

基于免疫遗传和蚁群融合算法的散乱点云曲面拟合

付 玮 吴禄慎 陈华伟
(南昌大学机电工程学院, 南昌 330031)

摘要: 对复杂型面物体的曲面拟合方法进行了研究,通过点云数据参数化、基于免疫遗传算法(IGA)的自适应节点计算、反求曲线控制顶点、点云数据分割以及曲面拼接 5 个步骤来进行曲面拟合。提出了一种基于免疫遗传和蚁群的融合算法,将其应用于曲面拟合中,利用免疫遗传算法的全局搜索能力,来提高蚁群的收敛速度。该算法通过免疫遗传算法的选择、交叉、变异操作、疫苗接种和疫苗选择,并将免疫遗传算法引入到蚁群系统的迭代中,有效地解决了蚁群系统易陷入局部最优和易退化的缺点。采用 fender、fandisk、bunny、cow 4 个实例,对其 3D 散乱点云分别采用融合算法、遗传算法(GA)和免疫遗传算法进行曲面拟合,实验表明该融合算法具有很好的收敛速度和全局最优解的搜索能力,通过该算法所拟合的曲面拟合精度较高,相比 GA 和 IGA 算法,其拟合精度分别提高 18% 和 11% 以上,可以满足复杂型面物体的曲面拟合要求。

关键词: 曲面拟合; 散乱点云; 免疫遗传算法; 蚁群算法

中图分类号: TP391.4 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-1298(2016)12-0424-07

Scattered Point Clouds Surface Fitting Based on Immune Genetic and Ant Colony Algorithm

Fu Wei Wu Lushen Chen Huawei
(School of Mechanical and Electrical Engineering, Nanchang University, Nanchang 330031, China)

Abstract: The surface fitting method of complex surface object was researched, which included the processes of parameterization of point cloud data, immune genetic algorithm (IGA) based adaptive node calculation, reversing of curve control points, segmentation of point cloud and surface stitching constitute surface fitting. Fusion of immune genetic algorithm and ant colony system fitting algorithm was proposed in surface. The immune genetic algorithm was introduced into the iterative process of each ant colony, and the ability of local optimization and global search ability of immune genetic algorithm can improve the convergence speed of ant colony. In the algorithm, the immune genetic algorithm can effectively overcome the shortcomings of ant colony system which easily trap into local optimal solution or degradation by selecting, intersecting and mutating of genetic algorithm along with the immune vaccination of immune algorithm. The fender, fandisk, bunny and cow of the 3D scattered points cloud were fitted by fusion algorithm, genetic algorithm (GA) and immune genetic algorithm (IGA). The experiments showed that the new algorithm was very excellent in convergence speed and global optimal solution search capability. The fitting surface of this algorithm was better than those of GA and IGA in fitting precision with fitting precision improved by 18% and 11%, respectively, which can meet the requirements of complex curved surfaces.

Key words: surface fitting; scattered point cloud; immune genetic algorithm; ant colony algorithm

引言

曲面重构是一个极具挑战的前沿课题,对于未知的曲面,一般通过三维扫描设备获取 3D 点云数据并重构。曲面重构包括 2 个主要部分:曲面参数化和曲面拟合。将表示某一几何形状的采样点集,拟合出其表示的目标曲面,并使这些点集离该目标曲面偏差最小,这个过程称为曲面拟合。曲面拟合被广泛应用于 CAD 设计、数据可视化、虚拟现实、逆向工程等众多领域^[1]。目前国内外曲面拟合的算法有矩形域曲面拟合^[2-3]、三角域曲面拟合^[4]、细分曲面拟合^[5]、层次曲面拟合^[6-7]和遗传算法曲面拟合^[8]等。

JIAO 等^[9]提出的免疫遗传算法(IGA),是一种基于生物体免疫机制的改进遗传算法,它将求解问题的目标函数对应为入侵生命体的抗原,将问题的解对应为免疫系统产生的抗体。在解决实际问题时,目标函数和约束条件作为抗原输入,随后产生初始抗体群,通过一系列遗传操作及抗体亲和力、抗体浓度计算,在保持抗体多样性的情况下找出抗体种群中与抗原亲和力最大的抗体,即为问题的解。YOSHIMOTOA 等^[10]提出通过基因建模,构成节点位置的候选解,将问题转换为离散组合优化问题,然后用遗传算法求解的方法。ULKER 等^[11]提出了使用人工免疫算法把节点位置构建成候选解并作为抗体,可以较好地解决转换问题。文献[12]提出了一种基于高斯混合模型(GMM)的自适应节点优化算法,该算法可以较好地拟合闭合曲面目标。

