

DOI:10.16356/j.1005-2615.2019.03.004

基于模因算法的飞机装配序列规划

吴国祥 胡晓宇

(兰州交通大学机电工程学院,兰州,730070)

摘要: 针对飞机制造的装配序列规划问题,提出一种基于模因算法的飞机部件装配序列规划方法。在装配优先约束矩阵和非正交干涉矩阵的基础上构建装配规划模型,以飞机零部件间的装配方向和装配工具的差异性来构建适应度函数。在非干涉解空间中进行全局搜索,获得较优的装配规划方案,通过二叉树中序遍历法将较优的方案转化为可行解,再经过交叉操作和变异操作后,在可行解空间内进行局部搜索,最终获取较优的装配方案。以某型号的飞机舱门装配为例,通过与传统遗传算法对比,证实模因算法在飞机装配序列规划中的可行性和有效性。

关键词: 飞机装配;装配序列规划;模因算法;装配顺序约束

中图分类号: V262.4; TP391

文献标志码: A

文章编号: 1005-2615(2019)03-0288-09

Assembly Sequence Planning for Aircraft Based on Memetic Algorithm

WU Guoxiang, HU Xiaoyu

(School of Mechanical Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou, 730070, China)

Abstract: To deal with assembly sequence planning in airplane manufacturing, a novel assembly sequence planning method based on memetic algorithm is proposed. Assembly planning model is constructed by using the constraint matrix and the non-orthogonal interference matrix, and fitness function is established by the sum of difference of assembly direction and tools between aircraft components. Assembly planning is globally searched in the non-interference solution space, and in-order traversing binary tree sort algorithm is adopted to transform from optimal assembly planning solution to feasible solution. Optimal solution is local searched in the feasible solution space by crossover and mutation operations. Assembly planning process of the aircraft cabin door is illustrated to prove the feasibility of the proposed model, and compared with the genetic algorithm, the proposed algorithm is more effective.

Key words: aircraft assembly; assembly sequence planning; memetic algorithm; assembly sequence constraints

飞机不同于一般简单的机械产品,其零部件复杂且繁多,装配过程的劳动量占据总劳动量的 50% 以上^[1]。而较为合理的装配序列会缩短飞机的生产周期、降低生产费用,并提高飞机的质量和性能。装配序列规划^[2]是一个典型的非确定性多项式(Non-deterministic polynomial, NP)组合优化问题,产品的装配序列数量与产品的零部件数量呈

指数增长关系,零部件越多的产品越容易遇到装配序列组合爆炸问题。而针对装配规划问题,许多研究者提出用现代优化算法来实现对装配序列的优化,比较典型的方法有遗传算法^[3-4]、模拟退火算法^[5]、粒子群算法^[6-7]和蚁群算法^[8-9]等。

在飞机装配序列规划领域,李原等^[10]提出用遗传算法(Genetic algorithm, GA)来实现装配序列的

基金项目: 国家自然科学基金(51375049)资助项目。

收稿日期: 2017-11-17; **修订日期:** 2019-01-11

通信作者: 吴国祥,男,讲师, E-mail: wugx@mail.lzjtu.cn。

引用格式: 吴国祥,胡晓宇. 基于模因算法的飞机装配序列规划[J]. 南京航空航天大学学报, 2019, 51(3): 288-296. WU Guoxiang, HU Xiaoyu. Assembly Sequence Planning for Aircraft Based on Memetic Algorithm[J]. Journal of Nanjing University of Aeronautics & Astronautics, 2019, 51(3): 288-296.

优化,将零部件的装配信息用基因组的方式来表示,通过将基因组进行排序来表示代表装配顺序的染色体。但该方法并没有考虑装配零部件之间的几何干涉问题,对装配序列缺乏相应的约束。孙占磊和 Yang 等^[11-12]提出构建非正交干涉矩阵来解决飞机上复杂零部件的干涉问题,实现装配序列的自动生成,最终使用遗传算法来得出最优序列。但上述方法所使用的是较为单一的遗传算法,需要较高质量的初始种群。如果种群中可行的装配序列比例不大,较易陷入局部搜索;此外,初始种群中不合适的装配序列往往可能引导搜索方向向差的方向进化,最终可能得不到最优装配序列,甚至可能不收敛^[13]。因此,遗传算法需要与其他方法结合使用才能更好地发挥作用^[14]。

模因算法(Memetic algorithm, MA)最大的特点是将全局搜索与局部启发式搜索进行了结合,使得算法在求解组合优化问题上可以避免陷入局部搜索^[15]。此外,该算法拥有较快的搜索效率,且获得的最优解的质量较高^[16]。因此,在前人研究的基础上,本文提出一种基于模因算法的飞机装配序列规划方法,利用模因算法强大的搜索能力对复杂飞机产品的装配序列进行优化。

