

评定圆度误差的模拟退火自适应变异遗传算法

朱庆保

(南京师范大学 数学与计算机科学学院, 江苏 南京 210097)

[摘要] 圆度误差是几何精度的重要指标, 已有的评定方法存在一定的局限性, 为此, 提出了一种快速地、准确评定圆度误差的新方法. 该方法采用一种新颖的改进遗传算法, 通过遗传种群的遗传过程实现对参考圆圆心的快速搜索, 为了保证收敛性并加快收敛速度, 采用了模拟退火和自适应变异策略, 为了提高算法精度和收敛速度, 采用了实数染色体基因编码, 并采用自适应线性变异和线性交叉. 仿真实验和实用证明, 该方法算法简单、可快速准确的评定出圆度误差.

[关键词] 圆度误差, 遗传算法, 模拟退火, 自适应变异

[中图分类号] TP274.2 [文献标识码] A [文章编号] 1672-1292-(2005)01-0001-04

Adaptive Mutation Genetic Algorithms Based on Simulated Annealing for Evaluating Roundness Error

ZHU Qingbao

(School of Mathematics and Computer Science, Nanjing Normal University, Jiangsu Nanjing 210097, China)

**Abstract** Roundness error is an important index of the geometric precision. The method of evaluating the roundness error has some defectiveness. Therefore, this paper proposes a new method of evaluating roundness error quickly and accurately, which adopts a novel improved genetic algorithm to realize the quick search of the center of the reference circle by genetic process. In order to ensure convergence and quicken converging speed, a policy of adaptive mutation and simulated annealing is adopted. Meanwhile, not only Real number chromosome gene coding but adaptive linear mutation and linear crossover are adopted to improve precision of algorithms and converging speed. The results of simulation experiments and applications demonstrate that the roundness error can be quickly evaluated with precision by using the proposed algorithm.

**Key words** roundness error; genetic algorithms; simulated annealing; adaptive mutation

0 引言

圆度误差对精密机械或机器的性能有重要影响, 它是零件几何精度的重要指标. 因此, 比较准确地测量和评定圆度误差值对保证和提高机械产品的质量十分重要.

按照有关标准的规定, 圆度误差是指被测实际圆相对于理想圆的变动量. 按照理想圆相对被测实际圆的摆放位置不同, 有 4 种不同的评定方法: 最小区域圆法、最小外接圆法、最大内切圆法和最小二乘圆法. 其中, 只有最小二乘圆法方法有计算公式可依, 其余几种方法通常用各种优化或逼近方法, 诸如: 单纯形法、图解法、谐波分析法等等, 存在

算法较复杂、评定准确度不高、速度慢等问题. 为此, 作者研究了一种评定圆度误差的模拟退火自适应变异遗传算法, 该算法以参考圆的圆心坐标作为染色体个体, 以最小二乘圆心的邻域作为可行解的候选解域, 通过对该区域内染色体个体进行选择、交叉和模拟退火自适应变异等遗传过程, 即可收敛于优化解——理想参考圆的圆心. 由于这一可行解区域较小, 加上遗传种群的并行搜索及采用模拟退火自适应变异及精英保留策略等, 可迅速收敛到最优解, 仿真实验和试用结果均证明了这一结论.

用传统的遗传算法搜索理想圆的圆心时, 搜索速度很慢, 且极易出现早熟或陷入局部最优, 特别是当局部优秀个体被大量复制时, 群体中的个体趋

于一致,交叉已不能产生新的个体,变异成为提高搜索多样性的唯一手段.然而,传统的小变异率无疑杯水车薪,很难跳出局部最优或克服早熟.若采用大的变异率,又会破坏优秀模式,导致很难收敛.基于这样的现状,采用了自适应模拟退火变异及精英保留策略.该策略一方面在遗传初始阶段采用较大的变异率(相对常规的遗传算法提高一到两个数量级),该变异率随着退火温度的降低而不断减小,到了遗传后期,算法已收敛到较优解,这时的变异率已较小,可有效防止变异运算把好的模式破坏掉.同时,为了防止变异或交叉把已找到的优秀解破坏掉,在复制环节中,采用大比例地复制优秀个体,即用大比例复制上一代优秀个体的方法来平衡大的变异率.很显然,与传统精英保留策略不同的是,本方法不是仅保留一两个精英,而是采用了大比例精英复制;另一方面,对个体的基因变异采用自适应方法,对适应度高的个体基因,在基因座附近的小范围内变异,适应度低的个体的基因变异范围则较大.这样,不仅保护了好的模式不被破坏,且加强了较优解附近的局部搜索能力.