为了解决蚂蚁系统^[13]收敛速度慢,易陷入局部最优等缺点,DORIGO 等^[14]于 1992 年在蚂蚁系统的基础上提出了蚁群系统,引入了分布计算、信息素正反馈和启发式搜索。而蚁群算法融合其他生物进化算法也成为近年来的研究热点,如:遗传算法融合蚁群算法的遗传蚁群算法^[15-16]、免疫算法融合蚁群算法的免疫蚁群算法^[17]等。本文在前人研究的基础上,结合散乱点云曲面拟合问题的特点,将免疫遗传与蚁群融合算法应用到 NURBS 曲面拟合中,以期使算法精度和计算速度得到较大的提高。

1 免疫遗传和蚁群融合算法原理及概念

免疫遗传和蚁群融合算法是在蚁群系统的基础上提出的,将遗传算法和免疫算法融合的算法。其基本思路是:将遗传免疫算法引入到蚁群算法的迭代中,以所有蚂蚁形成的解群作为初始种群,以当前全局最优解作为疫苗,对初始种群进行选择、交叉、

自适应疫苗等操作,通过多次迭代,比较迭代后的最优解和当前全局最优解,取两者最优解。

融合算法的基本概念:

(1) 抗原:目标函数和约束条件,是人工免疫系统算法的始动因子以及重要的度量标准。

(2) 抗体:目标函数的所有可能解,抗体的集合称为抗体群。抗体一般以编码形式出现,常用的编码形式有二进制和十进制。

(3) 抗体浓度:抗体浓度指抗体在抗体群中与其相似的抗体所占的比例,即

$$C_{v_i} = \frac{N_s}{N}$$

(1)

式中 C_{v_i} ——抗体 v_i 的浓度
 N_s ——抗体群中与抗体 v_i 相似抗体个数
 N ——种群规模

(4) 免疫选择与疫苗接种

免疫选择以信息熵作为评价群体中解的相似度指标,采用基于浓度的选择机制,计算免疫选择率,鼓励适应度高的解,同时又抑制浓度高的解,保证算法的收敛及群体的多样性。疫苗接种是从父代群体中按照接种概率选择需接种的个体,将疫苗的基因片段依次接入,形成新的免疫种群。

(5) 状态转移法则

蚁群系统中对应的状态转移法则如下:一只处于节点 r 的蚂蚁应用

$$s = \begin{cases} \arg \max_{u \in J_k(r)} \{ [\tau(r, u)]^\alpha [\eta(r, u)]^\beta \} & (q \leq q_0) \\ S & (q > q_0) \end{cases}$$

(2)

其中 $\eta = \frac{1}{\delta}$

式中 q ——区间 $[0, 1]$ 中的随机数
 q_0 ——参数, $0 \leq q_0 \leq 1$
 τ ——信息分布 δ ——距离
 α ——信息启发因子
 β ——期望启发因子
 S ——概率分布函数选择的节点

选择下一步将要到达的节点 s 。

(6) 信息素局部更新

蚁群系统的信息素局部更新规则为

$$\tau(r, s) \leftarrow (1 - \rho) \tau(r, s) + \rho \Delta \tau(r, s)$$

(3)

式中 ρ ——参数, $0 < \rho < 1$

2 基于免疫遗传和蚁群融合算法曲面拟合

2.1 NURBS 曲面表达

设 $k \times l$ 阶的 NURBS 曲面表达式^[18]为

$$S(u,v)=\frac{\sum_{i=0}^m\sum_{j=0}^n\omega_{i,j}d_{i,j}N_{i,k}(u)N_{j,l}(v)}{\sum_{i=0}^m\sum_{j=0}^n\omega_{i,j}N_{i,k}(u)N_{j,l}(v)}\quad(4)$$

式中 $\omega_{i,j}$ ——权因子
 $d_{i,j}$ ——曲面控制点
 $N_{i,k}(u)$ 、 $N_{j,l}(v)$ ——B 样条基函数

