

# 基于免疫遗传算法的装配顺序优化

苏 强<sup>1</sup>, 吴海龙<sup>1</sup>, 赖盛杰<sup>2</sup>

(1. 同济大学 经济与管理学院, 上海 201804; 2. 上海交通大学 机械与动力工程学院, 上海 200240)

**摘要:** 采用装配角度、装配方向、装配稳定性和重定位次数 4 个指标构建装配顺序优化模型, 并用疫苗自动获取的免疫遗传算法(IGABVAU)求解。提出 4 种免疫疫苗用于提升算法运行效率, 其中 KP 和 NL 型疫苗由人工指定, BP 和 NT 型疫苗在算法运行中自动获取。船舶工段装配实验结果表明, 该算法具有较快的收敛速度。进一步研究发现, 免疫疫苗的质量会影响疫苗自动获取的免疫遗传算法收敛速度, 人工指定的 KP 和 NL 型疫苗可以提高初始种群的质量, 自动获取的 BP 和 NT 型疫苗可以为装配顺序的进化提供方向。

**关键词:** 免疫遗传算法; 疫苗自动更新; 装配顺序规划

**中图分类号:** TP11

**文献标志码:** A

## Optimization of Assembly Sequence Using Immune Genetic Algorithm

SU Qiang<sup>1</sup>, WU Hailong<sup>1</sup>, LAI Shengjie<sup>2</sup>

(1. College of Economics and Management, Tongji University, Shanghai 201804, China; 2. School of Mechanical Engineering, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China)

**Abstract:** An assembly optimal model combining with the immune genetic algorithm based on vaccine automatic updating (IGABVAU) was proposed to solve the assembly sequence plan problem (ASPP). According to assembly problem characteristic, four kinds of immune vaccines were proposed in which the KP and NL vaccines were set manually and the BP and NT vaccines were created automatically. The standard genetic algorithm (GA) and standard immune genetic algorithm (IGA) was compared by using a ship part assembly as an example. The result shows that the immune genetic algorithm based on vaccine automatic updating has a faster convergent speed. The KP and NL vaccines could improve the quality of assembly sequence population while the BP and NT vaccines could provide directions for next evolution.

**Key words:** immune genetic algorithm (IGA); immune vaccine automatic updating; assembly sequence plan

产品装配是企业生产活动中花费成本最高、对最终产品质量影响最大的环节。据统计, 与装配相关的活动占全部制造活动的 20%~70%; 装配时间占产品制造总时间的 50%以上; 装配活动的成本占制造总成本的 40%~60%。因此, 提高产品装配的质量和效率可以有效提高最终产品的质量。

自 1980 年开始, 装配顺序相关领域的研究受到关注。Boothroyd 首次提出了面向装配的设计 (design for assembly, DFA) 方法, 为装配顺序的评价和优化提供了平台。目前装配顺序规划的方法包括装配流程图规划法和装配几何干涉法<sup>[1-3]</sup>。

装配顺序优化是指通过对产品装配信息的分析和提取, 根据一定的客观标准和评价准则, 在装配序列中寻找最优的装配序列。最初采用以图论为基础的搜索方法寻找最优装配序列, 然而随着装配组件的增多, 装配顺序的可行解空间成指数增长, 导致传统搜索方法难以解决此类问题。Bonneville 等<sup>[4]</sup>提出采用遗传算法求解顺序规划问题。Marian 等<sup>[5]</sup>根据装配顺序关联图的特点, 采用装配工件和工件的连接关系共同编码染色体, 并用遗传算法优化装配顺序, 但是这种方法需要提前确认部件之间的相关关系。Guan 等<sup>[6]</sup>将遗传算法与进化规则结合, 采用基因组方式表示装配件的编码。De Lit 等<sup>[7]</sup>采用排序遗传算法解决了鼠标装配过程优化问题。这些研究在一定程度上给出解决装配顺序优化问题的方法, 具有一定的指导意义, 但是仍然存在许多不足。首先限于遗传算法进化的随机性和不确定性, 这些算法在执行过程中效率较低; 其次, 采用这些方法仅能找到一些可行的装配顺序, 缺乏对装配顺序的质量、稳定性等相关参数的进一步分析; 最后, 这些方法多数采用人工方式分析装配件之间的关系, 在很大程度上影响了装配顺序优化的效率。

装配几何干涉法基于装配模型的几何约束分析

收稿日期: 2014-06-10

基金项目: 国家自然科学基金(71072026, 71090404, 71432007)

