

对象族拓扑约束求解的研究

孙立镬, 马爱玲

SUN Li-quan, MA Ai-ling

哈尔滨理工大学 计算机科学与技术学院, 哈尔滨 150080

College of Computer Science & Technology, Harbin University Science Technology, Harbin 150080, China

E-mail: meailing@163.com

SUN Li-quan, MA Ai-ling. Study of topological constraints solving for families of objects. Computer Engineering and Applications, 2008, 44(35): 43-45.

Abstract: According to the limitation of the current families of objects modeling system's constraint resolution mechanism for topological constraints. This paper presents a new technique that solves topological constraints. The system of topological constraints is mapped to a Boolean constraint satisfaction problem. The topological constraints is solved by solving this problem using a SAT solver. The study on the solving topological constraints is a new, interesting development in CAD and has great significance.

Key words: families of objects; topological constraints; boolean constraints

摘要: 针对当前对象族模型在求解拓扑约束时存在的缺陷, 提出一种求解拓扑约束的新方法, 这种方法在求解拓扑约束时, 把拓扑约束映射为布尔约束满足问题, 通过用 SAT 求解器求解布尔约束来求解拓扑约束。实践证明, 该方法不仅直接关联与拓扑约束指定的特征的语义, 而且当模型中存在大量相交的特征时也是可行的, 提高了拓扑约束求解的效率。

关键词: 对象族; 拓扑约束; 布尔约束

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2008.35.013 文章编号: 1002-8331(2008)35-0043-03 文献标识码: A 中图分类号: TP391

1 引言

在参数模型系统^[1]中, 一旦一个对象被创建, 用户可以通过改变对象中参数的值得到不同的对象, 这一系列不同的对象称为对象族^[2], 对象族表示了有“相似”形状的一系列对象, 它是基于语义特征模型^[3]来进行定义的。语义特征模型的几何表示是细胞元模型^[4-5], 通过特征的依赖性分析来确定细胞元模型中 cells 是否包含材料, 但是当模型中存在相互独立的特征或者是具有相互冲突的特性时, 依赖性分析就不能明确的确定哪一个 cell 应该包含材料。提出求解拓扑约束^[6-7]的一种新方法, 这种方法不仅克服了以上缺点, 而且当模型中存在大量相交的特征时, 对拓扑约束的求解依然能够进行且能维护对象族的语义。

2 基于语义特征模型的对象族模型

2.1 语义特征模型

语义特征造型系统中的语义特征是一种包含工程含义的几何外形, 是一种封装了各种属性和性能的功能要素, 其中包含几何信息, 有效性约束条件和特征模型接口。

在语义特征模型中, 特征的定义和模型的维护被分别处理。特征的所有属性, 包括几何参数和有效性条件, 都是通过约

束来定义的。这种方式的优点是约束的类型和顺序以及模型编辑和维护的自由度都很大。在语义特征模型中, 每一个特征都有一个明确的意义, 即语义, 这是在特征类中来定义的。特征类是对一个给定的特征类型的结构化描述, 为这个特征类的所有实例定义了一个模板。特征类的属性包含了所有这个类型的特征实例都必须满足的有效性约束条件。这些条件和特征的几何体以及参数, 都是用一系列的约束来定义的。在语义特征模型中, 用户可以定义他们自己的特征类, 可以通过继承已经存在的特征类再加入一些约束来构成新的特征类。特征类存储在特征类库中, 在构造模型时, 这些特征类被实例化。

2.2 细胞元模型

细胞元模型是语义特征模型的几何表示。细胞元模型将实体描述成不完全分离的细胞元的相关集, 每个细胞元要么完全在形状特征的内部, 要么完全在其外部。在生物学中, 细胞有一个很重要的特性就是细胞的分裂。在细胞元模型中, 细胞元的分裂是由特征相交驱动的。对于两个相交的特征, 相交部分就形成了一个细胞元, 并且它同时位于两个形状特征中, 而另一部分细胞元则位于其中的某一个形状特征内。这种特性使得两个细胞元无法重叠, 从而使问题得到简化。当然两个细胞

作者简介: 国家自然科学基金(the National Natural Science Foundation of China under Grant No.60173055)。

作者简介: 孙立镬(1944-), 男, 教授, 博士生导师, 主要研究方向: 计算机图形学与 CAD、语义特征造型; 马爱玲(1983-), 女, 硕士研究生, 主要研究方向: 语义特征造型、细胞元模型约束求解。

