DOI: 10. 19650/j.cnki.cjsi.J1905652

基于改进精英克隆选择算法的 B 样条曲线逼近方法*

董祉序,徐方素,孙兴伟,刘伟军

(沈阳工业大学机械工程学院 沈阳 110870)

摘 要:提出一种改进的精英克隆选择算法(ECSA)来实现 B 样条曲线逼近的自动节点配置。为了提高算法搜索效率和求解 质量,设计了自适应混沌变异算子,同时提出了基于抗体浓度和抗原亲和力矢量矩的抗体重选择策略,再以贝叶斯信息准则 (BIC)为亲和力度量来权衡拟合优良性和计算复杂度,改进的算法在深度搜索和广度寻优之间取得了平衡,可以自动且精确地 计算内节点数量和位置,从而完成数据点的 B 样条曲线逼近工作。仿真和实验结果表明,提出的方法不仅可以高效精确地实 现对存在连续、不连续、尖点等特征含噪复杂数据的自动 B 样条曲线逼近,而且相比于现有研究,具有更好的全局收敛性和收 敛速度。

B-spline curve approximation method based on an improved elitist clonal selection algorithm

Dong Zhixu, Xu Fangsu, Sun Xingwei, Liu Weijun

(School of Mechanical Engineering, Shenyang University of Technology, Shenyang 110870, China)

Abstract: In this paper, an improved elitist clonal selection algorithm (ECSA) is proposed to realize the automatic knot adjustment of the B-spline curve approximation. In order to improve the search efficiency and solution quality of the algorithm, an adaptive chaotic mutation operator is designed, and an antibody reselection strategy based on the antibody concentration and antigen affinity vectorial moment is proposed. Then Bayesian Information Criterion (BIC) is used as the affinity metric to weigh and judge the goodness of fitting and computational complexity. Further, the improved algorithm achieves a balance between depth search and breadth optimization, and can automatically and accurately calculate the number and locations of internal knots, thus the B-spline curve approximation of the data points is completed. Simulation and experiment results show that the proposed algorithm not only can efficiently and accurately realize the automatic B-spline curve approximation of the noisy complex data with the features of continuity, discontinuity and cusps, but also possesses better global convergence and convergence speed compared with current researches.

Keywords: point cloud data; B-spline curve; knot adjustment; clonal selection algorithm

0 引 言

近年来,数据拟合已经成为 CAD/CAM^[1]、数据可视 化^[2]、信号处理^[3]以及工业测量^[4]等领域中的一个重要 课题。例如,在工业测量中,物理对象的大规模含噪点云 数据通过接触式或非接触式的传感器被获取,再根据数 据拟合技术创建数字模型。B 样条函数由于具备诸多良 好的数学性质(递推性、对称性、局部支撑性、可微与连续 性等)被广泛应用于上述领域的数据拟合中^[5]。

在拟合方法中逼近比插值更准确也更困难,尤其在 含噪数据的重构中两种方法间的差异体现的更加明显。 采用逼近方法时,需要同时提供离散数据与最大容许误 差,再通过迭代计算出达到逼近精度要求时的控制顶点 数量。众所周知,当B样条曲线逼近数据时最具挑战性 的工作是要在非均匀空间内同时确定节点的数量和位

收稿日期:2019-09-25 Received Date:2019-09-25

*基金项目:辽宁省博士科研启动基金(2019BS181)、辽宁省教育厅青年育苗项目(LQGD2019007)资助

139

置,即节点配置问题。解决该非线性问题最常用的方法 为预设初始节点,然后再根据角分线^[6]、曲率^[7]、特征 点^[8]等方式来修改节点的数量,一般分为节点插入法^[9] 和节点剔除法^[10]两类。上述方法的优点在于计算时间 少且它们中的一些算法还可以实现不连续和有尖点的数 据拟合^[7,9],但这类方法无法自动完成节点配置,需要人 工介入来给定一些参数,例如容许误差和平滑系数,这是 一个需要操作者具有很高专业水平的工作,一旦事先设 定的参数不准确会较大影响计算效率和拟合精度。另 外,上述方法在含噪数据中表现不好。近年来,有很多学 者将智能算法应用到自动节点配置中来解决含噪数据的 B样条逼近问题并取得了不错的效果, Uyar 等^[11]和 Ülker 等^[12]分别采用入侵野草算法和人工免疫系统对节 点矢量进行优化,他们将原始的连续多变量非线性问题 转化为离散的组合优化问题,并用仿真证明了算法在含 噪数据中进行自动节点配置的能力,但在转化过程中引 入了一定的离散误差,并大幅增加了计算成本。尽管 Gálvez 等^[13]利用连续方法避免了离散误差,取得了较高 的拟合精度,但实验表明,其使用的萤火虫算法无法针对 不连续和有尖点的采样数据进行节点配置。随后, Yoshimoto 等^[14]和 Gálvez 等^[15]又分别将改进的遗传算法 (genetic algorithm, GA)和改进的精英克隆选择算法 (elitist clonal selection algorithm, ECSA)应用于 B 样条曲 线节点配置中,这些方法在保持了上述所有智能算法优 势的基础上,成功的处理了重节点的特征。但是上述智 能算法的全局收敛能力仍然不足,这会导致优化过程迭 代次数较多,从而影响计算精度和效率。