1 基于矩阵的装配规划模型

在飞机装配序列规划问题中,用于构建装配模型的方法较多,常用的有优先关系约束矩阵、连接矩阵、非正交干涉矩阵和有权向图法等。对于拥有大量曲面特征的飞机零件,本文以装配优先约束矩阵和非正交干涉矩阵为基础,考虑以各零部件的装配方向和所使用的装配工具来构建装配序列规划模型。

1.1 装配优先约束矩阵

待装配的各个零部件之间存在着一些优先关系,可以用装配优先约束矩阵 P 来表示各个零部件间的装配关系的优先顺序。

$$P = \begin{bmatrix} r_{1,1}^z & r_{1,2}^z & \cdots & r_{1,n}^z \\ r_{2,1}^z & r_{2,2}^z & \cdots & r_{2,n}^z \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n,1}^z & r_{n,2}^z & \cdots & r_{n,n}^z \end{bmatrix} \quad (1)$$

假定某装配体有 n 个装配零件,而 r_{ij}^z 则用于代表零件 i 与零件 j 之间的优先顺序关系。当 $r_{ij}^z = 1$ 时,则代表零件 i 要在零件 j 之前完成装配;当 $r_{ij}^z = 0$ 时,则代表零件 i 与零件 j 之间没有优先顺序关系。

1.2 装配方向与装配工具的定义

对于飞机部件这类装配体,由于其具有大量的

大挠度钣金件和大曲率壁板件等不规则的零件,在装配过程中其装配方向不能通过绝对坐标中的正交方向来实现,一般定义其连接特征的切线方向或者法线方向为其装配方向。所以除了飞机的绝对坐标外,应该结合具体的装配需要来选择与装配工艺特征相关的非正交方向来作为装配方向。将装配方向定义为 D ,其描述为

$$D = \{ \pm X_a, \pm Y_a, \pm Z_a, d_k^i, \dots, d_k^j \} \quad (2)$$

式中: $\pm X_a, \pm Y_a, \pm Z_a$ 为绝对坐标系方向; d_k^i, d_k^j 分别为装配序列中第 i 个和第 j 个装配零件根据装配需要所增加的第 k 个装配方向。同理,将装配过程中所需的工具定义为 T ,用集合 $\{T_1, T_2, \dots, T_n\}$ 来表示各个不同的工具。

1.3 装配非正交干涉矩阵

复杂飞机部件的装配过程中需要考虑各零部件之间是否存在互相干涉,同时根据零部件的装配特征增加非正交坐标方向,由此来提高装配可行性分析的正确性。

假定装配方向 $l = +X_a, -X_a, +Y_a, -Y_a, +Z_a, -Z_a, d_1^i, d_2^i, \dots, d_k^i$, 定义非正交干涉矩阵为

$$A_l = [a_{i,j}^l]_{n \times n} \quad (3)$$

式中: n 为零件的个数; $a_{i,j}^l$ 表示装配序列中的第 i 个零件 p_i 沿 l 方向装配时与第 j 个零件 p_j 之间的干涉情况,表达式为

$$a_{i,j}^l = \begin{cases} 0 & p_i \text{ 沿 } l \text{ 方向装配时与 } p_j \text{ 无干涉} \\ 1 & p_i \text{ 沿 } l \text{ 方向装配时与 } p_j \text{ 产生干涉} \end{cases} \quad (4)$$

1.4 装配序列的描述

基于装配零部件的装配方向和装配工具等关键因素,在满足装配优先约束矩阵和装配干涉矩阵的前提下,就可以构建一个装配染色体,即装配序列。将装配序列编码为一个三元组,由零件编号、装配方向以及装配工具组成,如图 1 所示。

零件编号 z_i	z_3	z_2	z_4	z_5	z_1
装配方向 D_i	$+X_a$	d_1^2	$-Y_a$	d_1^5	$+Z_a$
装配工具 T_i	T_1	T_2	T_2	T_3	T_3

图 1 装配序列的描述

Fig.1 Description of assembly sequence

2 基于模因算法的装配序列规划的适应度函数构造

以实现方向改变次数以及工具更换次数最小化为目的,并受装配优先约束矩阵和非正交干涉矩阵的约束的前提下,本文适应度函数将与相邻的各

个装配零件之间的相似性进行关联,使得装配方向以及装配工具相同的装配零件有更大的概率分到一起装配。装配序列规划的适应度函数 F 通过装配序列染色体中相邻装配零件的装配属性相似度之和来表示

$$F = \sum_{i=1}^{n-1} D_{i,i+1}^u \quad (5)$$

式中: i 代表装配零件的编号; n 代表装配零件的总数; $D_{i,i+1}^u$ 代表两个相邻零件的装配相似度,表达式为

$$D_{i,i+1}^u = \frac{p-q}{p} \quad (6)$$

式中: p 表示相邻的两个装配零件之间的所有变量的数量; q 则表示具有相同属性值的变量的数量。 $D_{i,i+1}^u$ 体现了相邻零件的装配相似性,装配相似性越高的零件,分配在一次装配的概率越高。相似性越低,分配到不同装配分组的概率越大。