2.2 点云数据参数化

基因编码方式主要有二进制编码和实数编码,对于变量较多的优化问题,本文采用实数编码的遗传算法对个体进行遗传表达,可使用较高的交叉概率和变异概率,以提高优化概率。

首先确定参数向量 $T=(t_1,t_2,\cdots,t_m)$ 和节点向量 U ,然后求解一个关于控制顶点 $P_j(j=1,2,\cdots,l)$ 的线性优化问题,给定一组数据 $Q_i(i=1,2,\cdots,m)$,即

$$\min d=(Q-SP)^T(Q-SP)\quad(5)$$

其中

$$S=\begin{bmatrix}s_1(t_1)&s_2(t_1)&\cdots&s_l(t_1)\\s_1(t_2)&s_2(t_2)&\cdots&s_l(t_2)\\\vdots&\vdots&&\vdots\\s_1(t_m)&s_2(t_m)&\cdots&s_l(t_m)\end{bmatrix}$$
$$Q=\begin{bmatrix}Q_1\\Q_2\\\vdots\\Q_m\end{bmatrix}\quad P=\begin{bmatrix}P_1\\P_2\\\vdots\\P_m\end{bmatrix}$$

根据式(5)选取参数 $t_i(i=1,2,\cdots,m)$ 和节点 $u_i(i=1,2,\cdots,n+k+1)$,可知要选取的自变量仅有 $n-k+m$ 个,因此每个个体有 $n-k+m$ 个基因,其中染色体 G 上的基因 $g_i(i=1,2,\cdots,n-k+m)$ 初始化为区间 $[0,1]$ 中的随机数。

采用轮盘赌选择算子,取适应值为

$$D=\frac{1}{d+l}$$

其中

$$d=\sum_{i=1}^m|B(t_i)-Q_i|$$

$$l=\sqrt{\int_{u_{k+1}}^{u_{n+1}}[(x'(t))^2+(y'(t))^2]dt}$$

若个体 $G_i(i=1,2,\cdots,n)$ 的适应值为 $D_i(i=1,2,\cdots,n)$,则 G_i 被选中的概率为

$$p_i=\frac{D_i}{\sum_{i=1}^nD_i}\quad(6)$$

群体中的所有个体的每个基因都以事先设定的变异概率 p_m 进行变异。对交叉后得到的群体的每个基因,先在 $(0,1)$ 内均匀随机地生成一个随机数 a ,如果 $a < p_m$,即在 $(0,1)$ 均匀随机取一个值 g' ,赋

给该基因 g 。

2.3 基于 IGA 自适应节点计算

免疫遗传算法(IGA)通过优化 B 样条曲面双向节点,可以更好地拟合曲面。该算法包括以下 6 个步骤:

(1)初始化随机种群

将 B 样条曲面的双向节点作为随机变量,抗体定义为: $K_i[u_0^i,u_1^i,\cdots,u_s^i;v_0^i,v_1^i,\cdots,v_t^i]$;其中 $s=m+k+1$ 和 $t=n+k+1$,分别是 u 方向和 v 方向节点数目。 k 是 B 样条基函数的阶数。对于每个抗体 K_i ,从 $[(u_i+u_{i-1})/2,(u_i+u_{i+1})/2]$ 和 $[(v_j+v_{j-1})/2,(v_j+v_{j+1})/2]$ 中,选择随机数 u_i^i 和 v_j^i 。其中, $U=(u_0,u_1,\cdots,u_k,\cdots,u_m,u_{m+1},\cdots,u_{m+k+1})$ 和 $V=(v_0,v_1,\cdots,v_k,\cdots,v_n,v_{n+1},\cdots,v_{n+k+1})$ 分别是 u 方向和 v 方向的节点矢量。初始化抗体种群 $K_p=[K_i;i=1,2,\cdots,n]$,其中, n 是种群中抗体的数目。

(2)计算抗体和抗原的相似度 F

首先,由 4 条 B 样条曲线构建基本的 Coons 曲面。然后,将内部点映射到基本曲面并将其参数化为 $q_r(u_k,v_k)^{[19]}$,目标 B 样条曲面可以用最小二乘法计算,相似度为

$$F=\sum_{r=0}^{nm}|S(u_r,v_r)-q_r|\quad(r=0,1,\cdots,nm)\quad(7)$$

式中 q_r ——所测量的数据点集

F ——点云各数据点到拟合曲面最小距离之和

(3)抗体激励与抑制

设抗体浓度 p_c 是种群中相同或相似抗体的比例。 p_{cv} 是种群中平均抗体的比例。 p_f 是个体被选择概率; p_{fa} 是抗体被选择的平均概率; p 是所有个体被选择的概率分布。即

$$p=\begin{cases}p_f\left(1+\alpha\frac{p_{cv}-p_c}{p_{cv}+p_c}\right)&(p_f>p_{fa},\alpha>0)\\p_f&(p_f\leq p_{fa})\end{cases}\quad(8)$$