针对以上问题,本文提出了一种基于改进 ECSA 的 B 样条曲线逼近方法,先利用混沌的遍历性和随机性,结 合抗体的先验知识和克隆代数设计了自适应混沌变异算 子,同时提出了基于抗体浓度和抗原亲和力矢量矩的抗 体重选择策略,建立了抗体之间的促进和抑制动态调节 机制,再以贝叶斯信息准则(Bayesian information criteria, BIC)为亲和力度量来权衡拟合优良性和计算复杂度,所 改进的算法在深度搜索和广度寻优之间取得了平衡,可 以自动且精确地计算内节点数量和位置,从而确定最优 的节点矢量。最后通过仿真和实验验证改进算法的有效 性。

1 B 样条曲线逼近数学模型

B 样条曲线方程为:

$$p(u) = \sum_{i=0}^{\eta^{-p}} d_i \phi_{i,k}(u)$$
(1)

式中: $\phi_{i,k}(u)$ ($i = 0, 1, \dots, \eta - \rho$)是根据德布尔-考克斯 的递推定义的 k 次 B 样条基函数。

$$\begin{cases} \phi_{l,0} = \begin{cases} 1 & u_i \leq u \leq u_{i+1} \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \\ \phi_{i,k}(u) = \frac{u - u_i}{u_{i+k} - u_i} \phi_{i,k-1}(u) + \frac{u_{i+k+1} - u}{u_{i+k+1} - u_{i+1}} \\ \phi_{i+1,k-1}(u) \end{cases}$$
(2)

式中: $\phi_{i,k}(u)$ 的两个下标 $i \ \pi k$ 的含义分别为序号和次数;节点矢量 $U = [u_0, u_1, \dots, u_{\eta-\rho}]$ (节点 $u \ A E C in [0,1]$ 中任意取值,且 U 为非递减序列)中的节点个数用 η 表示,B 样条曲线的阶数为 ρ ,且 $\rho = k + 1$,控制顶点用 $d_i(i = 0, 1, \dots, \eta - \rho)$ 表示。在非周期性节点矢量中,首末节点重复次数与 B 样条曲线阶数相同 $u_0 = u_1 = \dots = u_{\rho-1} = 0$, $u_{\eta-\rho+1} = u_{\eta-\rho+2} = \dots = u_{\eta} = 1$ 。B 样条曲线几何特征会随着内节点重复次数的变化而改变,规律如下:若内节点重复次数 $s = \rho - 1$,则曲线在该节点处有尖点;若内节点重复次数 $s = \rho$,则曲线在该节点处断开。

B 样条曲线逼近过程分为数据点参数化、节点配置 以及求未知控制顶点 3 个步骤。设 { (w_l, v_l) }_{*l*=1,2,…,*q*} ∈ [0,1] × *R* 为一组参数化后的数据,可得:

$$v_{l} = p(w_{l}) + \varepsilon_{l} = \sum_{i=0}^{\eta-\rho} d_{i}\phi_{i,k}(u) + \varepsilon_{l}$$
(3)

式中:测量误差为 ε_i ;数据点个数为 $q;p(w_i)$ 为拟合曲线。式中的两个变量分别为控制顶点 d_i 与节点矢量 U。通过最小二乘方法计算的逼近曲线的最小残差平方和如下。

$$e = \sum_{i=1}^{q} \left(v_i - \sum_{i=0}^{\eta-\rho} d_i \phi_{i,k}(u) \right)^2$$
(4)

V $= (v_1, v_2, \dots, v_q)^{\mathrm{T}},$ **Φ**(**U**) = [**Φ** $_{i,k}($ **u** $_l)]_{i=0,1,\dots,\eta-p,l=1,2,\dots,q}$ 为 *q* × (**η** - **ρ** + 1) 阶矩阵, **D** = (*d*_0, *d*_1, \dots, *d*_{\eta-\rho})^{\mathrm{T}}。当内 节点固定时, 节点矢量满足非周期性特征, 则式(5) 为关 于控制顶点的线性最小二乘优化问题。

$$e = \min_{\mathbf{D} \in \mathcal{D}(\mathcal{U})} \| \mathbf{V} - \mathbf{\Phi}(\mathbf{U}) \mathbf{D} \|^{2}$$
(5)

式中: || · || 为范数,利用高斯消元法解 $\boldsymbol{\Phi}(\boldsymbol{U})^{\mathrm{T}} \cdot \boldsymbol{\Phi}(\boldsymbol{U}) \cdot \boldsymbol{D} = \boldsymbol{\Phi}(\boldsymbol{U})^{\mathrm{T}} \cdot \boldsymbol{V}$ 可得控制顶点的解 $\overline{\boldsymbol{D}}(\boldsymbol{U})$ 。