为了表征上述属性,由此引出基因位之间的适应率概念。将两个装配单元之间的相似度 $D_{i,i+1}^u$, 与该染色体中最大的相似度 $\max(D_{i,j}^u)$ 的比值称为适应率 R_i 。 R_i 的具体计算公式为

$$R_i = \frac{D_{i,i+1}^u}{\max(D_{i,j}^u)} \quad (7)$$

适应率 R_i 将作为局部搜索中染色体交叉块生成的重要依据,当适应率越小时,则代表着装配染色体中各相邻的装配单元之间的特征差异就越大,而交叉操作中交叉块在 i 位置生成的可能性也就越大。

3 基于模因算法的装配序列规划

3.1 基于全局搜索的初始种群选择

根据模因算法的特性,首先应进行全局搜索,即先随机生成所设定种群数的装配染色体后,然后在全局范围内通过交叉操作和变异操作来获取装配染色体的初始种群。

(1) 全局搜索的交叉操作步骤

在全局搜索阶段,交叉操作采用部分匹配的方式,分为如下几步:

① 从随机生成的装配染色体中抽取两条,以此为父代;

② 在两个父代染色体里任意选取 2 个交叉点,由此产生交叉块;

③ 以所生成的交叉块为连接区域来生成两条新的染色体;

④ 将与交叉块重复的非交叉基因位进行更

变,改为另外一条与其对应的父代染色体中的交叉区域的基因位;

⑤ 在经过上述操作重新排列基因位后,获得两条子代装配染色体。

(2) 全局搜索的变异操作步骤

在全局搜索阶段,变异操作采用随机插入的变异方式。从装配染色体中任意选择两个基因位作为变异点,然后在前基因位的后面插入后基因位及其装配信息,插入点后面的基因位往后顺延,重新构成新的染色体。

3.2 基于中序遍历调序算法的装配可行解转化

在经过全局搜索获得初始装配染色体种群后,部分染色体并不符合装配先后顺序的要求,并不具备可行性。二叉树中序遍历算法可以用作对染色体基因位的重新排序,其基本原理是先遍历左子树,然后访问根节点,最后遍历右子树。为了提高算法初始种群的合理性,在装配优先约束矩阵 P 的基础上使用二叉树中序遍历的方法对染色体的基因位进行调序,获得符合工艺约束要求的染色体种群。通过中序遍历算法进行可行解转换过程的具体步骤如下:

(1) 从初始种群中随机抽取一个装配染色体 Z_i 作为调序对象。

(2) 选取对象染色体中第 1 个基因位中的装配单元,将其设定为根节点 z_r 。

(3) 设定开始位置 h ,选取对象染色体中的第 2 个基因位作为起始点。

(4) 将位于 h 位置的基因位作为左子节点 z_l ,并通过装配优先约束矩阵 P 来获知处于节点 z_r 和节点 z_l 的两个装配单元的优先约束关系值 $r_{l,r}^z$ 。

(5) 若 $r_{l,r}^z = 1$,表示 $z_l \rightarrow z_r$ 。此时,若节点 z_r 的左子节点不为空,则将 z_l 设定成新的根节点 z_r ,并重复进行步骤(4)和步骤(5);反之,若节点 z_r 的左子节点为空,则将 z_l 设定成左子节点,并使 $h = h + 1$,重复进行步骤(4)和步骤(5)。

(6) 若 $r_{h,r}^z \neq 1$,表示两节点 z_l 和 z_r 间没有顺序约束。此时,若节点 z_r 的右子节点不为空,则把 z_l 作为新的根节点,重新进行步骤(4)和步骤(5);若节点 z_r 的右子节点为空,则把 z_l 设定成右子节点,并使 $h = h + 1$,重复步骤(4)和步骤(5)。

(7) 装配染色体由各基因位所对应的装配单元组成,染色体的长度应为装配单元的数量 n 。若 $h > n$,则进行步骤(8);反之,则返回步骤(4)继续进行。

(8) 停止执行,获得调序后的装配染色体。

如图2所示是对装配染色体运用中序遍历算法的具体过程。图2(a)是一条从初始种群中随机挑选的装配染色体 Z_1 。通过装配优先约束矩阵 P 获取各装配单元的优先约束关系值: $r_{1,3}^z, r_{1,5}^z, r_{4,6}^z, r_{5,3}^z=1$,调序的具体执行路径如图2(c)所示,经过调序的染色体 Z_2 如图2(b)所示。