第一作者: 苏 强(1969—), 男, 教授, 博士生导师, 工学博士, 主要研究方向为生产与服务系统优化。E-mail: suq@tongji.edu.cn

通讯作者: 吴海龙(1986—), 男, 博士生, 主要研究方向为生产与服务系统优化。E-mail: blairwu1986@163.com

方法(geometric constraint analysis, GCA)<sup>[8]</sup>. 几何约束分析方法是当前分析组件之间干涉角度的常用方法,采用 Object Bounding Box 方法可以快速获得组件间干涉角度方向等信息,有效提高装配顺序分析的效率. Su 等<sup>[9]</sup>提出的装配模型的 3D-GCA 分析方法,还可实现对装配工件 360°的分析.

## 1 装配顺序评价模型

Homem de Mello 等<sup>[10]</sup>采用装配柔性、并行度和装配时间/成本三个指标评价装配顺序. Laperriere 等<sup>[11]</sup>总结了装配流程特征,认为装配稳定性、重定向次数、并行度和装配操作聚合度可以反映装配顺序的优劣. Wolter<sup>[12]</sup>提出装配顺序的好坏还会受到装配的可操作性、复杂性和工装数量等因素的影响. Su 等<sup>[13]</sup>在 3D-GCA 模型的基础上,引入装配角度、装配方向两个更容易量化的指标评价装配顺序. 由于装配体结构不同,装配顺序的评价准则也不尽相同. 为了不失研究的一般性并结合研究案例的结构特征,本文采用装配角度、装配方向、装配稳定性和重定向次数 4 个常用指标综合评价装配顺序.

装配角度是指一个零件无干涉装配的方向集合,装配角度越大,即允许的装配操作空间越大,装配也越方便. Zhang 等<sup>[2]</sup>从装配操作方便的角度出发,为使每一步装配操作都有较大的装配角度,任意一条装配顺序的装配角度评价函数为

$$A = \sqrt{\prod_{j=1}^n A_{p_j}} = \sqrt{\prod_{j=1}^n (\Omega - \bigcup_{k=1}^{j-1} C_{P_j, P_k})} \quad (1)$$

式中:  $A_{p_j}$  是第  $j$  个装配件的装配角度;  $n$  为装配体组件数量;  $\Omega$  为装配空间;  $C_{P_j, P_k}$  为已经装入的前  $j-1$  个装配件对第  $j$  个装配件的约束状态.

装配方向是指一个零件在装入装配体过程中的操作方向. 文献<sup>[13]</sup>研究表明,在装配角度相同的情况下,装配方向从上到下是最简单易行的,反之,最为困难. 因此装配方向权重的评价函数为

$$W = (1 - k_1) \frac{e^{-k_2(\theta - 90)}}{1 + e^{-k_2(\theta - 90)}} + k_1 \quad (2)$$

式中:  $k_1, k_2$  为调整系数;  $\theta$  为装配方向与  $Z$  轴正方向的夹角,  $0^\circ \leq \theta \leq 180^\circ$ .

综合装配角度评价函数,则装配方向的评价函数为

$$D = \sqrt{\prod_{j=1}^n D_{p_j}} =$$

$$\sqrt{\prod_{j=1}^n (\bigcap_{k=1}^{j-1} (\bigcup_{\vec{OP} \in \Omega} ((1 - \vec{C}_{P_j, P_k}^{OP}) W)))}$$

式中:  $D_{p_j}$  表示装配第  $j$  个装配件含方向的装配角度;  $W$  为方向权重;  $\vec{OP}$  为装配体装入的方向

稳定性是指装配零件在装配、传输过程中的稳定程度. Laperriere 等<sup>[11]</sup>提出稳定性越好,对装配操作技能以及装配夹具的要求越低,从而能够节约装配成本和时间. 影响装配稳定性的因素有许多,为了便于后续分析,本文主要考虑重力对稳定性的影响. 假设一个装配体由  $n$  个零件组成,在第  $j$  步装配操作完成的时候,若零件装入后不会因自身重力的原因发生倾斜或偏移,则该装配操作稳定,  $S_{p_j} = 1$ ; 否则,该装配操作不稳定,  $S_{p_j} = 0$ . 其稳定性评价函数为

$$S = \sum_{j=1}^n S_{p_j} \quad (4)$$

式中:  $S_{p_j}$  为装配件的操作稳定性.