收稿日期: 2008-05-26 修回日期: 2008-08-11

元可以相邻,并且是由一个拓扑面来分隔。这样的拓扑面逻辑上可以认为它有双面性,两个面属于不同的细胞元。通常情况下,位于细胞元边界上的拓扑面仅有一个细胞面。在任一情况下,每个细胞面属于一个且仅属于一个细胞元。每一个几何形状元素(比如面)都是由一组相连的细胞元素(比如细胞面)来表示的。在细胞元级上,每一个特征实体都由一个直接的细胞元表示。为了能够在细胞模型中搜索和分析特征以及它们的细胞面,每一个细胞都有一个称为所有者列表(owner list)的属性。所有者列表记录了这个细胞属于哪些形状特征。类似的,每一个细胞元元素也有一个所有者列表,用来记录它属于哪些形状元素。

2.3 自定义特征类

一个特征类定义了一个规则形状,约束和一个用户接口。一个特征的规则形状用一个被称为特征细胞元模型(CM)的规则细胞模型来表示。在特征CM中只给出了几何实体的类型和实体之间的拓扑关系,几何约束用来约束几何实体之间固定的联系,确定了实体之间相对的位置和方向。拓扑约束指定了必须被维护的特征的拓扑性质。

2.4 基于语义特征模型定义对象族模型

假设一个模型中有 n 个特征和 k 个模型约束,则模型参数:

$$PM = \{p_1, p_2, \dots, p_m\} = \bigcup_{i=1}^n PF_i \cup \bigcup_{i=1}^k PC_i$$

每一个序列 P , 有 m 个数值指定给模型参数 $p_j, j=1, 2, \dots,$

m , 这个序列在参数空间 R^m 中定义了一个点,这个序列完全定义了所有特征的形状和位置。则语义特征模型可以定义为 $m = \langle F, C, P \rangle$, 其中 F 是一系列带有特征约束的相互关联的特征实例。 C 是对特征 F 的模型约束。 P 是一个为每一个模型参数都指定数值的数值序列,这个序列完全指定了 F 的所有特征实例的几何实体。则基于语义特征模型 $m = \langle F, C, P \rangle$ 定义的对象族模型是一系列模型:

$$Z = \{m' : m' = \langle F, C, P' \rangle \text{ 是一个有效模型}, P' \in R^m\}$$

在对象族模型中,模型的几何表示是细胞元模型,细胞元模型表示了拓扑实体(如面,边,顶点和 cells)和这些实体之间的关联关系,用 cell 表示占有有一定体积的拓扑实体。所有的 cells 都是不重叠的,每个 cell 要么完全在形状特征的内部,要么完全在其外部或者是位于几个形状特征的相交部分。cell 的性质确定了这个 cell 是否包含材料,确定 cell 是否包含材料是通过寻找模型的 realisation 来实现的,realisation 是一个为每一个 cell 指定数值的细胞元模型,这个数值指定了 cell 是否包含材料。寻找模型的 realisation 首先求解模型中的几何约束,从几何约束求解方案中,一个组合细胞元模型(CM)被构建,再求解模型中的拓扑约束。系统的每一个求解方案就是模型的一个 realisation,如图 1 所示。

当所有的几何约束都求解之后,所有特征实体的几何信息就能确定下来,则特征实体就合并到组合 CM 中,如果添加的特征实体和已经在组合 CM 中的特征相交,则相交的特征实体就会分割为不相交的特征实体。在组合 CM 中的每一个实体,都有一个相应的实体物主列表,这个物主列表能够使对特征的拓扑约束映射为对组合 CM 中的 cells 的布尔约束。在组合 CM 中的每一个 cell,都有一个布尔变量表示了 cell

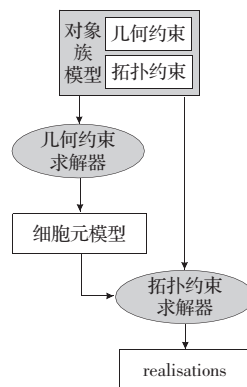


图1 求解过程示意图

是否包含材料。

3 影射拓扑约束为布尔约束

把组合 CM 中的每一个 cell 都映射为一个布尔变量,如果这个变量是 TRUE,则相应的 cell 就包含材料,如果是 FALSE,则相应的 cell 不包含材料。一个布尔约束以一系列布尔变量为基础,布尔约束可以表示成布尔函数 $p(v_1, v_2, \dots, v_k), v_1, v_2, \dots, v_k$ 是布尔变量,如果 p 为 TRUE,则布尔约束就能得到满足,如是 FALSE,则约束就不能得到满足。