式(8)说明根据当前群体中的浓度来决定是增加还是减少个体被选择的概率,如果浓度低则增加,即促进,反之则减少,即抑制。

(4)产生抗体,实施交叉,变异作用于种群。对当前第 K 代父代种群 AK 进行交叉操作,得到种群 BK 。对种群 BK 进行变异操作,得到新种群 CK 。

(5)实施接种疫苗操作,生成新一代种群。对 CK 实施接种疫苗获取 $K+1$ 代种群 DK 。

(6)终止迭代条件。如果整个相似度都小于 ε ,或者达到迭代的最大数,则停止;否则,转到步骤(2)。

2.4 反求曲线控制顶点

给定 $m-1$ 个数据点 $q_1, q_2, \dots, q_{m-1} (m > n)$, 寻找一条控制顶点数为 $n-1$ 个的 $k(k \geq 1)$ 次 B 样条曲线 $p(u)$, 即

$$p(u) = \sum_{j=0}^{n-2} d_j N_{j,k}(u) \quad (u \in [0, 1]) \tag{9}$$

式中 d_j ——控制顶点
 $N_{j,k}(u)$ —— k 次规范 B 样条基函数
 k 次 B 样条曲线用最小二乘法逼近, 即目标函数 f 关于 $n-1$ 个控制顶点 d_j 的一个最小值

$$f = \sum_{i=1}^{m-1} (q_i - p(\tilde{u}_i))^2 \tag{10}$$

式中 $\tilde{u}_i$ ——第 i 个数据点的参数值
欲使目标函数 f 最小, 应使它关于 $n-1$ 控制点 $d_j (j=1, 2, \dots, n-1)$ 的导数等于零。函数 f 关于第 l 个控制顶点 d_l 的导数为

$$\frac{\partial f}{\partial d_l} = \sum_{i=1}^{n-1} \left(-2q_i N_{l,k}(\tilde{u}_i) + 2N_{l,k}(\tilde{u}_i) \sum_{j=1}^n d_j N_{j,k}(\tilde{u}_i) \right) \tag{11}$$

因此

$$\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{i=1}^{m-1} d_j N_{j,k}(\tilde{u}_i) N_{l,k}(\tilde{u}_i) = \sum_{i=1}^{m-1} q_i N_{l,k}(\tilde{u}_i) \tag{12}$$

由此得出一个以控制顶点 d_l 为未知量的线性方程。设 $l=1, 2, \dots, n-1$, 则得到含 $n-1$ 个该未知量的方程组

$$(N^T N) D = R \tag{13}$$

其中

$$N = \begin{bmatrix} N_{1,k}(\tilde{u}_1) & \cdots & N_{n-1,k}(\tilde{u}_1) \\ \vdots & & \vdots \\ N_{1,k}(\tilde{u}_{m-1}) & \cdots & N_{n-1,k}(\tilde{u}_{m-1}) \end{bmatrix} \tag{14}$$

$$R = \begin{bmatrix} N_{1,k}(\tilde{u}_1) q_1 + \cdots + N_{1,k}(\tilde{u}_{m-1}) q_{m-1} \\ \vdots \\ N_{n-1,k}(\tilde{u}_1) q_1 + \cdots + N_{n-1,k}(\tilde{u}_{m-1}) q_{m-1} \end{bmatrix} \tag{15}$$

$$D = \begin{bmatrix} d_1 \\ \vdots \\ d_{n-1} \end{bmatrix} \tag{16}$$

式中 N —— $(m-1) \times (n-1)$ 标量矩阵
 R, D ——含 $n-1$ 个矢量元素的列阵

2.5 点云数据分割

将整个点云数据分割成多块区域, 每一块对应实体物体的一个子区域, 采用区域增长的方法获取各子区域, 点云数据分割算法如下:

(1) 计算散乱点云的主曲率和主方向。

(2) 识别所有的边界点: 把边界点的状态标记为 $S=-1$, 非边界点标记为 $S=0$ 。

(3) 查询状态为 $S=0$ 的任一点作为种子点, 开始一新子区域, 建立初始队列, 把种子点入队且置其状态为 $S=1$ 。

(4) 区域增长法识别该子区域如下:

出队一个点并查询状态 $S=0$ 的所有邻接点;
While(状态 $S=0$ 的邻接点存在)
{ ① 把状态 $S=0$ 的所有邻接点入队, 入队后的点状态置为 $s=1$; ② 出队一个点并查询状态 $s=0$ 的所有邻接点; }

