz)
%-----
% SIMULATORE RIGIDZZE RESIDUE
% crack(:,1) = asta in cui si trova il crack
% crack(:,2) = rigidzza residua (%)
% porre crack = [0] se non si vuole simulare nessuna occlusione;
%
% asta con crack rigidzza residua (%)
crack = [ 4 90
9 80 ];
%-----
% OUTPUT
% (3) Specificare in quali nodi si misurano gli spostamenti
% mis(:,1) = nodo in cui si misurano gli spostamenti;
% mis(:,2) = spostamento misurato 1: lungo x
% 2: lungo y
% 3: rotazione
% N.B.: nel caso in cui si siano effettuate le misure su tutti i gdl,
% digitare Mis = umis
Mis = [ 2 1
2 2
3 1
3 2
4 1
4 2
6 1
6 2
7 1
7 2 ];
% (1) ANALISI MODELLO
[ u, fnat ] = fem2D( vnodi, LCO, VPA, csi, BL, F, freq, crack, Mis );
u
```



```

% (2) Gli spostamenti u diventano le quantità misurate
umis = u;
% (3) IDENTIFICAZIONE
[ alphaKid ] = stiffnessID( vnodi, LCO, VPA, csi, BL, F, freq, crack, umis,
Mis );

```

7.2 function geometria.m

```

function nfig = geometria( naste, vnodi, LCO, ntn, line )
%-----
%
titolo = [ ' Geometria ' ];
nfig = figure( 'Name', titolo );
hold on
for i = 1:naste
xa = vnodi( LCO(i,:), 1 );
ya = vnodi( LCO(i,:), 2 );
plot(xa,ya,'-o', 'LineWidth', line)
end;
for i=1:ntn
text( vnodi(i,1),vnodi(i,2), num2str(i),'FontSize',18 )
end;

```

7.3 function fem2D.m

```

function [ u, fmat ] = fem2D( ind, vnodi, LCO, VPA, csi, BL, F, freq, crack,
Mis, alphaKid );
%-----
% SETTAGGI GLOBALI
ntn = size(vnodi,1); % n° totale di nodi
naste = size(LCO,1); % n° di aste
if VPA(:,1) == 1; % struttura reticolare
ngd = 2;
elseif VPA(:,1) == 2; % struttura a telaio
ngd = 3; % n° gradi di libertà per nodo
else

```

Codice MatLab per l'analisi di identificazione delle rigidzze degli elementi di una struttura 2D

```
disp(' WARNING: controllare i parametri nella prima colonna della matrice
VPA')
return
end
nvar = ngd*ntn; % n° totale di variabili
nna = 2; % n° di nodi per asta
ngda = nna*ngd; % n° di gdl per asta
ncv = size(BL,1); % n° delle condizioni di vincolo
%
K = zeros( nvar, nvar ); % matrice di rigidzza globale
M = zeros( nvar, nvar ); % matrice delle masse globale
%-----
% CREAZIONE VETTORE DEI COEFFICIENTI alpha
if ind == 1;
if crack == 0
alphaK = ones(naste,1);
else
alphaK = ones(naste,1);
for jj = 1:size(crack,1);
astacrack = crack(jj,1);
alphaKcrack = crack(jj,2) / 100;
alphaK(astacrack,1) = alphaKcrack;
end
end
else
end
%-----
% CREAZIONE VETTORE GLOBALE DELLE FORZANTI
% ARMONICHE ESTERNE
P = zeros(nvar,1);
for jj = 1:size(F,1);
nodof = F(jj,1);
dir = F(jj,2);
if dir==1 | dir==2;
A = F(jj,3);
P((nodof-1)*ngd+dir,1) = A; % da Kg*m/sec^2 a Kg*cm/sec^2
```