针对 NATURE 约束的映射机制是,对每一个 cell c , 首先确定 c 的物主列表中的所有特征 F , 分析特征序列 F 之间的依赖性,产生主特征序列 D , 主特征也就是在特征 F 中没有其它特征依赖于它的特征。对主特征的 NATURE 约束优于对其它特征的 NATURE 约束,设 N 为 D 中特征的 NATURE 约束的数值 (ADDITIVE 或是 SUBRACTIVE)。如果 N 只包含 ADDITIVE, 则 cell 应该包含材料,则映射布尔约束为 $c = \text{TRUE}$, 如果 N 只包含 SUBRACTIVE, 则 cell 不包含材料, 则映射为 $c = \text{FALSE}$, 如果 N 不包含任何数值或两个数值都包含,则这时对 c 没有任何约束。

COMPLETELYONBOUNDARY(f)约束指定了面 f 必须在模型的边界上, 由于 realisation 只能指定 cells 是否包含材料, 所以面必须用 cells 来表示, 首先确定在细胞元模型中与 f 交迭的细胞面:

$$G = \{g_1, \dots, g_k\}$$

每一个细胞面都有两个相邻的细胞元 c_i^a 和 c_i^b , 细胞面 g_i 在边界上当且仅当只有一个相邻的细胞元含有材料。满足约束 COMPLETELYONBOUNDARY(f), 所有的细胞面都必须在边界上, 所以布尔约束为:

$$\text{COMPLETELYONBOUNDARY}(f) = \bigcap_{i=1}^k ((c_i^a \cap c_i^b) \cap \neg (c_i^a \cap c_i^b))$$

如图 2(a)所示, 一个 blind hole 特征穿过一个 base block 特征, 进入到 protrusion 特征, blind hole 的语义要求 blind hole 的底面必须在模型的边界上, 为 COMPLETELYONBOUNDARY 约束, 图(b)“+”表示相应的 cell 包含材料, “-”表示相应的 cell 不包含材料, “?”在通过 NATURE 约束后不能确定 cell 是否包含材料, 所以要用 COMPLETELYONBOUNDARY 约束来求解 cell 是否包含材料, 由于 blind hole 的底面必须在模型的边界上, 所以相应的 cell 不包含材料。

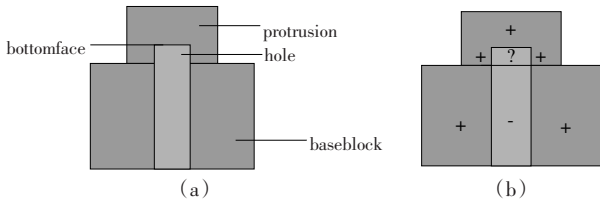


图2 实体模型及细胞元模型

交互约束把特征视为一个整体, 包括分裂交互(Splitting interaction), 断开交互(Disconnection interaction), 阻碍交互(Obstruction interaction), 吸收交互(Absorption interaction)等。

满足对特征 F 的阻碍交互约束, 所有物主列表中有特征 F 的细胞元 c_1, \dots, c_k , 应该不包含材料, 即:

$$NOOBSTRUCTION(F) = \bigcap_{i=1}^k c_i \neg$$

满足对特征 F 的吸收交互约束, 如果特征的任意一个面 f_1, \dots, f_k 最少部分在模型的边界上, 即:

$$NOABSORPTION(F) = \bigcup_{i=1}^k PARTIALLYONBOUNDARY(f_i)$$

图 $G=(V, E)$ 的约束 $TRUECONNECTED(G)$, 其中 $V=\{v_1, \dots, v_n\}$ 是一系列布尔变量, E 是图中的边, 表示了两个相邻变量。 $TRUECONNECTED(G)=TRUE$ 当且仅当在图中是 $TRUE$ 的变量之间都有边相关联。它是基于简单的遗传算法, 首先, 一个单一的是 $TRUE$ 的变量被标记, 标记被遗传到其它相邻的是 $TRUE$ 的变量上, 当所有的是 $TRUE$ 的变量都被标记时, 则这个图是 $TRUECONNECTED$ 的, 当还有一部分是 $TRUE$ 的变量没有被标记时, 则图就不是 $TRUECONNECTED$ 的, 如图 3 所示。

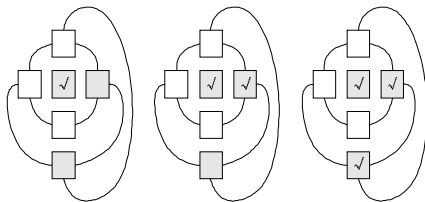


图3 简单的遗传算法例图

每一个 $v_i \in V$, 定义一个标记变量 $m_i, t, t \in N$ 是反复的次数, 当且仅当 m_i, t 是 $TRUE$ 时, 变量 v_i 被标记为反复次数 t , 则 $m_i, t = v_i \cap \cup \{m_j, t-1 | v_j \in Adj(v_i)\}$, 其中 $m_i, 0 = \cap \{v_j | j < i\}$, 则:

$$TRUECONNECTED(G) = \bigcap_{i=1}^n \{v_i = m_i, T\}, T = |V|$$

满足对特征 F 的分割交互约束, 在物主列表中有特征 F 的所有的细胞面和所有在模型边界上的细胞面必须连接起来, 在物主列表中有 F 的所有的细胞面 g_1, \dots, g_k , 定义一个变量 $v_i = ONBOUNDARY(g_i), i=1, \dots, k$, 构建图 $Gob=(V, E), V=\{v_1, \dots, v_k\}$, 边 E 表示了细胞面的相邻, 则:

$$NOSPLITTING(F) = TRUECONNECTED(Gob)$$

断开交互使模型中的正特征的体积或是体积的一部分与模型断开, 也就是说特征 F 的所有的含有材料的细胞元都必须和模型中其他的细胞元相连接, 构建一个图 $Gadj$ 包含变量 V_F , 这个变量表示了物主列表中有特征 F 的所有的细胞元, 正变量 V_{adj} 表示了和 V_F 相邻的细胞元, 每对相邻的细胞元

之间都有边相连, 模型的其他部分用一个单一的变量 V_{model} 表示, 则:

$$NODISCONNECT(F) = TRUECONNECTED(Gadj)$$

4 布尔约束求解

给定一组布尔变量 $V=\{v_1, \dots, v_n\}$ 和 m 个拓扑约束 $C=\{c_1, \dots, c_m\}$, 为每一个 $v_i \in V$ 找到一个分配: $v_i = \{xi, xi \in \{TRUE, FALSE\}\}$ 使约束 C 得到满足, 这是布尔约束满足问题, 也就是 SAT 问题。用 MINISAT 求解器求解布尔约束问题, 这个求解器是专门求解合取范式的, 利用布尔算子 AND, OR 和 NOT 把拓扑约束表达为表示式, 这个已在前面有所介绍。一个布尔表达式子句 (clause) 是一系列变量, 例如子句 $\{l_1, l_2, \dots, l_j\}$ 解释成 $l_1 \cup l_2 \cup \dots \cup l_j$, 子句 $\{c_1, c_2, \dots, c_k\}$ 解释成 $c_1 \cup c_2 \cup \dots \cup c_k$ 。如果一个布尔表达式包含子表达式, 则用一个变量来代替这个子表达式。例如 $a \cup (b \cap c)$, 则用 x 代替 $b \cap c$, 则表达式就简化为 $a \cup x$ 。最后把布尔表达式转换成合取范式, 首先把 $x = b \cap c$ 表示成合取范式:

$$(b \cup c \cup \neg x) \cap (b \cup \neg c \cup \neg x) \cap (\neg b \cup c \cup \neg x) \cap (\neg b \cup \neg c \cup x)$$

则完整的合取范式子句 (clauses) 为:

$$(a, x), (b, c, \neg x), (b, \neg c, \neg x), (\neg b, c, \neg x), (\neg b, \neg c, x)$$

然后用专门求解合取范式的 MINISAT 求解器进行求解。

如图 4 所示, m 个 holes 和 n 个 protrusions 相交, holes 特征和 protrusions 特征都依赖于 base block, 但是它们是相互独立的, 所以 holes 和 protrusions 相交的 cells 的数值不能由依赖性分析得到, 但是每一个 holes 都有拓扑约束, 例如不能被分割的约束。表 1 给出了不同数值的 $m+n$, 细胞元模型中 cells 的数值和在约束系统中合取范式子句的个数, 以及求解的时间以毫秒为单位。图 5 描述了相对于模型中 cells 数量的求解时间。

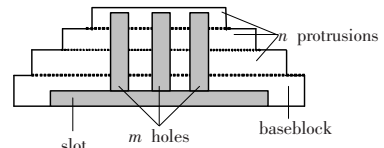


图4 模型图

表1 测试结果表

$m+n$	cells	clauses	time/ms
10+10	256	1 457	3.91
21+21	996	5 802	11.80
28+28	1 717	10 079	23.20
31+31	2 086	12 272	28.80
37+37	2 932	17 306	41.20
44+44	4 101	24 271	64.60
53+53	5 892	34 954	91.10
59+59	7 266	43 156	144.10

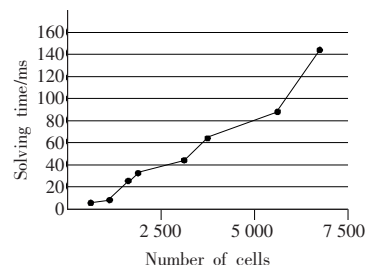


图5 基于图4模型中细胞个数及求解时间