此外,为了满足高精度计算的要求,提高收敛速度,染色体采用了实数编码,并采用了满足约束的线性交叉和线性变异.

采用上述策略后,在算法初期,采用大的变异率,以提高搜索多样性,并大比例保护搜索到的优秀个体.经若干代之后,当前最优解和全局最优解已经很接近了,小的变异率和小变异范围不仅保护了已找到的较优解,且更有利于寻找全局最优解的局部搜索.这样,经过若干代的变异之后,若更优良个体未出现,则最后收敛到的最优解必然是由前几代复制来的最优解.

# 1 评定圆度误差的模拟退火自适应变异遗传算法

## 1.1 问题描述与定义

为描述方便,先对问题和有关概念给出如下约定和定义:

记  $AS$  为二维平面上的凸多边形有限区域,其内部分布着圆形工件轮廓的  $n$  个被测点数据,令  $P = \{p_1, p_2, \dots, p_n\}$  为  $n$  个被测点数据的集合,  $I = \{1, 2, \dots, n\}$  为被测点数据的下标集或序号集.在  $AS$  中以圆度仪(或其它仪器)旋转中心为零点建立直角坐标系  $\sum_0$ , 则  $p_i \in P, i \in I$  在  $\sum_0$  都有确定的坐标  $(x_i, y_i)$ , 记作  $p_i(x_i, y_i)$ ,  $p_i$  的  $x$  坐标值

简记作  $x_i$ ,  $y$  坐标值简记作  $y_i$ .

定义 1 在直角坐标系  $\sum_0$  中,  $O(a, b)$  为圆形工件轮廓的理想参考圆的圆心坐标,  $d(p_i, O)$  为任意轮廓点  $p_i(x_i, y_i)$  到该中心的距离,  $p_i \in P, i \in I$ , 简记作  $d_i$ ,  $d_i$  由 (1) 式计算.

$$d_i = \sqrt{(x_i - a)^2 + (y_i - b)^2}$$

(1)

定义 2 在直角坐标系  $\sum_0$  中,  $C(c, d)$  是用最小二乘公式算出的圆形工件轮廓的最小二乘圆心坐标,由于任意圆度评定方法的理想参考圆心必定在以  $C(c, d)$  为圆心,  $R$  为半径的区域内 ( $R < d_i, i \in I$ , 实用中,  $R$  取保守估计值), 因此, 记实数  $A_i = (a_i, b_i)$  为染色体个体 ( $i \in N, N$  为种群规模),  $a_i, b_i$  称为基因. 个体的全体记作  $S = (a_i, b_i)^T$ , 称为个体空间. 很显然, 根据定义 2, 其链长  $l = 2$ .

考虑可行解理想参考圆的圆心坐标必定在二乘圆的圆心坐标附近, 所以染色体基因编码过程必须满足约束条件:  $d_{oc} \leq R$ , 即:

$$d_{oc} = \sqrt{(a_i - c)^2 + (b_i - d)^2} \leq R$$

(2)

为了简便和提高运算速度(不必每次都利用 (2) 式计算约束条件), 可取保守值, 即令

$$|a_i| \leq R, |b_i| \leq R$$

(3)

这样, 只要用 (3) 式简单的判定是否满足约束即可.

定义 3  $N$  个由定义 2 定义的个体组成的集合称为种群(个体允许重复),  $N$  称为种群规模. 一个  $A$  种群的示例如下(其中的个体可以重复):

$$A = \begin{bmatrix} a_1, & b_1 \\ a_2, & b_2 \\ \vdots & \vdots \\ a_N, & b_N \end{bmatrix}$$

根据定义 2, 它可表示为  $A = (A_1, A_2, \dots, A_N)^T$

定义 4 适应值函数是个体空间  $S$  到实数空间的影射, 即  $f: S \rightarrow \mathbf{R}^+$ , 适应值函数如 (4) 式所示:

$$f = kN - (R_1 - R_2)$$

(4)