```

else
disp([' WARNING: errore nella matrice F riga ', num2str(jj), ' colonna 2'])
disp(' Inserire direzione 1 (orizzontale) o 2 (verticale)')
return
end
end
% Pulsazione delle forzanti (rad/sec)
w = 2*pi*freq;
%-----
% AGGIORNAMENTO UNITA' DI MISURA
vnodi = vnodi/100; % da cm a m
VPA(:,2) = VPA(:,2)*10^6; % da MPa a N/m^2
VPA(:,5) = VPA(:,5)/10^4; % da cm^2 a m^2
VPA(:,6) = VPA(:,6)/10^8; % da cm^4 a m^4
%-----
% CICLO SULLE ASTE
for ia = 1:naste
% disp([' Elemento: ', num2str(ia) ]);
%
for jjc = 1:nna
xa(jjc) = vnodi( LCO( ia, jjc ), 1);
ya(jjc) = vnodi( LCO( ia, jjc ), 2);
end;
%
% Determinazione dell'orientamento dell'elemento ia
la = sqrt( (xa(2) - xa(1))^2 + (ya(2) - ya(1))^2 );
l = (xa(2) - xa(1))/la;
m = (ya(2) - ya(1))/la;
%
% Costruzione della matrice di rotazione dal
% s.d.r. locale a quello globale
if VPA(ia,1) == 1; % elemento truss
Ta = zeros( ngda, ngda );
Ta(1,1) = 1;
Ta(1,2) = m;
Ta(2,1) = -m;

```

Codice MatLab per l'analisi di identificazione delle rigidezze degli elementi di una struttura 2D

```
Ta(2,2) = 1;
Ta(3,3) = 1;
Ta(3,4) = m;
Ta(4,3) = -m;
Ta(4,4) = 1;
elseif VPA(ia,1) == 2; % elemento beam
Ta = zeros (ngda,ngda);
Ta(1,1) = 1;
Ta(1,2) = m;
Ta(2,1) = -m;
Ta(2,2) = 1;
Ta(3,3) = 1;
Ta(4,4) = 1;
Ta(4,5) = m;
Ta(5,4) = -m;
Ta(5,5) = 1;
Ta(6,6) = 1;
else
end
%
% Costruzione della matrice di rigidezza locale e della matrice delle
% masse per l'elemento ia
VPAia = VPA(ia,:);
E = VPAia(2);
v = VPAia(3);
rho = VPAia(4);
A = VPAia(5);
I = VPAia(6);
k = VPAia(7);
G = E/2/(1+v);
%
% Tipo di elemento
%
if VPA(ia,1) == 1; % elemento truss
[ Ke, Me ] = KMtruss( E, A, rho, la );
elseif VPA(ia,1) == 2; % elemento Timoshenko beam
```

```

[ Ke, Me ] = KMbeam( E, G, I, A, v, k, rho, la );
else
end
%
% Applicazione della riduzione di rigidezza all'asta ia
if ind == 1;
Ke = alphaK(ia) * Ke;
elseif ind ==2;
Ke = alphaKid(ia) * Ke;
else
end
%
% Determinazione della matrice di rigidezza dell'elemento ia
% nel s.d.r. globale -> KA
KE = Ta'*Ke*Ta;
ME = Ta'*Me*Ta;
% Assemblaggio
[ K, M ] = assemblaggio( ia, nna, nna, ngd, ngd, ...
                        LCO, LCO, KE, K, ME, M );

end;
%-----
% PROBLEMA AGLI AUTOVALORI E MATRICE
% DI SMORZAMENTO ALLA RAYLEIGHT
% (solo per  $\tilde{c} = 0$ )
if ind == 1 |  $\tilde{c} >= 0$ ;
[ skp1, skp2, K2, M2 ] = vinc( 2, nvar, ncv, ngd, BL, [], [], K, M );
[ phi, W ] = eig(K2,M2);
W = diag(W);
wnat = sqrt(W); % pulsazioni naturali
fnat = wnat/(2*pi); % frequenze naturali
wi = min(wnat);
wj = max(wnat);
a0 =  $\tilde{c}^2 * wi * wj / (wi + wj)$ ;
a1 =  $\tilde{c}^2 / (wi + wj)$ ;
C = a0*M + a1*K;
else

```

Codice MatLab per l'analisi di identificazione delle rigidezze degli elementi di una struttura 2D

```
end
%-----
% MATRICE DI RIGIDEZZA EFFICACE
clear i
KK = K + i*w*C - w^2*M;
%-----
% VINCOLAMENTO
[ KK, P, skp3, skp4 ] = vinc( 1, nvar, ncv, ngd, BL, KK, P, [], [] );
%-----
% CONDENSAZIONE STATICA
elim = [1:nvar]';
Mis = sortrows(Mis,1);
for ii = 1:size(Mis,1);
rows(ii,1) = (Mis(ii,1)-1)*ngd + Mis(ii,2);
end
elim(rows,:) = [];
elim;
A1 = KK;
b1 = P;
for ii = 1:size(elim,1);
ind = elim(ii,1)-ii+1;
riga = A1(ind,:);
A1(ind,:) = [];
A1(:,ind) = [];
d = b1(ind,1);
b1(ind,:) = [];
c = riga(1,ind);
riga(:,ind) = [];
for j = 1:size(A1,1);
for z = 1:size(A1,1);
A1(j,z) = A1(j,z)-(1/c)*riga(1,j)*riga(1,z);
end
b1(j,1) = b1(j,1) - (1/c)*d*riga(1,j);
end
A1;
b1;
```