重定向次数是指在装配操作过程中,由于装配操作方向的改变,操作人员对装配体重新定向的次数. Wolter<sup>[12]</sup>的研究表明,重定向次数过多一方面会带来装配工具和夹具的额外需求,增加装配操作难度;另一方面还会增加装配时间. 本文采用装配重合度(overlap assembly angle, OAA)计算装配重定向次数. 假设对于装配顺序  $i$ ,在第  $p$  步装入零件  $P_p$ ,在第  $q$  步装入零件  $P_q$ ,则从第  $p$  步到第  $q$  步操作过程中所装入零件的可行装配角度的并集为装配操作的装配重合度,即

$$O_{p-q} = \bigcap_{k=p}^q A_{p_k} \quad (5)$$

其重定向评价函数为

$$R = \sum_{j=1}^n R_{k,j} \quad (6)$$

式中:  $k$  是操作重定向起始位;  $R_{k,j}$  是第  $j$  步的重定向度. 如果从定向起始位  $k$  到第  $j$  步的装配重合度  $O_{p_j,k} = 0$ ,则  $R_{p_j,k} = 1$ ,表示第  $j$  步操作需要重新定位,当前起始位为  $k = j + 1$ ;反之,  $R_{p_j,k} = 0$ ,表示第  $j$  步操作不需要重新定位.

采用文献<sup>[9]</sup>的单因素模糊评判和基于熵权法的权重评判准则可以构建综合评价模型,即

$$Y = w_A \tilde{A} + w_D \tilde{D} + w_R \tilde{R} + w_S \tilde{S} \quad (7)$$

式中:  $w_A, w_D, w_R, w_S$  分别为装配角度、装配方向、重定向次数和装配稳定性的权重系数,且有  $w_A + w_D + w_R + w_S = 1$ ;  $\tilde{A}, \tilde{D}, \tilde{R}, \tilde{S}$  分别为所对应指标的标准化评分.

## 2 疫苗自动获取的免疫遗传算法

采用智能算法求解装配顺序优化问题是近年来研究的一个热点,如遗传算法,离子群算法,蚁群算法,免疫算法等<sup>[1-3,8-9,13]</sup>.标准遗传算法(genetic algorithm, GA)是一种模拟生物群体遗传和进化机理的启发式优化算法,具有全局并行搜索的特点,缺点是未成熟收敛和局部搜索能力差.免疫系统具有抗体浓度选择、克隆增值等特点.将免疫思想和遗传算法相结合的免疫遗传算法(immune genetic algorithm, IGA)既有基因突变、进化、适者生存的遗传思想,又具有多样性,可以有效防止算法早熟.

### 2.1 算法流程

在免疫遗传算法中,抗原一般是要求解问题的目标函数,抗体是对应问题的可行解.在装配顺序规划问题中,目标函数是装配顺序的评价函数,每条抗体对应一个装配顺序.免疫遗传算法的基本流程主要包括

(1) 问题识别:根据装配作业计划确认求解目标,明确目标函数.

(2) 初始化抗体种群:抗体群由抗体组成,抗体的长度根据装配体组件数量确定.

(3) 计算适应度:计算每一条抗体的亲和度.

(4) 判断是否满足终止条件:如果满足,结束;否则,转到(5).

(5) 判断是否满足更新疫苗库条件:按照一定比例选择当前种群适应度较高的抗体,如果其平均适应度高于疫苗库抗体的平均适应度,转到(6);反之,转到(7).

(6) 更新疫苗库:用当前抗体替换疫苗库抗体,重新提取疫苗.

(7) 交叉 & 变异:抗体按照一定的概率执行交叉和变异操作.

(8) 判断是否满足疫苗接种条件:种群进化5次接种一次疫苗,如果符合接种条件转向(9);不符合转向(10).

(9) 注射疫苗:按照一定规则接种疫苗,如果注射后抗体的适应度低于原来抗体的适应度,则取消注射疫苗,采用原抗体;反之则采用注射疫苗后的抗体.

(10) 抗体选择:采用赌轮盘选择,抗体亲和度越高、浓度越低,被选择进入下一代循环的概率越高.

(11) 产生新一代抗体:将经过选择抗体增殖到初试种群规模,执行步骤(4)操作.

### 2.2 交叉和变异

交叉:由于在装配顺序的编码中,每一个组件均出现且只出现一次,为了保证在交叉之后编码的完整性,采用先导基因位的方式交叉.对任意两条父代抗体A、B,取抗体A的前 $k(0 < k < L)$ 个编码为子代抗体C的前 $k$ 个编码,剩余 $L-k$ 个编码根据他们在父代抗体B上的顺序依次排列.