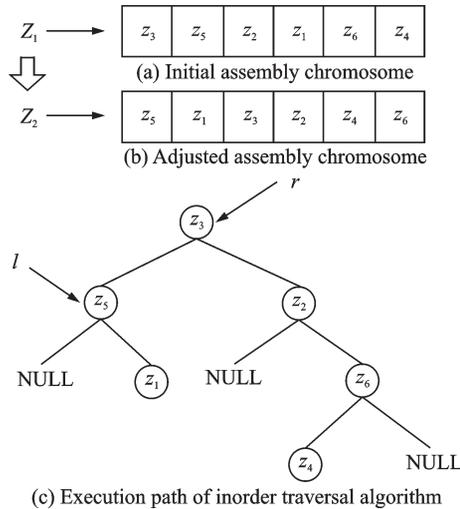


图2 基于中序遍历调序算法的装配可行解转化过程
Fig.2 Transformation process of feasible solution based on inorder traversal algorithm

3.3 基于适应率向导的个体局部搜索

3.3.1 局部搜索的交叉操作

在可行装配染色体种群的基础上,由式(6)和式(7)获取染色体中各相邻单元之间的相似度以及适应率,将适应率较低的相邻单元选为交叉块,利用交叉操作进行基因位的重新排序。局部搜索的交叉操作分为如下两个部分:交叉块的生成以及交叉操作的过程。

(1) 交叉块的生成

设定染色体交叉块的起始位置为 c_s ,交叉块的长度为 c_z ,生成交叉块的具体步骤如下:

- ① 初始化基因位置 h ,令 $h=1$ 。
- ② 将交叉块的长度设定为 e , e 为一个任意生成的正整数,且 $e \leq n$ 。
- ③ 设定交叉块选取的开始位置 $c_s=1$,此时交叉块的长度 $c_z=1$ 。
- ④ 任意生成一个浮点数 p ,其中 $0 < p < 1$ 。
- ⑤ 由式(7)获取处于位置 h 的相邻两基因位之间的适应率 R_h 。
- ⑥ 将适应率 R_h 与浮点数 p 进行对比,若 $R_h \geq p$,则返回步骤④重新执行;若 $R_h < p$,则选定从位置 h 开始生成交叉块,并令 $h=h+1, c_z=c_z+1$,返回至步骤④重复执行。

- ⑦ 检查交叉块的长度,若 $b_z < e$,则返回步骤④继续执行;若 $b_z \geq e$,则进行步骤⑧。

⑧ 终止迭代,获取交叉块,并记录交叉区域的开始位置以及交叉块的长度。

(2) 交叉操作的过程

在符合装配优先约束矩阵和非正交干涉矩阵约束的前提下,进行局部搜索的交叉操作,具体步骤如下:

- ① 从可行的装配染色体中任意选取两条父代染色体 Z_1^f 和 Z_2^f ;
- ② 根据上述交叉块生成的步骤,分别获取两条父代中的交叉块,染色体被划分成3个部分:交叉块、交叉块前段及后段;
- ③ 将父代染色体 Z_1^f 的交叉块进行复制,并将其作为子代染色体 Z_1^c 的交叉区域,如图3(a)所示;
- ④ 参照父代染色体 Z_1^f 基因位的排序,对另一条父代染色体 Z_2^f 的与之对应的基因位进行复制,并将其作为子代染色体 Z_1^c 的前段,如图3(b)所示;
- ⑤ 参照父代染色体 Z_2^f 基因位的排序,将 Z_2^f 剩余的装配单元依次进行复制,令其作为子代染色体 Z_1^c 的后段,如图3(c)所示;

⑥ 同理,选取父代染色体 Z_2^f 的交叉块,重复上述过程即可获得另一个子代染色体 Z_2^c 。

3.3.2 基于非顺序约束的装配单元变异操作

通过以适应率为向导的交叉操作后,提高了装配染色体中各相邻单元的相似性,从而使得种群的整体适应度值有所提升。但交叉操作所生成的子代染色体并没能摆脱其父代染色体中基因位的排列顺序,需要针对不受装配优先约束矩阵顺序约束的装配单元执行变异操作,其具体步骤如下:

- ① 设定变异概率 P_m 。
- ② 任意生成一个浮点数 q_m ,其中 $0 < q_m < 1$ 。
- ③ 将 P_m 与 q_m 进行对比,若 $P_m < q_m$,重新选取装配染色体,并返回执行步骤①;反之,则选用这条染色体开始下一步。
- ④ 任意生成一个正整数 t ,且 $t \leq n$ 。
- ⑤ 令变异的切点位置 $h_{cut}=t$,对应基因位的装配单元为 z_{cut} ;令变异产生的位置 $h_{mut}=h_{cut}+1$,对应基因位的装配单元为 z_{mut} ,如图4(a)所示。
- ⑥ 通过装配优先约束矩阵 P 获取 z_{cut} 与 z_{mut} 之间的约束关系值 $r_{cut,mu}^z$ 。若 $r_{cut,mu}^z=0$,且处于两单元中间的其他装配单元也无顺序约束,则执行下一步骤;若 $r_{cut,mu}^z \neq 0$,则令 $h_{mut}=n+1$,返回进行步骤④;如图4(b)所示,装配单元 z_1 与 z_4, z_5 和 z_7 之间不受装配优先约束矩阵约束,可将 z_1 作为变异