```

end
K1 = A1;
P1 = b1;
%-----
% AMPIEZZE COMPLESSE CON gdl CONDENSATI
%Uc = KK \ P;
Uc = K1 \ P1;
u = real(Uc);
u = u*100; % da m a cm
%-----
% ACCELERAZIONI COMPLESSE
%u = -w^2*u;

```

7.4 function KMbeam.m

```

function [ Ke, Me ] = KMbeam( E, G, I, A, v, k, rho, la )
%-----
% (1) MATRICE DI RIGIDEZZA TRAVE DI TIMOSHENKO
%
t = (12*E*I)/(la^2*k*G*A);
KeN(1,1) = E*A/la;
KeN(1,4) = - KeN(1,1);
KeN(4,1) = KeN(1,4);
KeN(4,4) = KeN(1,1);
KeN(6,6) = 0;
KeF(2,2) = 4;
KeF(2,3) = 2*la;
KeF(2,5) = -4;
KeF(2,6) = 2*la;
%
KeF(3,2) = KeF(2,3);
KeF(3,3) = la^2 * (4+t) / 3;
KeF(3,5) = -2*la;
KeF(3,6) = la^2 * (2-t) / 3;
%
KeF(5,2) = KeF(2,5);

```

Codice MatLab per l'analisi di identificazione delle rigidezze degli elementi di una struttura 2D

```
KeF(5,3) = KeF(3,5);
KeF(5,5) = 4;
KeF(5,6) = -2*la;
%
KeF(6,2) = KeF(2,6);
KeF(6,3) = KeF(3,6);
KeF(6,5) = KeF(5,6);
KeF(6,6) = la^2 * (4+t) / 3;
%
KeF = (3*E*I)/(la^3*(1+t)) * KeF;
%
Ke = KeN + KeF;
%-----
% (2) MATRICE DELLE MASSE TRAVE DI TIMOSHENKO
%
m = rho*A*la;
Me(1,1) = 1/3*m;
Me(1,4) = 1/6*m;
Me(4,1) = Me(1,4);
Me(4,4) = Me(1,1);
Me(6,6) = 0;
Me(2,2) = 13/35*m;
Me(2,3) = 11/210*m*la;
Me(2,5) = 9/70*m;
Me(2,6) = -13/420*m*la;
Me(3,2) = Me(2,3);
Me(3,3) = 1/105*m*la^2;
Me(3,5) = 13/420*m*la;
Me(3,6) = -1/140*m*la^2;
Me(5,2) = Me(2,5);
Me(5,3) = Me(3,5);
Me(5,5) = 13/35*m;
Me(5,6) = -11/210*m*la;
%
Me(6,2) = Me(2,6);
Me(6,3) = Me(3,6);
```



```
Me(6,5) = Me(5,6);
Me(6,6) = 1/105*m*la^2;
```

7.5 function KMtruss.m

```
function [ Ke, Me ] = KMtruss( E, A, rho, la )
%-----
% (1) MATRICE DI RIGIDEZZA ELEMENTO TRUSS
%
Ke = zeros(4,4);
Ke(1,1) = E*A/la;
Ke(1,3) = - Ke(1,1);
Ke(3,1) = Ke(1,3);
Ke(3,3) = Ke(1,1);
%-----
% (2) MATRICE DELLE MASSE ELEMENTO TRUSS
%
m = rho*A*la;
Me = zeros(4,4);
Me(1,1) = 1/3*m;
Me(1,3) = 1/6*m;
Me(3,1) = Me(1,3);
Me(3,3) = Me(1,1);
```

7.6 function assemblaggio.m

```
function [ K, M ] = assembly( iE, nelU, nelE, NgdU, NgdE, LCOU, LCOE, KE,
K, ME, M )
%-----
% ASSEMBLAGGIO MATRICE ia NEL SDG
%
for id=1:nelU
i = LCOU( iE, id );
for jd=1:nelE
j = LCOE( iE, jd );
for ir=1:NgdU
```