变异:随机产生两个变异点 $K_1, K_2$ ,然后将抗体中 $K_1, K_2$ 位的两个基因相互交换,以达到变异的效果.

### 2.3 适应度

抗体和抗原之间的适应度对应解的评估,适应度越大,抗体越接近最优解.根据公式(7),本文的适应度函数为 $f = w_A \tilde{A} + w_D \tilde{D} + w_R \tilde{R} + w_S \tilde{S}$ .

### 2.4 免疫疫苗

疫苗对于算法的搜索速度有着十分重要的影响.针对装配顺序规划问题的特点,本文提出4种疫苗,分别是BP型疫苗、NL型疫苗、KP型疫苗和NT型疫苗.

(1) BP( $i$ )表示工件 $i$ 是装配体的基础件.注射该疫苗后,首先装配工件 $i$ ,其他共建顺序不变.

(2) NL( $i, j$ )表示工件 $i$ 应该不迟于工件 $j$ 装入.注射该疫苗后,将工件 $i$ 随机置于工件 $j$ 之前装配,其他工件装配顺序不变.

(3) KP( $i, n$ )表工件 $i$ 应该在第 $n$ 个装配次序装入.注射该疫苗后,将工件 $i$ 置于第 $n$ 个装配顺序装入,其他工件顺序不变.

(4) NT( $i, j$ )表示零件 $i$ 应该紧接着零件 $j$ 装入.注射该疫苗后,将工件 $i$ 调到了紧接着工件 $j$ 之后的位置,其余工件顺序不变.

### 2.5 疫苗更新规则

本文中免疫疫苗有两种更新方式:人工指定和自动提取.

BP型疫苗更新:BP型疫苗根据装配体的物理结构特征提出,装配体的基础件需要提前装入.BP型疫苗确认之后,计算过程中无需更新.

NL型疫苗更新:NL型疫苗采用人工指定方式获取.采用装配优先关系推理的方式,可以获取装配顺序最小约束状态,进而可以确定NL型疫苗.NL疫苗计算过程无需更新.

KP型疫苗更新:KP疫苗采用自动获取的方式,可以通过以下步骤更新:

(1) 在疫苗提取库的  $M$  条编码中,计算每一个编码位出现基因  $i$  的概率  $p_{ij}$ .

(2) 计算每一个基因  $i$  在编码位  $j$  ( $1 \leq j \leq L$ ) 上的信息量  $h_j^i, h_j^i = -\ln p_{ij}$ .

(3) 如果存在  $h_j^i \leq \omega$ , 则将新疫苗纳入疫苗库,  $\omega$  是设定好的阈值.

NT 型疫苗更新: NT 型疫苗采用自动获取方式, 可以采用以下步骤更新:

(1) 构建  $L \times L$  阶关联矩阵  $\mathbf{R}$ , 矩阵  $\mathbf{R}$  中  $r_{ij}$  表示在  $M$  条疫苗提取库中基因  $j$  紧跟基因  $i$  之后出现的次数.

(2) 构建方向关联矩阵  $\bar{\mathbf{R}}$ , 其中  $o_{ij} = \begin{cases} r_{ij} - r_{ji} & r_{ij} > r_{ji} \\ 0 & r_{ij} \leq r_{ji} \end{cases}$ .

(3) 计算关联关系出现的概率,  $h_{ij} = -\ln \frac{o_{ij}}{M}$  ( $o_{ij} > 0$ ).

(4) 如果存在  $h_{ij} \leq \delta$ , 则将新疫苗纳入疫苗库,  $\delta$  是设定好的阈值.

### 3 实验案例及分析

#### 3.1 船舶装配工段简介

船舶工段的装配是船体吊装中重要的一步, 工段装配质量会显著影响整理船舶的质量. 如图 1 所示, 该装配工段共有 14 个工件组成, 则其可能的装配顺序有  $14! = 87\ 178\ 291\ 200$  种不同的装配顺序. 如果采取一一验证的方法寻找最佳装配方案, 几乎是不可能完成的任务. 实际生产中船舶装配顺序多根据经验进行选择, 而这种方法搜索空间小、依赖性较强, 很难找到最佳装配顺序. 采用前文所述方法, 根据公式(1), (3), (4), (6) 计算出每一个装配顺序的装配角度、装配方向、稳定性和重定向次数, 可以快速有效地找到最佳装配顺序.

