

# Planeación asistida por computadora del proceso tecnológico de ensamble.

**L. L. Tomás García, R. L. Ávila Rondón.**

Centro de Estudios CAD/CAM, Facultad de Ingeniería, Universidad de Holguín  
Av. XX Aniversario s/n. Piedra Blanca. Holguín. GP 57, P 80100. Cuba  
Tel. 5324 482678 Fax: 53 24 46 80 50  
thomas@cadcam.uho.edu.cu, ricardo@cadcam.uho.edu.cu

(Recibido el 5 de octubre de 2007; aceptado el 22 de diciembre de 2007)

## Resumen

El presente trabajo está dedicado a la optimización bajo criterios múltiples de la planificación de procesos de ensamble mecánico a partir de su modelo geométrico tridimensional. Se soporta sobre un enfoque que integra tanto información geométrica como restricciones tecnológicas del proceso de ensamble. En el desarrollo de la misma quedó demostrado, que una vez conocido el modelo geométrico tridimensional de un ensamble, la aplicación de criterios tecnológicos y geométricos al proceso inverso de desensamble y su posterior tratamiento con métodos evolutivos, genera planes de ensamble mecánico próximos a los óptimos de acuerdo al sistema de preferencias del decisor. La integración de la información permite disminuir el número de secuencias a evaluar y de elementos a procesar, con lo que se evita la generación y evaluación de todas las secuencias posibles con la consecuente disminución del tiempo de procesamiento. Como resultado de la aplicación del modelo integrado propuesto, se obtiene la planificación del proceso de ensamble mecánico con una reducción del tiempo de ensamble debido a que en las secuencias obtenidas se reduce el número de cambios de dirección de ensamble, los cambios de herramientas y de puestos de trabajo, así como se minimiza la distancia a recorrer debido al cambio de puestos de trabajo. Esto se logra mediante un modelo de optimización multiobjetivo basado en algoritmos genéticos.

**Palabras claves:** Ensamble mecánico, algoritmos genéticos, optimización multiobjetivo.

## 1. Introducción.

En la mayoría de los diseños mecánicos, su resultado consiste en un conjunto de piezas agrupadas en un ensamble. Muchos investigadores como Baldwin (1997), Gottipolu (1997), Latombe (1995), Romney (1995), se dedican a determinar las secuencias de ensamble-desensamble. Laperriere (1996), Boothroyd (1992) y Lu (2006) por su parte, solo se dedican a evaluar las secuencias. Este último autor presenta un método para evaluar las secuencias de ensamble en cuanto a su capacidad relativa a ser ensamblada. Solo Kanai (1996) y Yin (2004) se dedican a determinar y evaluar las secuencias, pero este último lo hace mediante la interacción y el conocimiento de un experto. Todos ellos basan sus trabajos en datos y restricciones geométricas, lo que trae consigo grandes inconvenientes.

Para disminuir la complejidad del algoritmo de desensamble, el enfoque de Rajneri (2001) es similar al enfoque de Mascle (1994) y se basa en información tecnológica asociada a la geometría de los componentes. La información tecnológica y geométrica se toma en

consideración para crear asociaciones de componentes similares o que se extraigan al mismo tiempo, con lo que se reduce de forma efectiva el número de componentes y de secuencias a procesar.

La optimización de un problema combinatorio y de generación de secuencias por métodos clásicos de optimización es altamente complejo debido al número de variables y restricciones a tener en cuenta. Un intento de solución del problema anterior linearizado por métodos clásicos de optimización lo realizó Chakrabarty (1995). Luego de varios intentos, el algoritmo no lograba converger hacia ninguna solución. Basados en esta experiencia y lo reportado por otros autores (Kikuchi, 1993) con problemas similares, los autores no continuaron haciendo más intentos para la solución de este problema por métodos clásicos de optimización.

En los últimos años, más de 20 nuevas técnicas de programación matemática han sido desarrolladas para tratar la optimización multiobjetivo. El centro principal de estos enfoques radica en producir una compensación simple basada en alguna noción de optimización, en lugar de producir varias alternativas posibles de las

cuales el ingeniero pueda escoger (Coello, 1997). Por ésta razón, es muy importante desarrollar nuevos procedimientos que simultáneamente satisfagan los dos objetivos contrastantes de mantener todas las secuencias válidas y reducir el tiempo computacional a valores aceptables.

El empleo de algoritmos genéticos en el tratamiento de este problema condujo a mejores resultados. En uno de los primeros estudios (Bonneville, 1995) la población inicial de cromosomas se establece a partir de secuencias de ensamble válidas propuestas por un ingeniero, que las detecta basado en su experiencia. Otros sistemas (Dini, 1999) por el contrario comienzan con una población inicial aleatoriamente generada y explota una función de ajuste apropiada, la cual toma en consideración simultáneamente restricciones geométricas.

Los sistemas anteriores tienen como deficiencia común que la selección de secuencias se hace sólo sobre la base de criterios de factibilidad geométrica. Esto trae, entre otros inconvenientes, que las secuencias de ensamble encontradas, pueden tener problemas de interferencia de las piezas con las herramientas, al no tenerlas en cuenta a la hora de ensamblar el artículo. Lo anterior también provoca que el espacio de búsqueda sea mayor que el necesario, al incluir secuencias no factibles tecnológicamente. Por otro lado, (Lazzerini et al, 2000) logran generar y evaluar la planificación del proceso de ensamble, pero la función de aptitud tiene en cuenta solo tres criterios de optimización que compiten entre sí y la planificación resultante se deriva del valor asignado a cada criterio mediante la experimentación.