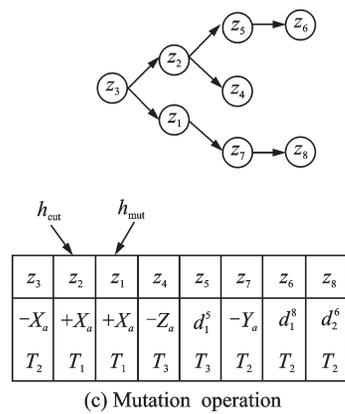
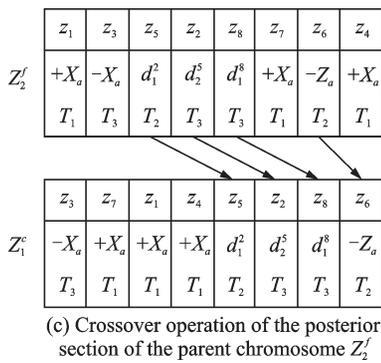
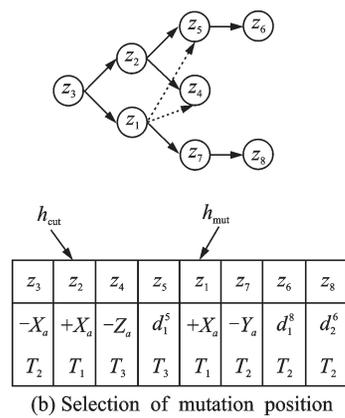
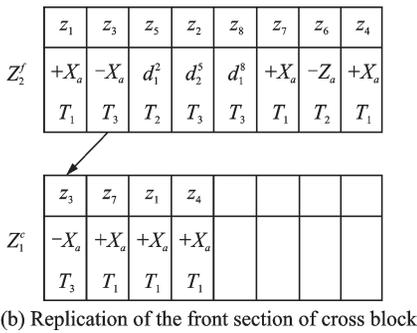
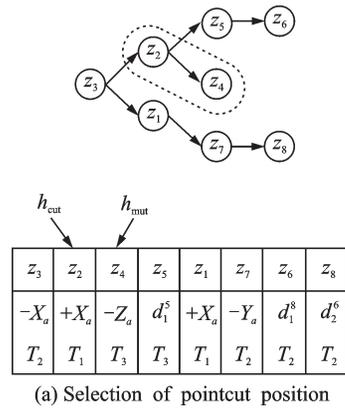
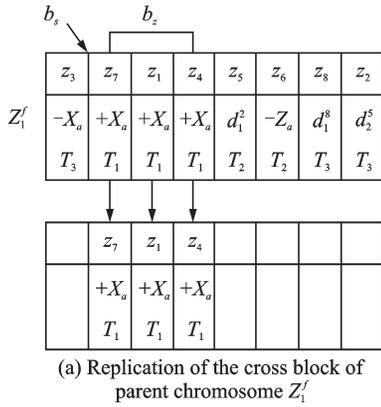


图3 局部搜索中交叉操作的步骤

Fig.3 Steps of crossing operation in local search

位置。

⑦ 令 z_{mut} 放置于 z_{cut} 后面, 之后的装配单元依次顺延, 如图 4(c) 所示。

⑧ 变异操作结束, 获得变异后的装配染色体。

4 实例分析

为了验证本文所提出的方法的可行性, 选取文献[11]中的某型飞机舱门部件作为分析对象, 如图 5 所示。该装配对象由多个零件组成, 将相同装配方向、类型、工具和功能的零件简化为一个装配单元, 本文将该部件划分为 16 个装配单元进行装配规划, 具体如图 6 所示。

将各装配单元的信息整合到一起构成信息集, 如表 1 所示。

各装配单元存在一定的顺序约束, 根据式(8)