(5) 查询状态 $S=0$ 的任意一点作为下一个种子点, 开始下一个子区域识别, 依次反复。如果没有种子点存在, 则表明所有子区域识别完毕。

2.6 光滑拼接 B 样条曲面片

如果使用传统的节点矢量法来拼接曲面片, 往往会导致节点的快速扩张^[20]。为避免这种缺陷, 通过调整边界的控制点来达到 G1 连续的曲面拼接^[21-22]。

2.6.1 G0 连续的 B 样条曲面拼接

2 个 G0 连续的 B 样条曲面通过以下 3 步来拼接。如图 1 所示, 其中 $S^l(u, 1)$ 和 $S^{l+1}(u, 0)$ 是不同曲面片的 2 个毗邻边。首先, 对 2 个毗邻边采样, 然后, 根据采样点的距离来调整控制点, 具体过程如下:

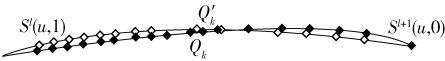


图 1 G0 连续光滑拼接两张 B 样条曲面
Fig. 1 Stitching of two B-spline surface patches with G0 continuity

(1) 使用 ZHAO 等^[23]提出的算法对曲线 $S^l(u, 1)$ 和 $S^{l+1}(u, 0)$ 采样, 获取数据点集 $\{Q_k, k=0, 1, \dots, m\}$ 和 $\{Q'_k, k=0, 1, \dots, m\}$ 。计算 2 个数据点集对应点之间的距离 $\{dis_k, k=0, 1, \dots, m\}$ 。

(2) 如果 $dis_k > Tol(0.005)$, Q_k 和 Q'_k 调整为 $Q_k^* = \frac{Q_k + Q'_k}{2}$ 。否则, Q_k 和 Q'_k 近似相等, 因此, $Q_k^* = Q_k$ 。

(3) 设 $Q_k^* (k=0, 1, \dots, m)$, 通常曲线 $S^l(u, 1)$ 和 $S^{l+1}(u, 0)$ 的新控制点需重新计算。

经过上面的调整, 边界点可以满足 G0 连续。

2.6.2 对邻接的边界曲线 G1 平滑调整

如果曲线 $S^l(u, v)$ 和 $S^{l+1}(u, v)$ 之间相邻边界上点 $P_j = S^l(u', 1) = S^{l+1}(u', 0)$ 满足

$$S_v^{l+1}(u', 0) = a S_v^l(u', 1) + b S_u^l(u', 1) \tag{17}$$

其中, a 和 b 是常量, $a > 0$ 。

则点 P_j 的 2 个曲面的 ISO 参数曲线如图 2 所示。

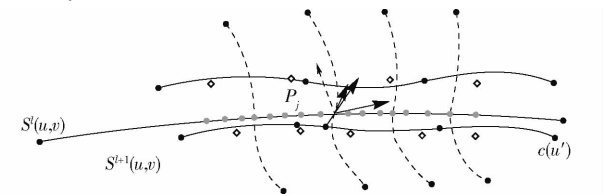


图 2 G1 连续光滑拼接两张 B 样条曲面

Fig. 2 Stitching of two B-spline patches with G1 continuity

具体的 G1 平滑调整过程详见文献[24]。

2.7 免疫遗传和蚁群融合算法计算步骤

(1)初始化随机种群,输入散乱点云 $P_i(i=1, 2, \cdots, p)$ 及其他初始参数 (m, n, s, t, L) , m 和 n 分别为沿矢量 u 和 v 方向的控制点个数,共有控制点 mn 个, s 和 t 分别为沿矢量 U, V 方向的样条次数。

(2)将 Q 只蚂蚁随机放在初始节点上。
(3)对每只蚂蚁应用状态转移规则选择下一个节点,并应用信息素的局部更新。

(4)所有蚂蚁都已经形成完整路径,如若,转到步骤(3);如是,转至步骤(5)。

(5)以所有蚂蚁所形成的解群作为初始种群,以当前全局最优解作为疫苗。

(6)采用免疫选择算子,选取 N 个优秀抗体,应用算术交叉和非均匀变异对抗体种群进行遗传操作,以形成新的抗体种群 $c(t)$ 。

(7)通过抽取疫苗和接种疫苗实现免疫接种,获得自适应的节点。

(8)达到最大迭代次数,如若,转到步骤(6)。

(9)比较迭代后的最优解和当前全局最优解取两者最优解,应用信息素的全局更新。

(10)通过最小二乘法确定曲线控制顶点。

(11)使用区域增长法对点云数据进行分割。

(12)通过光滑拼接 B 样条曲面,获取点云拟合曲面。

3 实验及误差分析

本实验中,采用 3D CaMega 光学三维扫描仪光栅投影、非接触方式对 4 个零件模型进行三维扫描,获取 fender、fandisk、bunny 和 cow 的三维散乱点云数据。采用提出的算法进行点云曲面拟合,对拟合结果进行误差分析,并与 GA 和 IGA 在精度、收敛速度、迭代次数和耗费时间上进行比较。