当内节点被视为自由变量时,则式(4)为关于内节 点数量和位置(节点配置)的多变量非线性优化问题

$$e = \min_{\boldsymbol{D} = \boldsymbol{D}^{\text{min}}_{\boldsymbol{U}} \mid \boldsymbol{U} = [0, 1]^{\text{min}}} \| \boldsymbol{V} - \boldsymbol{\Phi}(\boldsymbol{U})\boldsymbol{D} \|^2$$
(6)

根据上文所得控制顶点解 $\overline{D}(U)$ 得 B 样条曲线逼近的目标函数为:

$$e = \min_{\boldsymbol{U} \in [0,1]^{n+1}} \| \boldsymbol{V} - \boldsymbol{\Phi}(\boldsymbol{U}) \boldsymbol{D}(\boldsymbol{U}) \|^2$$
(7)

通过上述公式可以看出,B 样条曲线逼近中的节点 配置问题实质上是一个连续的多变量、多目标的非线性 优化问题。该问题的解决难点在于如何能在没有人工介 入的情况下自动计算出最优的内节点数量和位置,并且 在保证较高拟合精度的前提下提高计算效率。

2 改进的 ECSA

本节提出了改进的 ECSA 来解决上述非线性问题。 在 B 样条曲线逼近的节点配置问题中,抗原为获取一组 含噪离散数据的最佳 B 样条逼近曲线,而内节点的可能 形式被视为抗体。另外,为了更好地解决上节提到的诸 多难点,还需要对克隆选择算法进行修改,改进后的 ECSA 步骤如下。

1)抗体编码,抗原识别。本文按照文献[14]中给出的实数编码方式对内节点 $U_a = \{u_p, u_{p+1}, \dots, u_{\eta-p}$ 中的元素进行编码,每个抗体编码长度为 $\eta - 2p + 1;$ 其中任意两个内节点可以完全相同,即提出的方法有能力解决重节点情况,编码后的抗体构成了一个容量为N的原始种群 $Ab_{\{N\}}$,再将将抗原提供给种群内所有抗体,诱发算法的免疫反应。

2) 计算抗原亲和力。在节点配置问题中,亲和力度 量作为改进 ECSA 的关键部分,相当于对 B 样条曲线逼 近程度的评价。目前较常用的候选解评估函数除式(7) 的最小残差平方和 e 之外,还有均方根误差 r 和统计学 的 BIC 准则。

$$r = \sqrt{\sum_{l=1}^{q} \left(v_l - \sum_{i=0}^{\eta-\rho} d_i \phi_{i,k}(u)^2 \right)^2 / q}$$
(8)

 $BIC = q \ln(e) + (\ln(q))(2\eta - 3\rho + 2)$ (9)

式(7)和(8)均缺乏对计算复杂度的研究,可以预见 上述两种亲和力度量方法所得最优解,必然以更多内节 点数量、更大计算量甚至过拟合现象为代价。而 BIC 准 则为一种考评综合最优配置的指标,它是拟合精度和参 数未知个数的加权函数。应用 BIC 准则作为亲和力度量 方程的优势在于,处理 B 样条曲线逼近问题时不用人工 介入设定误差界和相应的平滑系数,其确定最优节点矢 量的方法为:BIC 值越小,抗原亲和力越高,抗体被选择 可能性越大,即 BIC 值越小,拟合精度越高,且拟合质量 不随着计算复杂度的增加而增大。BIC 权衡了拟合优良 性和计算复杂度,可以自动确定内节点位置和数量。

根据 BIC 亲和力度量方法,计算原始种群 $Ab_{|N|}$ 中所 有抗体的抗原亲和力 $\varphi = (\varphi_1, \varphi_2, \dots, \varphi_N)$ 。

3)选择和精英选择。计算效率是制约 B 样条曲线逼 近方法应用于工程问题的关键因素,传统的克隆选择算法 采用逐代抗体更新的方式,计算速度较慢。而精英选择可 将亲和力最高的抗体无需经历克隆、混沌变异、重选择直 接进入子代,从而促进算法收敛速度的大幅提高。从Ab_[N] 中选择抗原亲和力较高的 n 个抗体组成新的种群 Ab_[n];再 选择 N_e 个亲和力最高的精英抗体直接进入子代。

4) 克隆。对选择的抗体 *Ab*_[n] 进行克隆操作,各抗体的克隆数量与抗原亲和力成正比。

$$N_c = \sum_{g=1}^{n} \operatorname{round}(\Lambda \cdot N/g)$$
(10)

式中: $Ab_{|n|}$ 中抗体的克隆总数记为 N_e ; 候选解的排序记为 g; 放大系数为 Λ ; round(·) 为取整算子。克隆后生成临时克隆种群 C_e

5)抗体混沌变异。为保留父代抗体的原始信息,需要 对抗体克隆种群 C 中的抗体变异,这一步骤对保持样本的 多样性,提升算法对解的局部搜索能力至关重要。在执行 混沌变异前,需要先采用欧氏距离对种群 C 中抗体进行抗 体亲和力度量,抗体变异率反比于抗体亲和力。从克隆种 群 C 中选择 N_x 个抗体亲和力低的抗体组成新的种群 C'。 再结合抗体的先验知识和克隆代数设计一种混沌自适应 变异算子,对选择的抗体进行自适应混沌变异,即:

$$C'' = C' + \mu \frac{\exp\left(-\chi \frac{t}{T}\right)}{1 + f_i} (2l_{C'}(t) - 1)$$
(11)