图4 非约束装配单元的变异操作步骤

Fig.4 Mutation operation of unconstrained assembly unit

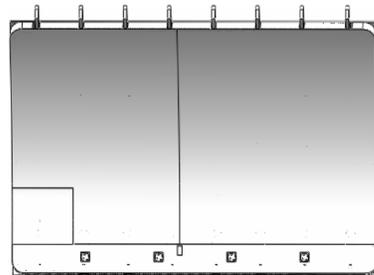


图5 某型号飞机舱门模型

Fig.5 A aircraft cabin door model

所示的装配优先约束矩阵 P 来确定装配单元的约束关系。

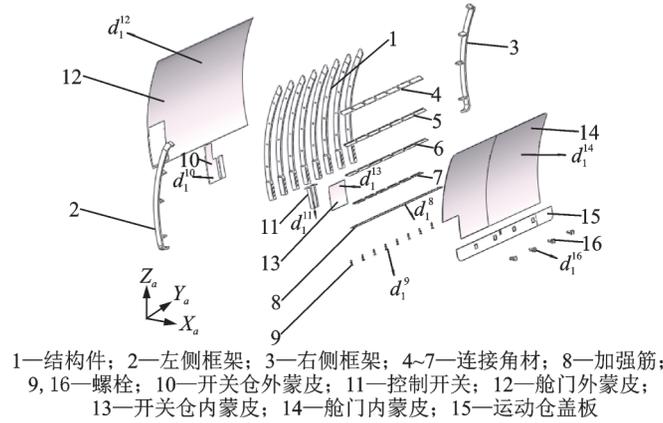


图 6 飞机舱门装配单元及装配方向示意图

Fig.6 Assembly diagram of aircraft cabin door

表 1 装配单元信息集

Tab.1 Assembly feature information set

装配单元编号 Z	装配单元名称	装配工具 T	装配方向 D
1	结构件	T_1	$+X_a$
2	左侧框架	T_1	$+X_a/+Y_a$
3	右侧框架	T_1	$+X_a/-Y_a$
4	连接角材	T_2	$-X_a$
5	连接角材	T_2	$-X_a$
6	连接角材	T_2	$-X_a$
7	连接角材	T_2	$-X_a$
8	加强筋	T_3	$-d_1^8$
9	螺栓	T_4	$-d_1^9$
10	开关仓外蒙皮	T_5/T_6	$-d_1^{10}$
11	控制开关	T_5/T_6	$-d_1^{11}$
12	舱门外蒙皮	T_6/T_8	$-d_1^{12}$
13	开关仓内蒙皮	T_7/T_8	$-d_1^{13}$
14	舱门内蒙皮	T_7/T_{11}	$-d_1^{14}$
15	运动仓盖板	T_7/T_9	$-X_a$
16	螺栓	T_9/T_{10}	$-d_1^{16}$

$$P = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & -1 & 0 & -1 & 0 \end{bmatrix} \quad (8)$$

对模因算法的各类参数进行设定:初始种群数 $m=250$, 迭代次数 $N=100$, 全局搜索与局部搜索的交叉率均为 0.50, 全局搜索的变异率为 0.20, 局部搜索的变异率为 0.08。最佳装配序列的具体获取过程, 如表 2 的伪代码所示。

在装配方案解空间中进行全局和局部搜索,

随着迭代次数的增加, 种群的个体经过交叉与变异操作以后, 染色体的顺序趋于一致, 适应度值也达到最大值。根据式(5)将装配序列中各个装配单元间的相似度进行累加, 可以得到最优装配序列的适应度函数值 $F=7.0$, 计算过程如图 7 所示。

表 2 模因算法实现装配序列规划的伪代码
Tab.2 Pseudo code for memetic algorithm

序号	步骤
1	随机初始化一个具有 m 个装配染色体的种群 $Q=\{Z_1, Z_2, \dots, Z_m\}$
2	为每条装配染色体 Z_i 中的装配单元 $z_j (j=1:n, n$ 为装配单元数量) 随机选取装配单元信息集里的变量
3	根据式(5)和式(6)计算每条染色体的适应度 $F_i (i=1, 2, \dots, m)$, 将其代入与种群 Q 相对应的适应度解集 $F=\{f_1, f_2, \dots, f_m\}$
4	while ($N < \text{MaxGeneration}$) do
5	for $i=1:m //m$ 个装配染色体
	for $j=1:m$ do
	$i \neq j$
	从种群 Q 中随机挑选两个装配染色体 Z_i 和 Z_j 作为父代进行交叉和变异操作, 生成两个子代染色体 Z'_i, Z'_j
	将子代染色体代入一个等规模的新的种群 Q' , 并更新适应度解集 F'
	end for i
	end for j
6	基于装配约束矩阵 P 和非正交干涉矩阵 A_i , 运用 3.2 节所提出的中序遍历算法对种群 Q' 中的装配染色体进行重新排序, 获得可行的装配染色体集合 Q'' 和对应的适应度解集 F''
7	for $i=1:m //m$ 个装配染色体
	for $j=1:m$ do
	$i \neq j$
	从装配染色体集合 Q'' 中随机选择两个装配染色体 Z''_i 和 Z''_j , 作为父代染色体
	根据式(7)计算装配染色体各个单元间的适应率, 寻找合适的交叉块
	根据 3.3.1 节和 3.3.2 节的方法进行交叉和变异操作, 获得更新后的染色体 Z'''_i 和 Z'''_j
	将更新后的染色体代入装配染色体集合 Q'''
	根据式(5)和式(6)计算集合 Q''' 对应的适应度解集 F'''
	end for i
	end for j
8	$k=N$
	获得本次迭代的最大适应度 $F_k = \max \{f_1^k, f_2^k, \dots, f_m^k\}$ $F_k = \max \{f_1^k, f_2^k, \dots, f_m^k\}$
	获得本次迭代的最大适应度对应的装配染色体 Z_k
9	end while do
10	后期结果处理, 并进行可视化