3.1 实验结果

为了验证本文所提出的免疫遗传蚁群融合算法,采用 Visual C++ 6.0,并且调用 OpenGL 库函数显示点云,对 4 个实例进行实验,所有计算都是在 Intel 双核 CPU 1.7 GHz、内存 1.88 GHz 的环境下进

行的。对 fender、fandisk、bunny 和 cow 模型进行曲面拟合。

表 1 为 fender、fandisk、bunny、cow 4 个模型的数据点数。

表 1 4 个模型的点数
Tab.1 Four models points

模型	fender	fandisk	bunny	cow
点数	5 675	11 983	34 834	46 433

图 3 为 fender、fandisk、bunny、cow 4 个模型的原始点云和使用本文提出的算法拟合的模型。由此可见本文所提出的融合算法有比较好的拟合曲面效果。

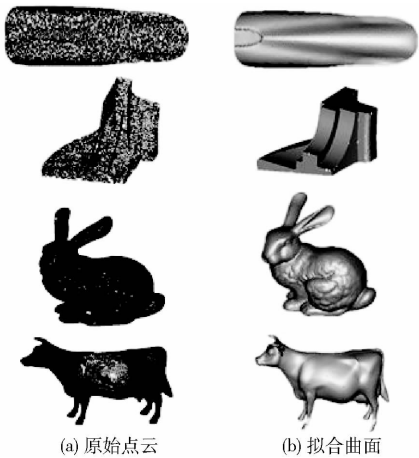


图 3 原始点云和拟合曲面

Fig. 3 Original point clouds and fitting surfaces

本文提出的融合算法在实验中的初始参数设置为:沿矢量 U 和 V 方向的控制点个数 $m=5$ 和 $n=5$,沿矢量 U, V 方向的样条次数 $s=5, t=5$ 和 $l=7$;免疫遗传操作最大迭代次数 100,变异概率 0.12,交叉概率 0.81,疫苗接种概率 0.53,蚁群操作最大迭代次数为 100,蚂蚁数 $Q=40$,期望启发因子 $\beta=6$,信息启发因子 $\alpha=1$,信息素挥发系数 $\rho=0.4$ 。

3.2 误差分析

实验中比较了融合算法和 GA 与 IGA 算法在收敛速度和收敛精度上的差异,图 4 为采用 3 种不同算法的拟合误差与迭代次数的关系曲线。可以看出,采用融合算法后,在开始阶段的收敛速度比 GA 和 IGA 算法快,随迭代次数的增加到 20 以上时,拟合误差呈均匀减小的趋势,效率和精度明显提高。如图 4 所示,GA 算法和 IGA 算法比本文所提出的算法的拟合误差都高。表 2 为 4 个实验模型的拟合时间和平均拟合误差。通过比较,发现本方法拟合时间明显比 GA 和 IGA 算法耗时少,分别减少时间 21% 和 8% 以上,可见本文提出的融合算法比 GA 和 IGA 的曲面拟合效果都好,精度分别提高