```

for ic=1:NgdE
K( NgdU*i-ir+1, NgdE*j-ic+1 ) = K( NgdU*i-ir+1, NgdE*j-ic+1 ) + ...
KE( NgdU*id-ir+1 , NgdE*jd-ic+1 ) ;
M( NgdU*i-ir+1, NgdE*j-ic+1 ) = M( NgdU*i-ir+1, NgdE*j-ic+1 ) + ...
ME( NgdU*id-ir+1 , NgdE*jd-ic+1 ) ;
end;
end;
end;
end;

```

7.7 function vinc.m

```

function [ KK, P, K, M ] = vinc( ind, nvar, ncv, ngd, BL, KK, P, K, M )
%-----
if ind == 1;
eqvin = zeros( 1, ncv );
for i = 1:ncv
eqvin(i) = ngd*BL(i,1)-(ngd-BL(i,2));
end;
for i = 1:ncv
P = P - KK(:,eqvin(i)) * BL(i,3);
P( eqvin(i) ) = BL(i,3);
KK( eqvin(i), : ) = 0.;
KK( :, eqvin(i) ) = 0.;
KK( eqvin(i), eqvin(i) ) = 1.;
end
K = [];
M = [];
elseif ind == 2;
eqvin = zeros( 1, ncv );
for ii = 1:ncv
eqvin(ii) = ngd*BL(ii,1)-(ngd-BL(ii,2));
end;
K( eqvin, : ) = [];
K( :, eqvin ) = [];
M( eqvin, : ) = [];

```

```

M( :, eqvin ) = [];
KK = [];
P = [];
else
end

```

7.8 function stiffnessID.m

```

function [ alphaKid ] = stiffnessID( vnodi, LCO, VPA, csi, BL, F, freq, crack,
umis, Mis );
%-----
% CREAZIONE VETTORE DEI COEFFICIENTI alpha INIZIALI
naste = size(LCO,1); % n° di aste
if crack == 0
alphaK = ones(naste,1);
else
alphaK = ones(naste,1);
for jj = 1:size(crack,1);
astacrack = crack(jj,1);
alphaKcrack = crack(jj,2) / 100;
alphaK(astacrack,1) = alphaKcrack;
end
end
INI = ones(naste,1);
%INI = rand(naste,1);
%-----
% IDENTIFICAZIONE CON ALGORITMI GENETICI
options = gaoptimset(...
'EliteCount',1, ...'CrossoverFcn', @crossovertwopoint, ...
'FitnessLimit',10^-13, ...
'InitialPopulation',INI, ...
'PopulationSize',50,...
'PlotFcns',[@gaplotbestf @gaplotbestindiv @gaplotscores @gaplotstopping],
...
'StallGenLimit',3000,...
'StallTimeLimit',60*60,...

```

Codice MatLab per l'analisi di identificazione delle rigidezze degli elementi di una struttura 2D

```
'Generations',3000 )
LB = 10^-5*ones(naste,1);
UB = ones(naste,1);
fitfun = @(alphaKid) fitfunGA( vnodi, LCO, VPA, csi, BL, F, freq, crack,
umis, alphaKid, Mis );
[alphaKid,fval] = ga(fitfun,naste,[],[],[],[],LB,UB,[],options);
WAE = sum(((alphaK-alphaKid')./alphaKid').^2) * 100;
ME = max(abs(alphaK-alphaKid')) * 100;
%-----
% RISULTATI E GRAFICI
%clc
disp(' ')
disp(' ANALISI DI IDENTIFICAZIONE DI STRUTTURE 2D ')
disp(' ')
alphaKid = alphaKid';
for jj = 1:naste;
DD(jj,1) = jj;
DD(jj,2) = alphaK(jj,1);
DD(jj,3) = alphaKid(jj,1);
DD(jj,4) = alphaKid(jj,1)/alphaK(jj,1)*100 - 100;
end
format short g
disp(' '), disp(' '), disp(' ')
disp(' elemento alpha alpha errore ')
disp(' simul. identif. (%) ')
disp(DD)
format short
figure('name','ALPHA SIMULATI ED IDENTIFICATI + WAE/ME')
bar([INI alphaK alphaKid],'Group')
xlabel('elemento')
ylabel('\alpha')
legend(' \alpha iniziale', ' \alpha simulato', ' \alpha identificato', 'Location','NorthEast')
title(['WAE = ', num2str(WAE), '%', ' ME = ', num2str(ME), '%'])
set(gca,'Ylim',[0 max(alphaK)*1.3],'YGrid','on')
figure('name','ALPHA SIMULATI ED IDENTIFICATI + WAE/ME')
bar([alphaK alphaKid],'Group')
```