式中: C'' 为变异后抗体群; C' 为变异前的抗体群; μ 和x 为变异控制参数; t 为当前克隆代数; T 为总克隆代数; $exp\left(-x\frac{t}{T}\right)$ 表示在算法克隆的初期, 以较大的变异尺度 进行搜索, 随着克隆代数的增加, 变异尺度逐渐减小, 有 利于克隆后期抗体的精细搜索; $f_i(i=1,2,\cdots,N_x)$ 为抗体 群 C' 中抗体亲和力; LC'(t) 表示以抗体群 C' 为初始生 成的第 t 个 Logistic 序列值。

最后,再按照节点矢量序列对混沌变异后的抗体进 行重新排列。至此,一个成熟的抗体群 C*产生。

6) 重选择。传统的克隆选择算法在进行重选择操作 时一般会直接将亲和力较大抗体选入下一代种群,这种 方法没有考虑种群多样性,容易产生局部最优解。为了 避免上述问题,本文算法引入了基于抗体浓度和抗原亲 和力矢量矩的选择策略,同时考虑抗体相似度和浓度,从 而保证了下一代种群的多样性。采用一种基于抗体间欧 氏距离及抗原亲和力的方法来定义抗体相似度和浓度, 在成熟种群 C^* 的 N_x 个抗体中随机选择的两个抗体 U_1^* 和 U_2^* ,两抗体间的欧氏距离记为 ED(U_1^*, U_2^*),抗原亲 和力分别为 $\varphi(U_1^*)$ 和 $\varphi(U_2^*)$,给定适当常数 $\lambda > 0, \kappa > 0$, 如满足下列方程:

$$\left(ED(U_1^*, U_2^*) \le \lambda\right)$$
(12)

$$(|\varphi(U_1^*) - \varphi(U_2^*)| \leq \kappa$$

则称抗体 U_1^* 和 U_2^* 相似。记与抗体 U^* 相似的抗体 个数为 Sim(U_1^*),则抗体 U_1^* 的浓度为:

$$D(U_1^*) = \frac{\text{Sim}(U_1^*)}{N_x}$$
(13)

抗体种群中,定义抗体 U_1^* 的亲和力矢量矩为:

$$\zeta(U_1^*) = \sum_{n=1}^{N_*} |\varphi(U_1^*) - \varphi(U_n^*)|$$
(14)

式中: U_n^* 为成熟种群 C^* 中的抗体, 且 $n = 1, 2, \dots, N_x$ 。 则抗体 U_1^* 基于抗体浓度和抗原亲和力矢量矩的选择概 率为:

$$P(U_{1}^{*}) = \frac{\zeta(U_{1}^{*}) \exp\left(-\frac{D(U_{1}^{*})}{\sigma}\right)}{\sum_{n=1}^{N_{*}} \zeta(U_{n}^{*}) \exp\left(-\frac{D(U_{n}^{*})}{\sigma}\right)}$$
(15)

式中: σ 为调节因子。式(15)体现了选择的不确定性特 征及抗体之间的促进和抑制动态调节机制,可以看出,在 抗体浓度一定时,抗原亲和力矢量矩越大,被重选择的概 率越大;在抗原亲和力矢量矩一定的条件下,抗体浓度越 大,被重选择的概率越小。这样在保留高亲和力抗体的 同时也确保了个体的多样性,使含有效元素的低亲和力 个体也有机会进入下一代。

按上述公式计算种群 C^* 中抗体被重选择进入下一代的概率 $P(U_1^*)$,根据 $P(U_1^*)$ 的大小选择最好的 N_f 个抗体进入下一代。

7) 替换。利用步骤 3) 中精英选择的 N_e 个抗体和步骤 6) 中重选择的 N_f 个抗体替代原始种群中相应个数的 低亲和力个体。

8) 重复执行步骤 2) ~7), 直到满足终止条件。

改进的 ECSA 如图 1 所示,相比于传统的克隆选择 算法,改进的 ECSA 引入了精英选择、混沌变异和重选择 3 个步骤,虽然增加了单次迭代的计算时间,但这些操作 保证了改进算法具有几乎处处强收敛性,这种优秀性质 会大幅降低算法的迭代次数,从而显著提升了计算精度 和效率。



3 仿真验证

在实验前需要先分别确定两类参数的具体数值:B样 条曲线参数和改进 ECSA 参数。对于前者,需要设置的输 入参数为:B 样条曲线阶数ρ和内节点数量γ。阶数ρ的 选择非常重要,仅有的限定选择条件为η≥2ρ-1,低阶多项 式在控制曲线形状方面灵活性较差,而高阶多项式有可能 引入不必要的摆动而耗费更多的计算量,本文选取4阶 B 样条曲线,即ρ=4,并且均以内节点数量γ为参数变量对 B 样条曲线的拟合精度和计算时间进行比较。对于后者,一 般文献的选定方法为根据具体问题进行经验选择,本文采 用经验选择和实验分析相结合的确定方法。在改进的 ECSA 中,各参数在取值范围内分别以固定步长进行取值 计算,综合考虑参数值变化对方法性能、求解质量以及计 算成本的影响,通过经验分析和实验对比进行参数值选 取。各参数的具体赋值如表1所示。