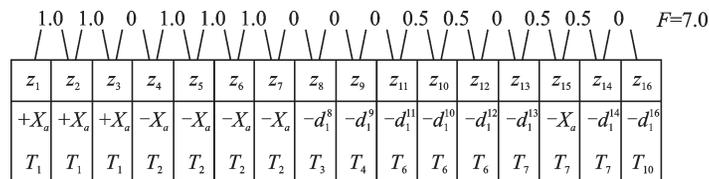


图 7 最优装配序列适应度值的计算过程

Fig.7 Calculation process of fitness value of optimal assembly sequence

如图 8 所示, 实线部分为模因算法的适应度值曲线, 虚线部分则由遗传算法形成。可以看出, 相较于遗传算法, 模因算法在迭代初期的适应度值变化平缓, 但其最终的收敛速度比较快, 所需的迭代

次数更少。

飞机装配中并行执行的装配任务越多, 则装配效率越高, 将不同属性的装配零件进行装配分组, 则可提高装配效率。如图 9 所示, 分别为采用

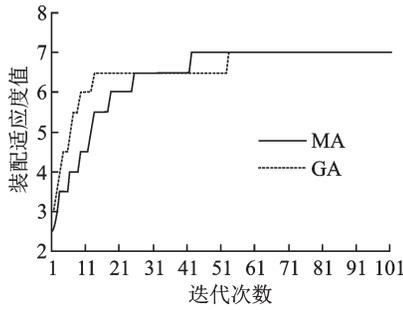


图 8 模因算法和遗传算法适应度比较

Fig.8 Comparison between memetic algorithm and genetic algorithm for fitness

遗传算法和模因算法所获得装配分组过程的迭代曲线。模因算法所需的装配方向和工具改变的次数较少,装配的并行性较好,且迭代速度快于遗传算法。

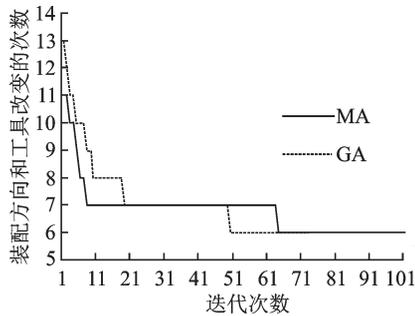


图 9 模因算法和遗传算法装配分组过程

Fig.9 Assembly grouping process of memetic algorithm and genetic algorithm

通过模因算法筛选出的最优装配染色体进行解码,最终获得的最优装配规划方案如表 3 所示。采用模因算法优化后的装配序列来进行装配规划,仅需要进行 10 次重新定向,方向的一致性较好;装配工具也仅需改变 8 次,工具的聚合性也较好,与工厂现有装配方法相比有很大的提高。

表 3 装配规划的优化方案

Tab.3 Optimization scheme of assembly planning

Z	1	2	3	4	5	6	7	8
D	$+X_a$	$+X_a$	$+X_a$	$-X_a$	$-X_a$	$-X_a$	$-X_a$	$-d_1^8$
T	T_1	T_1	T_1	T_2	T_2	T_2	T_2	T_3
Z	9	11	10	12	13	15	14	16
D	$-d_1^9$	$-d_1^{11}$	$-d_1^{10}$	$-d_1^{12}$	$-d_1^{13}$	$-X_a$	$-d_1^{14}$	$-d_1^{16}$
T	T_4	T_6	T_6	T_6	T_7	T_7	T_7	T_{10}

5 结 论

(1)针对飞机等复杂部件装配序列规划的问题,分析影响装配规划的重要因素,然后构建装配部件的装配规划模型。确定装配规划中的最小可分装配单元,及其属性与表示方法。

(2)针对飞机装配中存在着大量的大挠度钣金件和大曲率壁板件,引入与装配工艺特征相关的非正交方向,构建了非正交干涉矩阵。在非正交干涉矩阵和装配约束矩阵的基础上,获得可行的装配序列集合,能保证装配的可行性。

(3)通过在全局范围的交叉变异操作可以提高初始种群的质量;在可行域内进行基于适应率的交叉操作,能够极大地提高模因算法的搜索效率。通过非约束的装配单元之间的变异,即可以满足顺序约束,又起到变异的作用。通过模因算法在飞机装配规划中的应用,既实现了制造资源的合理配置,又能获得优化的装配方案。

参考文献:

[1] 卢鹤,黄翔,堵鹏,等.基于加权有向图的飞机装配顺序规划[J].南京航空航天大学学报,2012,44(S):1-5.
 LU Hu, HUANG Xiang, DU Peng, et al. Aircraft assembly sequence planning based on weighted directed graph[J]. Journal of Nanjing University of Aeronautics & Astronautics, 2012, 44(S): 1-5.