```

xlabel('elemento')
ylabel('\alpha')
legend(' \alpha simulato', ' \alpha identificato', 'Location', 'NorthEast')
title(['WAE = ', num2str(WAE), '%', ' ME = ', num2str(ME), '%'])
set(gca,'Ylim',[0 max(alphaK)*1.3],'YGrid','on')

```

7.9 function fitfunGA.m

```

function fval = fitfunGA( vnodi, LCO, VPA, csi, BL, F, freq, crack, umis,
alphaKid, Mis );
%-----
% CALCOLO DEGLI SPOSTAMENTI CON MODELLO FEM
[ u, skp1 ] = fem2D( 2, vnodi, LCO, VPA, csi, BL, F, freq, crack, Mis,
alphaKid);
%-----
% DETERMINAZIONE DEGLI SPOSTAMENTI MISURATI
% CONFRONTABILI CON QUELLI DEL MODELLO FEM
U = u;
Umis = umis;
fval = sum(( (U-Umis)./Umis ).^2);
% r = (Umis-U)./Umis;
% fval = 1/2*(norm(r))^2;

```

Bibliografia

Bibliografia

- [1] Z. Michalewicz, *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Third Edition, Springer, 1995.
- [2] J-H Chou, J. Ghaboussi, *Genetic Algorithm in Structural Damage Detection*, *Computers & Structures* 79(14), 2001, 1335-1353.
- [3] P. Bocchini, E. Viola, *Static Identification Of Three-Dimensional Truss Structures by means of Genetic Algorithms. I: Theory and Model*, submitted, 2009.
- [4] P. Bocchini, E. Viola, *Static Identification Of Three-Dimensional Truss Structures by means of Genetic Algorithms. II: Numerical Applications*, submitted, 2009.
- [5] V. Bevilacqua, *Modelli Evoluzionistici per la Visione Automatica* PhD Thesis, 2000.
- [6] O. S. Salawu, *Detection of Structural Damage Through Changes in Frequency: A Review*, *Engineering Structures* 19(9), 1997, 718-723.
- [7] S. Kokot, Z. Zembaty, *Damage Reconstruction of 3D Frames using genetic algorithm with Levenberg-Marquardt local Search*, *Soil Dynamics and Earthquake Engineering* 29(2), 2009, 311-323.
- [8] S. Kokot, Z. Zembaty, *Vibration Based Stiffness Reconstruction of Beams and Frames by Observing Their Rotations Under Harmonic Excitations - Numerical Analysis*, *Engineering Structures* 31(7), 2009, 1581-1588.
- [9] B. Kouchmeshky, W. Aquino, *Structural Damage Identification Using Co-Evolution and Frequency Response Functions*, *Structural Control and Health Monitoring*, 15(2), 2009, 162-182.
- [10] B. E. Larock, R. W. Jeppson, G. Z. Watters, *Hydraulics of Pipeline Systems*, CRC Press, Boca Raton, 2000.
- [11] E. J. Shaughnessy, I. M. Katz, J. P. Schaffer, *Introduction to Fluid Mechanics*, Oxford University Press, 2005.

- [12] O. Bratland, *Pipe Flow 1: Single Phase Flow Assurance*, Copyright Dr. Ove Bratland, 2009.
- [13] E. Shashi Menon, *Liquid Pipeline Hydraulics*, Marcel Dekker Inc., 2004.
- [14] J. N. Reddy, *An Introduction to Nonlinear Finite Element Analysis*, Oxford University Press, 2004.
- [15] R. H. Mohtar, V. F. Bralts, W. H. Shayya, *A Finite Element Model for the Analysis and Optimization Of Pipe Networks*, American Society for Agricultural Engineers, 34(2), 1991, 393-401.
- [16] R. H. Mohtar, L. J. Segerlind, H. L. Person, *Analyzing Water Distribution Systems for Swine Growing and Finishing Units*, Computers and Electronics in Agriculture 13(1),1995, 75-86.
- [17] G. Belingardi, *Il Metodo Degli Elementi Finiti Nella Progettazione Meccanica*, Levrotto & Bella, 1995.
- [18] R. Fedele, *Metodologie A Confronto Per La Stima Dell'Incertezza In Problemi Di Identificazione Parametrica*, Dipartimento di Ingegneria Strutturale, Politecnico di Milano.