表1 改进 ECSA 中的各参数取值表

Table 1 The parameter values for the improved ECSA

| 符号 意义 赋值 N 原始种群中抗体个数 N=100 n 进行克隆操作的抗体个数 n=20 N_e 精英选择的抗体个数 N_e =5 N_e 每代的克隆总数 N_e =200 Λ 式(10)中的放大系数 Λ =0.1 N_x 进行混沌变异的抗体个数 N_x =10 $\mu \& X$ 式(11)中的变异控制参数 μ =0.01 & X =10 $\lambda \& \kappa$ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 σ =3 N_f 重选择的抗体个数 N_f =5 T 迭代次数 T =8 | | | |
|--|-----------|---------------|---------------------------|
| N 原始种群中抗体个数 N=100 n 进行克隆操作的抗体个数 $n=20$ N_e 精英选择的抗体个数 $N_e=5$ N_c 每代的克隆总数 $N_e=5$ N_c 每代的克隆总数 $N_e=10$ Λ 式(10)中的放大系数 $\Lambda=0.1$ N_x 进行混沌变异的抗体个数 $N_x=10$ $\mu \& \chi$ 式(11)中的变异控制参数 $\mu=0.01 \& \chi=10$ $\lambda \& \kappa$ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 $\sigma=3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f=5$ T 迭代次数 $T=8$ | 符号 | 意义 | 赋值 |
| n 进行克隆操作的抗体个数 $n=20$ N_e 精英选择的抗体个数 $N_e=5$ N_c 每代的克隆总数 $N_c=200$ Λ 式(10)中的放大系数 $\Lambda=0.1$ N_x 进行混沌变异的抗体个数 $N_x=10$ $\mu \& X$ 式(11)中的变异控制参数 $\mu=0.01 \& X=10$ $\lambda \& \kappa$ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 $\sigma = 3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f=5$ T 迭代次数 $T=8$ | N | 原始种群中抗体个数 | <i>N</i> = 100 |
| N_e 精英选择的抗体个数 $N_e = 5$ N_c 每代的克隆总数 $N_c = 200$ Λ 式(10)中的放大系数 $\Lambda = 0.1$ N_x 进行混沌变异的抗体个数 $N_x = 10$ $\mu \& X$ 式(11)中的变异控制参数 $\mu = 0.01 \& X = 10$ $\lambda \& \kappa$ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 $\sigma = 3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f = 5$ T 迭代次数 $T = 8$ | n | 进行克隆操作的抗体个数 | <i>n</i> = 20 |
| N_c 每代的克隆总数 $N_c = 200$ Λ 式(10)中的放大系数 $\Lambda = 0.1$ N_x 进行混沌变异的抗体个数 $N_x = 10$ $\mu \& X$ 式(11)中的变异控制参数 $\mu = 0.01 \& X = 10$ $\lambda \& \kappa$ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 $\sigma = 3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f = 5$ T 迭代次数 $T = 8$ | N_e | 精英选择的抗体个数 | $N_e = 5$ |
| Λ 式(10)中的放大系数 $\Lambda = 0.1$ N_x 进行混沌变异的抗体个数 $N_x = 10$ $\mu \& X$ 式(11)中的变异控制参数 $\mu = 0.01 \& X = 10$ $\lambda \& \kappa$ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 $\sigma = 3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f = 5$ T 迭代次数 $T = 8$ | N_c | 每代的克隆总数 | $N_{c} = 200$ |
| N_x 进行混沌变异的抗体个数 $N_x = 10$ $\mu \& X$ 式(11)中的变异控制参数 $\mu = 0.01 \& X = 10$ $\lambda \& \kappa$ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 $\sigma = 3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f = 5$ T 迭代次数 $T = 8$ | Λ | 式(10)中的放大系数 | $\Lambda = 0.1$ |
| μ & X 式(11)中的变异控制参数 μ=0.01 & X = 10 λ & κ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 $\sigma = 3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f = 5$ T 迭代次数 T = 8 | N_x | 进行混沌变异的抗体个数 | $N_{x} = 10$ |
| λ & κ 式(12)中的相似抑制参数 $\lambda = \kappa = 0.01$ σ 式(15)中的调节因子 $\sigma = 3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f = 5$ T 迭代次数 $T = 8$ | μ & Χ | 式(11)中的变异控制参数 | $\mu = 0.01 \& \chi = 10$ |
| σ 式(15)中的调节因子 $\sigma=3$ N_f 重选择的抗体个数 $N_f=5$ T 迭代次数 T=8 | λ&κ | 式(12)中的相似抑制参数 | $\lambda = \kappa = 0.01$ |
| N_f 重选择的抗体个数 $N_f = 5$ T 迭代次数 $T = 8$ | σ | 式(15)中的调节因子 | $\sigma = 3$ |
| T 迭代次数 T=8 | N_f | 重选择的抗体个数 | $N_{f} = 5$ |
| | Т | 迭代次数 | T = 8 |