图 2 为根据图 1 随机产生的 200 万条装配顺序的装配角度、装配方向、装配稳定性和重定向次数的分布情况.

#### 3.2 人工免疫疫苗设定

首先通过初步的装配结构判断可以很容易发现该装配体基础件的最佳选择是工件 A, 则该装配问题的 BP 型疫苗为 A. 然后利用文献[9]提出的装配顺序优先关系研究, 发现该装配结构存在最小装配约束前件关系, 可以确定装配的最小前件约束, 即可以确定该问题的 NL 型疫苗.

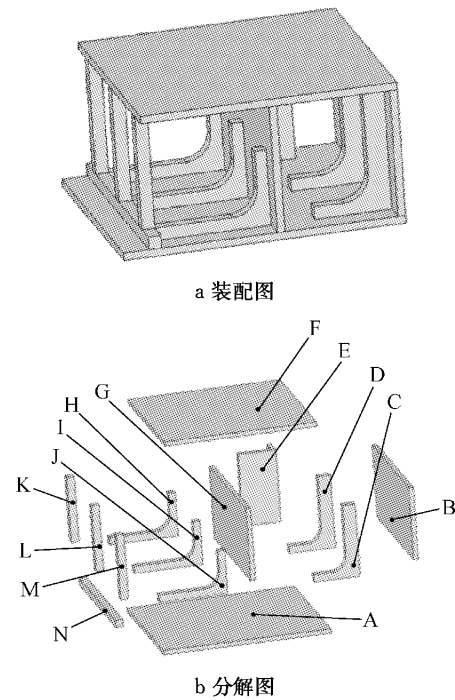


图 1 某船舶装配工段示意图

Fig.1 Assembly ship part

#### 3.3 评价指标标准化及权重

装配角度、装配方向、装配稳定性和装配重定向次数从 4 个角度对装配顺序做出了评价. 由于单项指标反映的是每个装配顺序某一方面的性能, 每项指标的量纲不同, 在进行综合评价的时候通常需要制定相应的评价函数, 将单项指标的计算结果转化为标准得分, 见表 1.

表 1 评价聚类中心

Tab.1 Evaluation cluster centers

评价指标	分值				
	差	较差	一般	较好	好
装配角度 A	164.00	341.00	508.00	683.00	982.00
装配方向 D	111.00	234.00	339.00	693.00	818.00
稳定性 S	3.50	5.60	8.03	10.70	13.30
重定向次数 R	5.00	3.22	2.00	1.00	0

本文采用模糊评价方法确定其标准得分, 步骤如下:

(1) 将每一个评价准则划分为 5 类, 分别代表“好”、“较好”、“一般”、“较差”、“差”, 分别对应  $A = (9, 7, 5, 3, 1)$ .

(2) 采用 K-means 聚类方法把每一个评价准则分为 5 类. 表 2 给出了根据图 1 随机生成的 200 万条装配顺序的聚类中心.

(3) 根据聚类中心, 采用常见的三角隶属度函数, 可以得出其函数分布, 如图 3 所示.