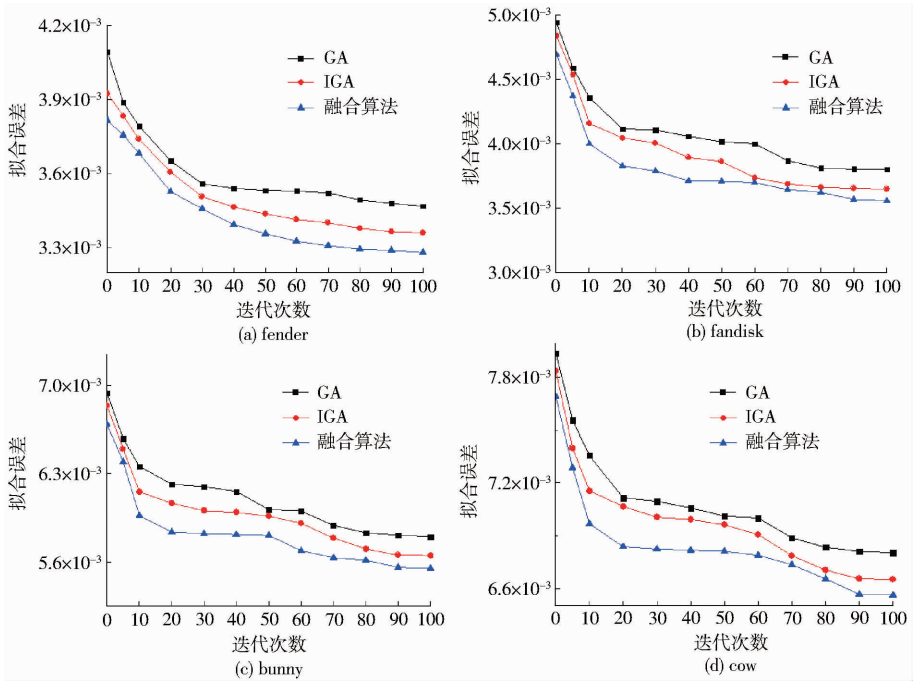


图 4 拟合误差与迭代次数的关系曲线

Fig. 4 Relationship curves of fitting error and iterations

表 2 实验数据比较

Tab. 2 Comprison of test data

方法	fender		fandisk		bunny		cow	
	时间/s	平均拟合误差	时间/s	平均拟合误差	时间/s	平均拟合误差	时间/s	平均拟合误差
GA	2. 136	$4. 17 \times 10^{-3}$	3. 789	$4. 78 \times 10^{-3}$	7. 368	$6. 98 \times 10^{-3}$	9. 129	$7. 37 \times 10^{-3}$
IGA	1. 973	$3. 61 \times 10^{-3}$	2. 976	$4. 08 \times 10^{-3}$	4. 157	$6. 09 \times 10^{-3}$	7. 101	$6. 69 \times 10^{-3}$
融合算法	1. 825	$3. 15 \times 10^{-3}$	2. 465	$3. 76 \times 10^{-3}$	3. 017	$5. 45 \times 10^{-3}$	4. 323	$5. 97 \times 10^{-3}$

18% 和 11% 以上。

4 结束语

对复杂型面的物体进行了曲面拟合研究,提出了一种融合免疫遗传算法和蚁群系统的曲面拟合算法,将遗传免疫算法引入到蚁群算法的迭代中,以所有蚂蚁所形成的解群作为初始种群,以当前全局最优解作为疫苗,对初始种群进行选择、交叉、自适应疫苗等操作,通过多次迭代,比较迭代后的最优解和

当前全局最优解取两者最优解,有效地解决了蚁群系统的缺点。实验结果表明,该方法具有很好的收敛速度,曲面拟合耗时少,与 GA 和 IGA 比较,分别减少 21% 和 8% 以上。通过该算法所拟合的曲面拟合精度较高,其拟合精度相比 GA 和 IGA 算法,分别提高 18% 和 11% 以上。本文所提出的算法优于 IGA 和 GA 的曲面拟合性能,优化后曲面光顺性较好,平均误差较小,可以应用于复杂型面物体的曲面拟合中。

参 考 文 献

1 任同群,赵悦含,龚春忠,等. 自由曲面三维散乱测量点云无约束配准[J]. 光学精密工程,2013, 21(5): 1234 – 1243.
REN Tongqun, ZHAO Yuehan, GONG Chunzhong, et al. Unconstrained registration of 3-D scattered point clouds for free-form shape measurement [J]. Optics and Precision Engineering, 2013, 21(5): 1234 – 1243. (in Chinese)

2 GALVEZ A, IGLESIAS A, PUIG-PEY J. Iterative two-step genetic-algorithm-based method for efficient polynomial B-spline surface reconstruction[J]. Information Sciences, 2012,182(1): 56 – 76.

3 孙玉文,吴宏基,刘健. 基于 NURBS 的自由曲面精确拟合方法研究[J]. 机械工程学报,2004,40(3):10 – 14
SUN Y W, WU H J, LIU J. Research on the method of accurate NURBS surface fitting to scattered points[J]. Chinese Journal of Mechanical Engineering, 2004,40(3):10 – 14. (in Chinese)

4 GOINSKI A. Evolutionary surface reconstruction[C] //Proceedings of IEEE Conference on Human System Interactions, 2008: 464 – 469.