为了验证提出的改进算法的诸多优良性能,本节选 取了3组经典函数进行仿真,这3组经典函数基本涵盖 了数据可能出现的所有情况。第1组验证函数为连续平 滑函数,其特点为在 *u* = 0.4 附近区域存在陡峭上升斜 坡,函数图像呈阶梯状,具体函数为:

$$f_1(u) = \frac{90}{1 + e^{-100(u-0.4)}}, u \in [0,1]$$
(16)

第2组验证函数为在 $P = [x_j, y_j], j = 1, 2, \dots, 216$ 处不连续的函数,具体函数为:

$$f_2(u) = \begin{cases} \frac{1}{0.01 + (u - 0.3)^2}, & 0 \le u \le 0.6\\ \frac{1}{0.015 + (u - 0.65)^2}, & 0.6 \le u \le 1 \end{cases}$$

(17)

第3组验证函数在u = 0.5处存在尖点,具体函数为:

$$f_{3}(u) = \frac{100}{e^{110u-51}} + \frac{(10u-5)^{2}}{500}, u \in [0,1]$$
(18)

为了验证本文方法的鲁棒性,在上述 3 组函数中均 产生 200 个叠加过噪声的离散数据点,叠加的随机噪声 均服从 N(0,1)的正态分布。仿真计算分别采用 Yoshimoto 等^[14]提出的改进的 GA, Gálvez 等^[15]提出的 ECSA 和本文提出的改进 ECSA 来解决各组离散数据在 B 样条曲线逼近过程中的节点配置问题,从而得到基于 上述 3 种方法的各组数据拟合结果,再通过一系列的结 果对比来验证本文提出算法的优势(为了区别两个 ECSA,这里将文献[15]的算法记 ECSA 1,本文方法记为 ECSA 2)。实验使用的计算机配置为 64 bit 操作系统,因 特尔酷睿 i7 处理器,3.8 GHz 运算速度,8 CB 内存。

图 2 所示为平滑的离散数据拟合情况,其中图 2(a) 所示为当内节点 $\gamma = 4$ 时,基于 ECSA 2 的 $f_1(u)$ 离散数据 的最优4阶B样条逼近曲线,由图2(a)可知,本文方法 同时给出了最优的内节点数量和位置。图 2(b) 所示为 不同内节点数量下3种方法计算的 BIC 值,图中数据均 为30次仿真的平均值。由图2(b)可以看出,采用BIC 准则作为优化解的亲和力度量方法,可以自适应地权衡 拟合质量和计算复杂度,BIC 值越小,拟合质量越高。3 种方法的 BIC 值均先随着内节点数量 γ 增多而减小并在 $\gamma = 4$ 处达到最小,再随着 γ 增多而增大,这表明 $\gamma = 4$ 为 该拟合曲线的最佳内节点数量,且拟合质量不随着计算 复杂度的增加而增大,即最小 BIC 值不仅给出最优的内 节点数量,而且保证最少计算成本。若以残差平方和 e 与均方根误差r作为亲和力度量方法时,上述两值会一 直随着内节点数量的增多而减小,计算时间也会相应的 增加,该现象可以解释为内节点数量的增加生成了更多 的控制顶点,从而提升了拟合曲线的精度,但会导致更复 杂的计算模型、更大计算量甚至过拟合现象。由图 2(b) 所示各方法的 BIC 曲线对比得出,本文方法的 BIC 值始 终低于其他两种方法,数据拟合质量更高。





图 3 所示为有间断点的离散数据拟合情况,其中 图 3(a)所示为当内节点γ=8时,基于 ECSA 2的f₂(u) 离散数据的最优 4 阶 B 样条逼近曲线。由图 3(a)可知, B 样条曲线逼近对于这类问题的解决办法是在断点处设 置与阶数相同的重节点。图 3(b)所示为不同数量下 3 种方法计算的 BIC 值,图中数据均为 30 次仿真的平均 值。由图 3(b)可以看出,当γ=8 时这组离散数据的拟 合质量最高,且采用本文方法对有间断点的离散数据拟 合质量要高于其他两种方法。



Fig.3 Data fitting results for $f_2(u)$

图4 所示为有尖点的离散数据拟合情况,其中图4(a) 所示为当内节点 γ =5 时,基于 ECSA 2 的 $f_3(u)$ 离散数据 的最优4阶 B 样条逼近曲线。由图4(a)可知,B 样条曲 线逼近对于这类问题的解决办法是在尖点处设置与曲线 次数相同的重节点。图4(b)所示为不同内节点数量下 3 种方法计算的 BIC 值,图中数据均为 30次仿真的平均 值。由图4(b)可以看出,当 $P = [x_i, y_j], j = 1, 2, \cdots, 216$ 时这组离散数据的拟合质量最高,且采用本文方法对有 尖点的离散数据拟合质量要高于其他两种方法。