如假设装配顺序 A 的值为 800, 根据隶属度函

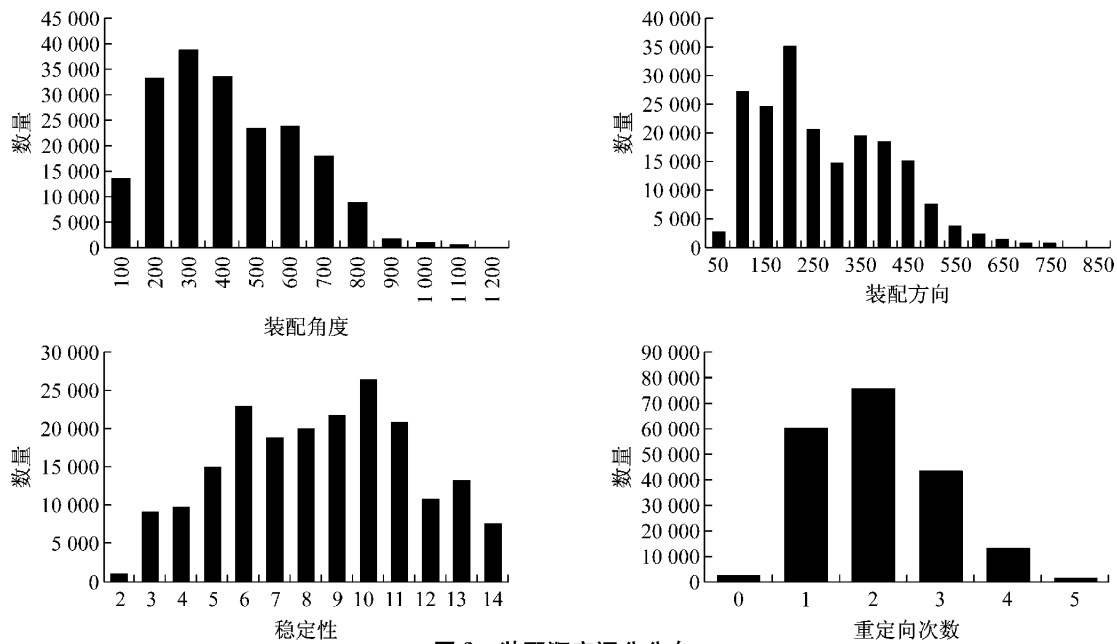


图 2 装配顺序评分分布

Fig.2 Distribution of assembly sequence evaluation

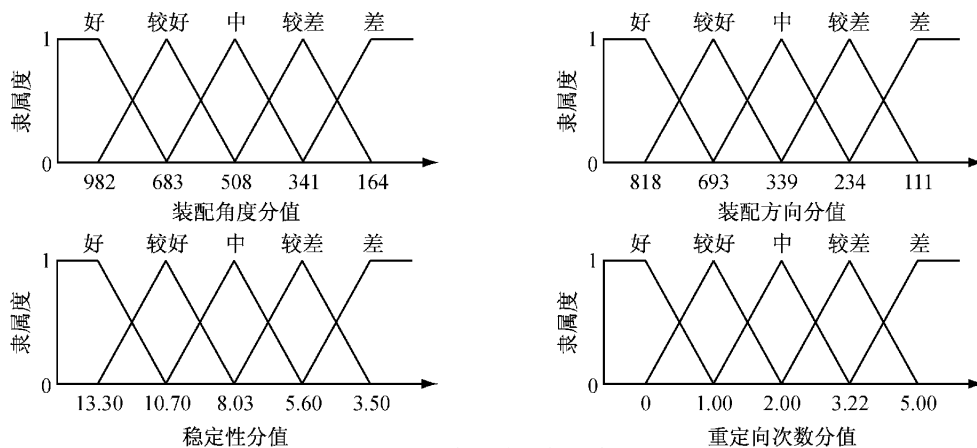


图 3 隶属度函数分布

Fig.3 Distribution of membership function

数分布图,其隶属度  $Q_A$  为  $Q_A = \{0.391, 0.609, 0, 0, 0\}$ , 则该装配顺序在该指标上的得分值为  $\tilde{A} = AQ_A^T = 7.809$ , 其中  $A = (9, 7, 5, 3, 1)$ .

采用模糊聚类和信息熵的方法,计算出适应度函数中各参数的权重,可以得出 4 个评价准则的权重,分别为  $w_A = 0.243$ ,  $w_D = 0.243$ ,  $w_S = 0.255$ ,  $w_R = 0.259$ .

### 3.4 算法效率分析

令免疫遗传算法的种群规模  $N=30$ , 迭代次数  $M=500$ , 交叉概率  $p_c=0.4$ , 变异概率  $p_m=0.05$ . 疫苗接种方案: 每循环迭代 5 次接种一次疫苗. 疫苗更新方案: 如果当前种群前 20% 疫苗的平均适应度高于疫苗库种群疫苗的平均适应度, 则更新疫苗库. 其运算结果如图 4 所示.