5 李登高,高开怀. Loop 细分曲面的优化拟合算法[J]. 计算机辅助设计与图形学学报,2006,18(6):755 – 759.
LI D G, QING K H. Optimization based Loop subdivision surface fitting[J]. Journal of Computer-aided Design & Computer

- Graphics, 2006,18(6):755–759. (in Chinese)
- 6 BERTRAM M, TRICOEHE X, HAGEN H. Adaptive smooth scattered data approximation for large-scale terrain visualization[C]//Proceedings of the Symposium on Data Visualisation 2003 Eurographics Association, 2003:177–184.
- 7 TSAIA J T, HOB W H, LIUC T K, et al. Improved immune algorithm for global numerical optimization and job-shop scheduling problems[J]. Applied Mathematics and Computation, 2007,194(2):406–424.
- 8 孟凡文, 吴禄慎. 用继承与优化算法精密拼接无序点云[J]. 光学精密工程, 2009,17(4):825–831.
- MENG F W, WU L S. Registration of unorganized point clouds by inheriting and optimizing algorithm[J]. Optics and Precision Engineering, 2009,17(4):825–831. (in Chinese)
- 9 JIAO L, WANG L. A novel genetic algorithm based on immunity[J]. IEEE Transactions on System, Man, and Cybernetics, 2000,30(5):552–561.
- 10 YOSHIMOTOA F, HARADAB T, YOSHIMOTOC Y. Data fitting with a spline using a real-coded genetic algorithm[J]. Computer-Aided Design, 2003,35(8):751–760.
- 11 ULKER E, ARSLAN A. Automatic knot adjustment using an artificial immune system for B-spline curve approximation[J], Information Sciences, 2009,179(10):1483–1494.
- 12 ZHAO X, ZHANG C, YANG B, et al. Adaptive knot placement using a GMM-based continuous optimization algorithm in B-spline curve approximation[J]. Computer-Aided Design, 2011,43(6):598–604.
- 13 DORIGO M, MANIEZZO V, COLONIA. The ant system: optimization by a colony of cooperating agents[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics-Part B, 1996,26(2):29–41.
- 14 DORIGO M, GAMBARDELLA L M. Ant colony system: a cooperative learning approach to the traveling salesman problem[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 1997,1(1):53–66.
- 15 YIN Zhongwei. Reverse engineering of a NURBS surface from digitized points subject to boundary conditions[J]. Computers and Graphics, 2009,28(2):207–212.
- 16 王晓瑜, 原思聪, 李曼. 基于自适应蚁群遗传混合算法的 PID 参数优化[J]. 计算机应用研究, 2015,32(5):1692–1693.
- WANG Xiaoyu, YUAN Sicong, LI Man. Optimization design based on self-adapted ant colony algorithm and genetic algorithm for parameters of PID controller [J]. Application Research of Computers, 2015,32(5):1692–1693. (in Chinese)
- 17 杨贺娟, 马骥, 季丽丽. 基于免疫蚁群算法的机器人路径规划[J]. 信息系统工程, 2013,29(1):22–24.
- YANG Hejuan, MA Ji, JI Lili. Robot path planning based on immune ant colony algorithm[J]. Information System Engineering, 2013,29(1):22–24. (in Chinese)
- 18 SANCHIS J, MARINEZ M A, BLASCO X. Integrated multiobjective optimization and a priori preferences using genetic algorithms [J]. Information Sciences, 2008,178(4):931–951.
- 19 WAGNER T, MICHELITSCH T, SACHAROW A. On the design of optimizers for surface reconstruction[C]//Proceedings of the 2007 Genetic and Evolutionary Computation Conference-GECCO2007, 2007:2195–2202.
- 20 PIEGL L A, TILLER W. The NURBS book[M]. Berlin: Springer, 1997.
- 21 曲学军, 宁涛, 席平. B 样条曲面的光滑拼接[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2004,16(1):138–141.
- QU Xuejun, NING Tao, XI Ping. Smooth joining between adjacent B-spline surfaces[J]. Computer-aided Design & Computer Graphics, 2004,16(1):138–141. (in Chinese)
- 22 郑立华, 麦春艳, 廖巍, 等. 基于 Kinect 相机的苹果树三维点云配准[J]. 农业机械学报, 2016,47(5):9–14.
- ZHENG Lihua, MAI Chunyan, LIAO Wei, et al. 3D point cloud registration for apple tree based on Kinect camera [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2016,47(5):9–14. (in Chinese)
- 23 ZHAO X, YIN Y, YANG B. Dominant point detecting based non-uniform B-spline approximation for grain contour[J]. Science China Technological Sciences, 2007,50(1):90–96.
- 24 ZHAO Xiuyang, ZANG Caiming, XU Li, et al. IGA-based point cloud fitting using B-spline surfaces for reverse engineering[J]. Information Sciences, 2013,245:276–289.