Fig.4 Data fitting results for $f_3(u)$

由于本文方法引入了混沌变异算子,利用混沌的遍 历性和随机性,增强了算法的局部搜索导向,避免早熟现 象的发生。同时提出了基于抗体浓度和亲和力矢量矩来 计算抗体重选择概率的方法,该方法保证了抗体的多样 性,提高了算法的全局搜索能力,模拟免疫系统动态平衡 维持机制,体现免疫系统的亚动力学特点,允许所有抗体 参与竞争存活。这些改进大大增加了 ECSA 的全局收敛 性,大幅降低了其在离散数据 B 样条逼近中的迭代次数, 从而提高了计算效率。表 2 所示为本文方法与可以完成 上述 3 组数据拟合的两种方法的计算效率对比,由对比 结果可以看出,在相同的最优内节点数量下,本文方法迭 代次数更低,计算时间更少。综上所述,本文提出的改进 ECSA 在计算精度和效率上都有所提高。

| 表 2 | 3 种方法 B 样条曲线拟合结果对比表 |
|---------|--|
| Table 2 | The comparison of the B-spline curve fitting |

results for three methods

| 文献 | 方法 | 迭代次数 | 仿真方程 | 计算时间/s | γ |
|--------|--------|------|----------|--------|---|
| | GA | 200 | $f_1(u)$ | 18.23 | 4 |
| 文献[14] | | | $f_2(u)$ | 36.15 | 8 |
| | | | $f_3(u)$ | 29.74 | 5 |
| 文献[15] | ECSA 1 | 100 | $f_1(u)$ | 7.46 | 4 |
| | | | $f_2(u)$ | 12.78 | 8 |
| | | | $f_3(u)$ | 9.52 | 5 |
| 本文 | ECSA 2 | 8 | $f_1(u)$ | 0.64 | 4 |
| | | | $f_2(u)$ | 1.06 | 8 |
| | | | $f_3(u)$ | 0.81 | 5 |

4 实验验证

为了近一步验证本文方法对复杂数据的拟合能力, 本节设计了流量计叶轮的 CMM 检测实验。先利用 CMM 采集流量计叶轮廓形数据,再分别采用仿真验证中的 3 种方法对数据进行 B 样条曲线逼近,并对比分析不同 方法的拟合结果。流量计叶轮检测实验如图 5 所示,该 实验平台由数控系统、测头系统和计算机 3 部分组成。 测量过程中,以叶轮圆心为中心,以固定的间隔角度发出 射线,各条射线与廓形交点即为扫描轨迹,其中叶轮根部 的固定间隔角度为 2°,叶轮尖端的固定间隔角度为 0.5°,来完成流量计叶轮的廓形数据采集。



图 5 流量计叶轮检测实验平台 Fig.5 The experimental platform of flowmeter impeller test

先利用规范积累弦长参数化方法对采集的离散数据 $P = [x_i, y_i], j = 1, 2, \dots, 216$ 进行参数化,再分别采用仿

真验证中的 3 种方法进行 B 样条曲线逼近,其中 B 样条 曲线参数和改进的 ECSA 算法参数均与上文一致。图 6 所示为本文方法得到的叶轮廓形数据的最优 B 样条逼近 曲线,3 种方法的数据拟合结果对比如表 3 所示(表中数 据均为 30 次检测数据拟合结果的平均值)。由表 3 中对 比结果可得,在流量计叶轮廓形数据的拟合精度方面,虽 然 3 种方法计算出了相同的最佳内节点数量,但由于各 自方法得到的内节点位置不同,导致最终的 BIC 值不同, 本文方法的 BIC 值最小,内节点位置最佳,拟合精度最 高、迭代次数更低,计算时间更少,拟合效率更高。





Fig.6 The optimal B-spline approximation curve for flowmeter impeller profile data based on ECSA 2

表 3 3 种方法 B 样条曲线拟合结果对比 Table 3 The comparison of the B-spline curve fitting results for three methods

| 文献 | 方法 | 迭代 | BIC 值 | 时间/s | γ |
|--------|-------|--------|---------|--------|----|
| 文献[14] | GA | GI,200 | -81.72 | 231.47 | 48 |
| 文献[15] | ECSA1 | GI,100 | -197.29 | 77.76 | 48 |
| 本文 | ECSA2 | GI,8 | -388.56 | 6.21 | 48 |

5 结 论

本文应用 B 样条曲线逼近技术来完成数据的拟合工 作,并提出了一种改进的 ECSA 来解决 B 样条曲线逼近 过程中的具有连续的多目标多变量非线性特点的节点配 置问题。通过引入精英选择操作、混沌变异算子、基于抗 体浓度和抗原亲和力矢量矩的抗体重选择策略,提高了 算法的求解效率和解的质量,增强了算法的局部搜索导 向和逃逸导向,避免早熟现象发生,同时又保持了抗体的 多样性,提升了算法的全局搜索能力,从而大幅降低了数 据在 B 样条逼近中的迭代次数,显著提高了计算效率,并 且在一定程度上提升了数据的拟合精度。仿真和实验结 果表明,改进后的算法不仅可以实现对存在连续、不连 续、尖点等特征的含噪复杂数据自动 B 样条曲线拟合,而 且相比于现有智能算法具有更好的全局收敛性。

参考文献

- [1] 赵昆越,田汉民,郭丹,等.基于特征点检测的接触 角自动测量方法[J].电子测量与仪器学报,2018, 32(11):147-153.
 ZHAO K Y, TIAN H M, GUO D, et al. Automatic contact angle measurement method based on feature point detection [J]. Journal of Electronic Measurement and Instrumentation, 2018, 32(11):147-153.
- [2] 张海燕, 文翔, 臧怀娟, 等. 基于 3DMM 的人脸姿态 校正算法[J]. 电子测量与仪器学报, 2019, 33(7): 99-105.