式中,  $N$  为种群规模,  $k > 0$  为常数, 以保证  $f > 0$ . 对于最小区域圆评定法,  $R_1, R_2$  分别为最小外接圆和最大内切圆两同心圆的半径. 对于最小外接圆评定法,  $R_1$  为最小外接圆半径,  $R_2 = \min d_i$ , 根据定义 1 由 (1) 式计算. 对于最大内切圆法评定法,  $R_2$  为最大内切圆半径,  $R_1 = \max d_i$ , 也根据定义由 (1) 式确定. 很显然,  $f$  是圆心坐标  $(a, b)$  的函数.

((1) 式中,  $x_i, y_i$  是已测得的轮廓数据坐标, 可视为已知数据)。

## 1.2 算法步骤

根据以上约定和定义, 算法描述如下:

Step1 初始化: 按定义 2 和 3 随机生成种群规模为  $N$  的初始种群  $A$  (对每个个体都要用 (3) 式检查约束, 若产生的个体不满足该式则丢弃重新产生), 设置遗传代数计数器  $t$ , 最大遗传代数  $MAXT$ , 并设置初始温度参数  $T_0$ 。一开始  $T_0$  是一个较高的初始温度值。

Step2 根据定义 1 和 4, 用 (1) 式计算各个体对应的  $R_1, R_2$ , 用 (4) 式计算适应值  $f_i$ 。

Step3 将  $N$  个个体根据适应度值大小进行降序排列, 得到:  $F = \{f_1, f_2, \dots, f_N\}$ , 其中  $f_i$  等价于  $f_i(A_i)$ , 且有  $f_1 > f_2 > \dots > f_N$ 。

Step4 大比例复制加随机选择。根据  $F$ , 选择适应度位于前  $m$  位的个体复制到下一代, 其余的  $N - m$  个个体通过随机选择算子产生。选择算子是在种群  $A$  中选择一个个体, 它是随机映射:  $T_s: S^N \rightarrow S$ , 按照概率规则有:

$$P\{T_s(A) = A_i\} = f(A_i) / \sum_{k=1}^N f(A_k) \quad (5)$$

对于种群  $A = (A_1, A_2, \dots, A_N)^T$  根据 (5) 式构成概率分布向量

$$\begin{bmatrix} A_1 & A_2 & \dots & A_N \\ P\{A_1\} & P\{A_2\} & \dots & P\{A_N\} \end{bmatrix} \quad (6)$$

根据 (6) 式可按赌轮盘规则选择出下一代  $N - m$  个个体。

Step5 退火交叉率有约束线性交叉。

因为采用实数编码, 因而采用的交叉策略为线性交叉, 其方法为: 以概率  $p_c$  随机选择一对个体  $(A_i, A_j)$ ,  $A_i, A_j \in A$ , 设  $A_i = (a_i, b_i)$ ,  $A_j = (a_j, b_j)$ , 经线性交叉产生一对新个体  $A'_i = (a'_i, b'_i)$  和  $A'_j = (a'_j, b'_j)$ , 其中,  $(a'_i, b'_i)$  和  $(a'_j, b'_j)$  由 (7) 式计算:

$$\begin{aligned} a'_i &= \rho a_i + (1 - \rho) a_j \\ b'_i &= \rho b_i + (1 - \rho) b_j \\ a'_j &= \rho a_j + (1 - \rho) a_i \\ b'_j &= \rho b_j + (1 - \rho) b_i \end{aligned} \quad (7)$$

式中,  $\rho$  是随机产生的系数,  $0 < \rho < 1$ 。

$a_i, b_i$  是平面  $AS$  中的一点, 用 (7) 式交叉后得到该平面中的另外一点, 因此, 该交叉算法的最大特点是自动满足约束, 即: 若  $(a_i, b_i)$  满足约束, 新产生的  $(a'_i, b'_i)$  必定也满足约束。这样, 只需在产