[2] WANG Y, LIU J H, LI L S. Assembly sequences merging based on assembly unit partitioning[J]. International Journal of Advanced Manufacturing Technology, 2009, 45(7/8): 808-820.

[3] LAZZERINI B, MARCELLONI F. A genetic algorithm for generating optimal assembly plans[J]. Artificial Intelligence in Engineering, 2000, 14(4): 319-329.

[4] 刘亚杰,古天龙,徐周波,等.基于改进遗传编程的并行装配序列规划[J].计算机集成制造系统,2013,19(6):1238-1248.
 LIU Yajie, GU Tianlong, XU Zhoubo, et al. Parallel assembly sequence planning based on improved genetic programming[J]. Computer Integrated Manufacturing Systems, 2013, 19(6): 1238-1248.

[5] 周开俊,李东波.基于遗传模拟退火算法的产品装配序列规划方法[J].计算机集成制造系统,2006,12(7):1037-1041.
 ZHOU Kaijun, LI Dongbo. Product assembly sequences planning based on genetic simulated annealing algorithm [J]. Computer Integrated Manufacturing Systems, 2006, 12(7): 1037-1041.

[6] XING Y F, WANG Y S. Assembly sequence planning based on a hybrid particle swarm optimisation and genetic algorithm[J]. International Journal of Production Research, 2012, 50(24): 7303-7312.

[7] 于宏,王成恩,于嘉鹏,等.基于粒子群算法的复杂产品装配序列规划[J].东北大学学报(自然科学版),2010,31(2):261-264.
 YU Hong, WANG Chengen, YU Jiapeng, et al. As-

- sembly sequence planning based on particle swarm optimization algorithm for complex product [J]. Journal of Northeastern University (Natural Science), 2010, 31(2): 261-264.
- [8] WANG Y, LIU J H. Chaotic particle swarm optimization for assembly sequence planning [J]. Robotics & Computer Integrated Manufacturing, 2010, 26 (2) : 212-222.
- [9] 邓明星, 唐秋华, 雷喆. 基于蚁群算法的改进装配序列规划方法[J]. 武汉大学学报(工学版), 2013, 46 (2): 246-251.
DENG Mingxing, TANG Qiuhua, LEI Zhe. A novel approach for assembly sequence planning based on ant colony algorithm [J]. Engineering Journal of Wuhan University, 2013, 46(2): 246-251.
- [10] 李原, 张开富, 王挺, 等. 基于遗传算法的飞机装配序列规划优化方法[J]. 计算机集成制造系统, 2006, 12(2): 188-191.
LI Yuan, ZHANG Kaifu, WANG Ting, et al. Assembly sequence planning optimization for aircraft assembly based on GA [J]. Computer Integrated Manufacturing Systems, 2006, 12(2): 188-191.
- [11] 孙占磊, 赵罡, 韩鹏飞, 等. 基于非正交干涉矩阵的飞机装配序列规划方法[J]. 北京航空航天大学学报, 2013, 39(5): 615-620.
SUN Zhanlei, ZHAO Gang, HAN Pengfei, et al. Assembly sequence planning for aircraft based on non-orthogonal interference matrix [J]. Journal of Beijing University of Aeronautics & Astronautics, 2013, 39(5): 615-620.
- [12] YANG L Y, ZHAO G, WU B B, et al. Assembly sequence planning for aircraft component based on improved clashes matrix [J]. Applied Mechanics & Materials, 2011, 88/89: 22-28.
- [13] YU J P, WANG C E. Assembly sequence planning based on max-min ant colony system [J]. Journal of Mechanical Engineering, 2012, 284 / 285 / 286 / 287: 2220-2227.
- [14] WANG D, SHAO X, LIU S. Assembly sequence planning for reflector panels based on genetic algorithm and ant Colony optimization [J]. International Journal of Advanced Manufacturing Technology, 2017, 91(1/2/3/4): 987-997.
- [15] DEVI S, JADHAV D G, PATTNAIK S S. Memetic algorithm and its application to function optimization and noise removal [C] // IEEE World Congress on Information and Communication Technologies. Mumbai, India: IEEE, 2011: 748-753.
- [16] 高博, 阎艳, 张发平, 等. 基于文化基因算法的装夹规划方法[J]. 机械工程学报, 2015, 51(3): 162-169.
GAO Bo, YAN Yan, ZHANG Faping, et al. Setup planning method based on memetic algorithm [J]. Journal of Mechanical Engineering, 2015, 51 (3) : 162-169.

(编辑: 胥橙庭)