ZHANG H Y, WEN X, ZANG H J, et al. Face pose correction algorithm based on 3DMM [J]. Journal of Electronic Measurement and Instrumentation, 2019, 33(7): 99-105.

- [3] LIU C, LIU W B, XING W W. An improved edge-based level set method combing local regional fitting information for noisy image segmentation [J]. Signal Processing, 2017(130): 12-21.
- [4] 董祉序,孙兴伟,刘伟军,等.基于激光位移传感器的自由曲面精密测量方法[J].仪器仪表学报,2018, 39(12):30-38.

DONG ZH X, SUN X W, LIU W J, et al. Precision measurement method of free-form curved surfaces based on laser displacement sensor [J]. Chinese Journal of Scientific Instrument, 2018, 39(12): 30-38.

- [5] 邱伟,唐求,刘旭明,等.基于 MBBS 的电能计量设备 故障率预估[J]. 仪器仪表学报,2019,40(1):43-51.
 QIU W, TANG Q, LIU X M, et al. Failure rate estimation of power metering equipment based on multilayered Bayesian B-spline method [J]. Chinese Journal of Scientific Instrument, 2019, 40(1):43-51.
- [6] JAVIDRAD F, POURMOAYED A R. Contour curve reconstruction from cloud data for rapid prototyping [J]. Robotics and Computer-Integrated Manufacturing, 2011, 27: 397-404.
- GROVE O, RAJAB K, PIEGL L A, et al. From CT to NURBS: contour fitting with B-spline curves [J].
 Computer-Aided Design and Applications, 2011, 8(1): 3-21.

- [8] AGUILAR E, ELIZALDE H, CARDENAS D, et al. An adaptive curvature guided approach for the knot placement problem in fitted splines [J]. Journal of Computing and Information Science in Engineering, 2018, 18 (4): 041013.
- [9] LU L Z, ZHAO S Q. High-quality point sampling for Bspline fitting of parametric curves with feature recognition [J]. Journal of Computational and Applied Mathematics, 2019, 345: 286-294.
- [10] YUAN Y, CHEN N, ZHOU S Y. Adaptive B-spline knot selection using multi-resolution basis set [J]. Iie Transactions, 2013, 45(12): 1263-1277.
- [11] UYAR K, ÜLKER E. B-spline curve fitting with invasive weed optimization [J]. Applied Mathematical Modelling, 2017, 52: 320-340.
- [12] LKER E, ARSLAN A. Automatic knot adjustment using an artificial immune system for B-spline curve approximation [J]. Information Sciences, 2009, 179(10): 1483-1494.
- [13] GÁLVEZ A, IGLESIAS A. Firefly algorithm for explicit B-spline curve fitting to data points [J]. Mathematical Problems in Engineering, 2013: 528215.
- YOSHIMOTO F, HARADA T, YOSHIMOTO Y. Data fitting with a spline a real-coded genetic algorithm [J]. Computer-Aided Design, 2003, 35(8): 751-760.
- [15] GÁLVEZ A, IGLESIAS A. Elitist clonal selection algorithm for optimal choice of free knots in B-spline data fitting [J]. Computer-Aided Design, 2015, 26: 90-106.

作者简介



董祉序,分别于 2011 年和 2017 年在沈 阳工业大学获得学士学位和博士学位。现 为沈阳工业大学博士后,主要研究方向为复 杂曲面数控制造技术与装备、智能检测及信 号处理。

E-mail: dong_zhixu@126.com

Dong Zhixu received his B. Sc. and Ph. D. degrees both from Shenyang University of Technology in 2011 and 2017, respectively. Now, he is a postdoctor in Shenyang University of Technology. His main research interests include NC manufacture technology and equipment of complex surface, smart test and signal processing.



孙兴伟(通信作者),分别于 1992 年和 1995 年在沈阳工业大学获得学士和硕士学 位,于 2006 年在天津大学获得工学博士学 位。现为沈阳工业大学机械工程学院教授, 博士生导师,主要研究方向为复杂曲面测量 与数控加工轨迹优化、数控技术与专用集成

数控系统、CAD/CAM/CAE 技术等。

E-mail: sunxingw@126.com

Sun Xingwei (Corresponding author) received her B. Sc. and M. Sc. degree both from Shenyang University of Technology in 1992 and 1995, respectively, and received her Ph. D. degree in 2006 from Tianjin University. Now, she is a professor and doctoral supervisor in School of Mechanical Engineering, Shenyang University of Technology. Her main research interests include complex surface measurement and NC machining trajectory optimization, CNC technology and dedicated integrated CNC system, and CAD/CAM/CAE technology.