生初始种群时用 (3) 式检查约束即可。

随着遗传过程的进行, 其解值逐渐逼近最优解, 太大的交叉率在遗传后期有可能破坏优化解, 交叉率太小在前期又会影响搜索多样性, 为此采用引入退火温度的交叉率, 即用 (8) 式确定个体交叉率  $p_c$ 。

$$p_c = 0.5 - \beta N / T(t) \quad (8)$$

式中,  $\beta$  为比例系数,  $0 < \beta < 1$ ;  $T(t)$  为温度参数,  $T(t)$  随着遗传过程的进行不断降低。由于初始时,  $T(t) = T_0$  为一较高的温度值,  $p_c$  接近 0.5。随着遗传过程的进行,  $T(t)$  不断降低,  $p_c$  逐渐减小。

Step6 模拟退火自适应性变异。

变异是个体空间到个体空间的映射  $T_m: S \rightarrow S$ , 通常独立的以概率  $p_m$  改变个体分量的取值, 传统方法一般认定的  $p_m$  的取值范围为 0.001 ~ 0.01。如此小的变异概率产生很少的新个体, 为了克服早熟和增加搜索多样性, 采用模拟退火自适应性变异算法, 采用模拟退火技术的基本思想是: 在早期遗传阶段, 采用较大的变异率, 并以一定的概率接受变异后的非优秀解。随着遗传的进行, 退火温度逐渐降低, 变异率随之降低, 以使后期好的模式不被变异所破坏。自适应的基本思想是: 适应度大的个体在较小范围内变异, 适应度小的个体在较大范围内变异。算法步骤如下:

步骤 1 令:

$$p_m = T(t) / D, \quad p_s = D + (f(A_i) - f(A_i)) / f(A_i), \quad D, D_1 \text{ 为常数, 且满足 } p_m = T_0 / D_1 = 1/2, \quad D = (f_{\max} - f(A_i)) / f(A_i) + q \quad (9)$$

式中,  $p_m$  为个体  $A$  的变异率,  $p_s$  是变异系数,  $f(A_i)$  是本代的平均适应度,  $f_{\max}$  是本代的最大适应度,  $q$  是  $< 1$  的很小的常数。很显然, 每个个体的变异率  $p_m$  随着温度  $T(t)$  的降低 (代数增加) 而不断减小。在初期设定  $p_m = 1/2$  是基于两方面的考虑: 其一, 变异后的非优秀解仅以一定的概率被接受, 因此, 有些个体需要发生二次变异; 其二, 因变异率不断减小, 在初期的若干代中, 个体应保持较大的变异率。

这一策略保证了在初期有很大的变异率, 后期变异率较小。

步骤 2 在  $A$  中以变异率  $p_m$  随机取一个体  $A_i = (a_i, b_i)$ , 随机产生一个变异基因位置  $k$ ,  $k = 0, 1$ ; 若  $k = 0$  变异基因为  $a_i$ ,  $k = 1$  则为  $b_i$ 。若产生的变异基因为  $a_i$ , 则保持  $b_i$  不变,  $a'_i = a_i + p_s \times (R - |a_i|) \times \delta$ 。若  $a'_i > R$ , 则令  $a'_i = R$ 。其中,  $\delta$  随机产生,  $-1 \leq \delta \leq 1$ 。变异后,  $A'_i = (a'_i, b_i)$ 。由于

$(R - |a_i|) \times \delta \in [-R, R]$ , 根据 (9) 式,  $p_s$  根据个体适应度变化, 个体适应度越小,  $p_s$  越小, 反之  $p_s$  则大, 个体适应度为最大值时,  $p_s = 0$  该策略保证了对最大适应度的个体变异率很小 (此时的变异率为  $q, q \ll 1$ ), 个体的适应度越大, 变异范围越小, 反之则大, 加强了较优解附近的局部搜索.

步骤 3 计算  $f(A'_i)$ , 令  $\Delta f = f(A'_i) - f(A_i)$ , 若有  $\Delta f > 0$   $A'_i$  将作为新个体被接受, 否则要根据概率  $e^{-\Delta f / kT}$  来判断  $A'_i$  是否被接受, 使  $A'_i$  被接受的概率服从 Boltzmann 分布:  $F = e^{-\Delta f / kT(t)} / \sum e^{-\Delta f / kT_0}$ ,  $k$  为 Boltzmann 常数,  $F$  为概率分布.