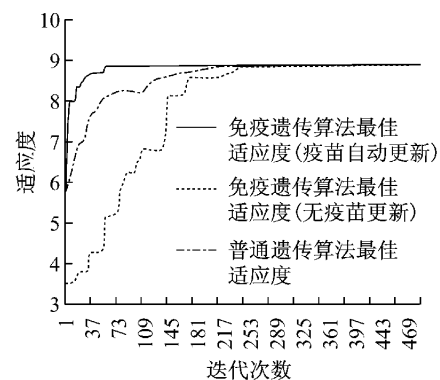


图 4 算法收敛性对比

Fig.4 Algorithm convergence

从图 4 中可以看到, 无论是普通遗传算法, 无疫苗更新的免疫遗传算法或疫苗自动更新的免疫遗传算法, 它们最终都可以收敛到最优解, 但是收敛速度

表2 10条装配最佳装配顺序  
Tab.2 Top 10 assembly sequences

装配顺序	$\bar{A}$	$\bar{D}$	$\bar{R}$	$\bar{S}$	亲和度
A—N—M—L—K—H—I—J—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—M—L—K—J—I—H—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—M—L—K—I—H—J—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—M—L—K—I—J—H—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—K—L—M—J—I—H—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—K—L—M—I—H—J—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—L—M—K—H—I—J—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—L—M—K—I—H—J—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—L—M—K—J—I—H—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479
A—N—L—M—K—I—J—H—G—E—D—C—B—F	8.659 8	8.893 6	9	9	8.891 479

却有显著差别,收敛到最优花费时间分别为  $T_{IGABVAU}$  为 30 分 25 秒,  $T_{IGA}$  为 39 分 10 秒,  $T_{GA}$  为 55 分 37 秒。

经过运算得到 10 条最后装配顺序,他们在各项指标中都有较高的评分. 与其他的装配顺序相比,采用这些装配顺序具有 3 方面优点:①提高了装配质量;②减少了装配时间;③降低了装配成本。

首先,装配角度的增大意味操作工人的操作空间增大,操作难度减小,可以降低工人装配错误发生的几率. 其次,装配方向的优化使得装配的角度更加舒适和便捷,从而可以降低工人的工作强度和工作负担. 第三,装配稳定性提高表明装配体在装配过程中自稳定性提高,因此既可以减少装配过程中辅助夹具的使用,降低装配成本,又可以减少不必要的装配环节,提高装配速度. 最后,装配定位次数减少使得装配过程流畅性增加,节约了装配时间。

从图 4,表 2 可以看出,相较于其他两种算法,疫苗自动更新的免疫遗传算法收敛性较快的主要原因为:

(1) 人工指定的免疫疫苗可以优化初始种群质量. 在船舶工段装配实验中,通过初步的装配结构分析,很容易确定工件 A 是基础件. 根据基础件优先装配原则,确定 BP(A) 型疫苗. 在运算的过程中,注入该疫苗可以使得算法初始种群具有较高的适应度. 图 5 显示两种免疫遗传算法的初始种群质量明显高于普通遗传算法的初始种群质量。

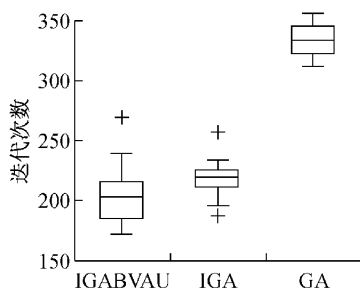


图5 算法收敛迭代次数

Fig.5 Algorithm convergence iteration times

(2) 自动生成的免疫疫苗为种群进化提供了方向指导. KP 型疫苗和 NT 型疫苗在种群进化的过程中不断更新,不断完善. 比如工件 A 和工件 N,在进化过程中,疫苗库提取的疫苗发现多数表现较好的疫苗具有先装入 A 再装入 N 的特征,将其提取之后,视情况注入到种群,更新疫苗整体表现. 在最佳的 10 条装配过程中,均具备这个特征. 由图 5 可见,采用含有疫苗更新的免疫遗传算法收敛速度明显优于其他两种,他们的平均收敛周期分别是  $\bar{T}_{IGABVAU} = 203.16$ ,  $\bar{T}_{IGA} = 218.76$ ,  $\bar{T}_{GA} = 333.93$ 。

(3) 进一步分析发现,由于含有疫苗更新的免疫遗传算法的收敛速度会受到初始疫苗库的质量和前期疫苗更新方向的影响,因此提高初始疫苗质量可以有效降低算法收敛速度. 为了提高初始疫苗的质量,在每次迭代运行的过程中,可以根据进化的表现提取出优秀的疫苗,并将其收入疫苗库. 比如在算法更新疫苗库中发现,工件 F 放到最后装配效果较好,因此相应生成了 KP 型疫苗. 图 6 显示了在初始疫苗库中引入 KP 型疫苗后 IGABVAU 收敛情况,其中平均收敛迭代次数  $\bar{T}_{IGABVAU} = 197.27$ . 与没有引入该 KP 疫苗的 IGABVAU 相比,平均迭代次数降低了 5.39 次. 因此构建合理的疫苗库可以使得种群的进化更有方向性,可以实现提高算法运行效率的目的。