Step7  $T(t+1) = \lambda T(t), \lambda \in [0.2, 0.9]$  为常系数, 若有  $T(t) \leq T_k$  则令  $T(t) = T_k$ ,  $T_k$  为一阈值温度. 其中,  $t = 0$  时,  $T(t) = T_0$ .

Step8 用 (4) 式计算各个体的适应值  $f(A_i)$ ,  $A_i \in A$ , 并将  $N$  个个体根据适应度值大小进行降序排列, 得到:  $F = \{f_1, f_2, \dots, f_N\}$ , 其中  $f_i$  等价于  $f_i(A_i)$ , 且有  $f_1 > f_2 > \dots > f_N$ .

Step9  $t = t + 1$ ; 若  $t < \text{MAXT}$ , 转 Step4 否则结束并输出结果, 最大适应度值  $f_1$  所对应的圆心坐

标  $(a, b)$  即为最优解的理想参考圆的圆心, (4) 式中的  $R_1 - R_2$  即为圆度误差值.

以上仅描述了作者研究的评定圆度误差的遗传算法, 对所涉及的传统数学模型都作了省略.

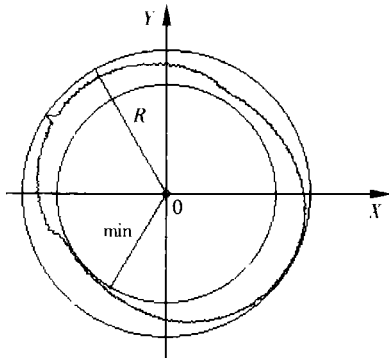
1.4 算法的收敛性

只要应用精英保留策略, 算法一定能收敛于最优解<sup>[1]</sup>, 因此, 本文算法也一定能收敛到最优解.

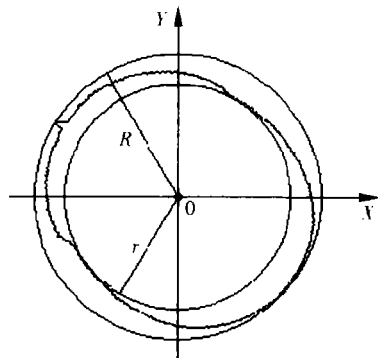
2 仿真实验与实用结果

为了验证、比较算法的效果, 作者仿真实验了若干数据, 都取得了很好的效果. 为了验证实际应用的效果, 作者在有关企业的配合下, 在企业的圆度仪上设计了计算机接口, 对实际已知圆度误差的工件用本算法进行评定, 结果基本一致, 特别是对椭圆形工件, 本算法也得到非常好的评定结果. 实验和试用均表明, 本算法速度快, 结果较准确, 可适于较复杂 (不太圆, 例如椭圆较严重) 的工件形状.

图 1~图 2 示出了用本算法对椭圆形的工件进行圆度评定的评定图 (缩小的拷屏图) 和评定结果.



实测圆度误差 9.22 μm  
图 1 最小外接圆法



实测圆度误差 8.10 μm  
图 2 最小区域圆法

3 结语

本文用一种新颖的模拟退火自适应变异遗传算法评定圆度误差, 取得了非常好的效果. 本算法首先确定以最小二乘圆心的邻域作为可行解的候选解域, 以理想圆的圆心坐标编码为染色体个体, 为了满足高精度计算的要求, 提高收敛速度, 染色体基因采用了实数编码, 并采用了满足约束的线性交叉和线性变异. 为克服早熟或陷于局部最优并加速收敛, 在遗传初期采用较大的交叉率和变异率, 随着退火温度的降低 (遗传代数的增加), 交叉率和变异率不断降低, 并用退火算法以一定概率接受新产生的非优秀解. 为了克服初期大交叉率和大变

异率对好的模式的破坏, 采用了大比例精英保留策略, 同时采用基因自适应变异: 其基因变异范围随个体的适应度大小自适应调整, 优秀个体的变异范围较小, 非优秀个体变异范围较大, 从而加快了局部搜索的速度. 通过以上措施, 使算法能较迅速的收敛到最优解. 实验和试用结果均表明: 本算法速度快, 评定较准确, 效果较好, 有较好的实用价值.

[参考文献]

[1] 周明, 孙树栋. 遗传算法原理及应用 [M]. 北京: 国防工业出版社, 1999. 116~119.

[责任编辑: 刘健]