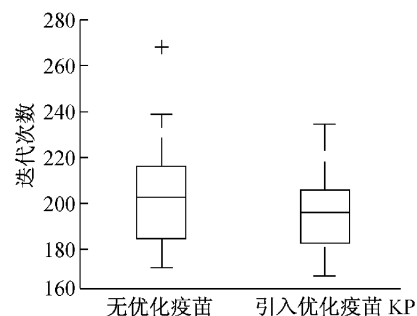


图6 IGABVAU 收敛性分析

Fig.6 Analysis of IGABVAU convergence

## 4 结论

装配顺序规划的主要目的是找到一条最佳的稳定装配顺序. 船舶工段装配案例表明, 利用疫苗自动更新的免疫遗传算法可以快速有效地找出符合要求的装配顺序.

首先, 采用 3D-GCA 方法进行遗传算法编码可以免去分析装配件优先关系的大量工作, 尤其是在处理多工件和组合关系较为复杂, 优先关系不易分析的装配问题. 其次, 采用疫苗自动更新的免疫遗传算法求解出的装配顺序可以提高装配的质量和效率, 并降低成本. 最后, 实验数据表明疫苗自动更新的免疫遗传算法具有较高运行效率, 其收敛速度要优于其他两种算法. 研究发现免疫疫苗的质量会显著影响免疫遗传算法的收敛性. 在装配顺序规划问题中, 免疫疫苗可以有两种获取方式. 通过装配件的 3D-GCA 分析, 可以获取装配问题的基础件的信息和最小约束状态信息. 针对这两个约束, 采用人工指定方式获取 BP 型疫苗和 NL 型疫苗可以有效地提高初始种群质量. 根据抗体在迭代进化过程中表现出的特点, 提取出 KP 型疫苗和 NT 型疫苗. 这两种疫苗可以汲取进化的经验, 为种群的进化提供方向, 从而提高了免疫遗传算法的效率.

### 参考文献:

- [1] Gao L, Zhang C, Li X, et al. Discrete electromagnetism-like mechanism algorithm for assembly sequences planning[J]. International Journal of Production Research, 2014, 52(12): 3485.
- [2] Zhang X F, Yu G, Hu Z Y, et al. Parallel disassembly sequence planning for complex products based on fuzzy-rough sets[J]. The International Journal of Advanced Manufacturing Technology, 2014, 72(1-4): 231.
- [3] Zhang H, Liu H, Li L. Research on a kind of assembly sequence planning based on immune algorithm and particle swarm optimization algorithm[J]. The International Journal of Advanced Manufacturing Technology, 2014, 71(5-8): 795.
- [4] Bonneville F, Henrioud J M, Bourjault A. Generation of assembly sequences with ternary operations [C/OL]//IEEE International Symposium. [S.l.]: IEEE, 1995.
- [5] Marian R M, Luong L, Abhary K. A genetic algorithm for the optimisation of assembly sequences[J]. Computers & Industrial Engineering, 2006, 50(S4): 503.
- [6] Guan Q, Liu J H, Zhong Y F. A concurrent hierarchical evolution approach to assembly process planning [J]. International Journal of Production Research, 2002, 40(14): 3357.
- [7] De Lit P, Latinne P, Rekiek B, et al. Assembly planning with an ordering genetic algorithm[J]. International Journal of Production Research, 2001, 39(16): 3623.
- [8] Su Q. Computer aided geometric feasible assembly sequence planning and optimizing [J]. The International Journal of Advanced Manufacturing Technology, 2007, 33(1-2): 48.
- [9] Su Q, Lai S, Liu J. Geometric computation based assembly sequencing and evaluating in terms of assembly angle, direction, reorientation, and stability [J]. Computer-Aided Design, 2009, 41(7): 479.
- [10] Homem de Mello L S, Sanderson A C. A correct and complete algorithm for the generation of mechanical assembly sequences [J]. Robotics and Automation, IEEE Transactions on, 1991, 7(2): 228.
- [11] Laperrière L, ElMaraghy H A. GAPP: a generative assembly process planner[J]. Journal of Manufacturing Systems, 1996, 15(4): 282.
- [12] Wolter J D. A combinatorial analysis of enumerative planning [J]. IEEE International Conferences, 1991, (4): 611.
- [13] Su Q, Lai S J. 3D geometric constraint analysis and its application on the spatial assembly sequence planning [J]. International Journal of Production Research, 2010, 48(5): 1395.