En los últimos años, el empleo de los Algoritmos Genéticos para la planificación del proceso de ensamble no solo encuentra el óptimo o una solución muy cercana al óptimo, sino que esta es alcanzada con alta eficiencia. Es por ello que los Algoritmos Genéticos son un enfoque aceptado en la solución del problema de la generación y optimización multiobjetivo de secuencias de ensamble mecánico.

## 2. Optimización de secuencias de ensamble.

El problema de la generación y la optimización de secuencias de ensamble tiene la característica de ser un problema combinatorio. La optimización de problemas combinatorios consiste en encontrar, para variables discretas, los valores de solución óptimos con respecto a una función objetivo dada.

El problema general de optimización de secuencias de ensamble de un artículo compuesto por  $n$  elementos se ha expresado como:

$$\Pi = (S, Z, \Omega), \quad (1)$$

$$\min Z = \sum_{i=1}^p w_T T_{Es_i} + w_D D_{s_i} + w_Q \frac{1}{1 + Q_{s_i}}, \quad (2)$$

$$T_{Es_i} = \sum_{j=1}^n (T_{Fs_{ij}} + T_{Hs_{ij}} + T_{Ps_{ij}} + T_{Os_{ij}} + T_{es_{ij}}) \quad (3)$$

$$i = 1, \dots, p$$

$$D_{s_i} = \sum_{k=1}^{n-1} \text{distancia}(s_{t_{ik}}, s_{t_{ik+1}}), \quad i = 1, \dots, p \quad (4)$$

$$Q_{s_i} = \sum_{l=1}^{n-1} q_{s_{il} s_{il+1}}, \quad i = 1, \dots, p \quad (5)$$

$$q_{uv} = \begin{cases} 1, & \text{si existe relacion funcional} \\ & \text{entre el componente } u \text{ y } v. \\ 0, & \text{en caso contrario} \end{cases}$$

Donde:

$S$  : Grupo que contiene las  $n!$  soluciones candidatas.

$p$  : Total de secuencias solución válidas en el conjunto

$\tilde{S}$ .

$T_{Es_i}$  : Tiempo total de ensamble de la secuencia  $s_i$  en segundos.

$D_{s_i}$  : Distancia de ensamble de la secuencia  $s_i$  en metros.

$Q_{s_i}$  : Capacidad de comprobación de la calidad en la secuencia  $s_i$ .

$T_{Es_i}$  : Tiempo total de ensamble del artículo por la secuencia  $s_i$ .

$T_{Fs_{ij}}$  : Tiempo de fijación para ensamblar el elemento  $j$  de la secuencia  $s_i$ .

$T_{Hs_{ij}}$  : Tiempo de cambio de herramienta para ensamblar el elemento  $j$  de la secuencia  $s_i$ .

$T_{Ps_{ij}}$  : Tiempo de cambio de puesto de trabajo al ensamblar el elemento  $j$  de la secuencia  $s_i$ .

$T_{Os_{ij}}$  : Tiempo de cambio de orientación para ensamblar el elemento  $j$  de la secuencia  $s_i$ .

$T_{es_{ij}}$  : Otros tiempos principales y auxiliares para

ensamblar el elemento  $j$  de la secuencia  $s_i$ .

$s_{i,k}$  : Puesto de trabajo del componente  $k$  de la secuencia  $s_i$ .

$s_{i,l}$  : Componente  $l$  de la secuencia  $s_i$ .  $w_T, w_D, w_Q$  : coeficientes de peso que reflejan la importancia concedida por el decisor a los indicadores  $T, D$  y  $Q$ , respectivamente

Tal que:

$$s^* \in \tilde{S}, Z(s^*) \leq Z(s) \quad \forall s \in \tilde{S}, \quad 1 \leq p \leq n!,$$

$$q_{uv} \in \{0,1\}, \quad u = 1, \dots, n-1 \quad v = 1, \dots, n-1.$$

La optimización de este problema combinatorio de generación de secuencias por métodos clásicos de optimización es altamente complejo debido al número de variables y restricciones a tener en cuenta, por lo que la solución de este problema por métodos clásicos de optimización es impracticable. La optimización mediante Algoritmos Genéticos requiere de definir varios aspectos propios del método de solución como son: una codificación de cromosomas que represente soluciones al problema, una función de aptitud para evaluar los individuos de la población de soluciones, operadores de selección, cruzamiento y mutación, así como parámetros que regulan y rigen el funcionamiento del método de solución como son: el tamaño de la población, probabilidad de cruzamiento, probabilidad de mutación, número de generaciones, entre otros.

### 2.1 Codificación de los cromosomas.

Esta codificación queda ilustrada en la figura 1 y se consideran las 4 secciones siguientes:

- Sección 1: contiene la secuencia de ensamble de los componentes.
- Sección 2: contiene la secuencia de las direcciones a lo largo de las cuales se realiza el ensamble.
- Sección 3: contiene la secuencia de herramientas usadas para ensamblar y manipular los componentes del ensamble.
- Sección 4: contiene la secuencia de puestos de trabajo que se utilizan para ensamblar los componentes.

Se puede observar que la posición de los genes en cada sección está estrictamente relacionada con cada una de las demás. En otras palabras, en cada sección el  $k$ -ésimo gen representa: el código del componente ( $g_{k,1}$ ), la dirección de ensamble ( $g_{k,2}$ ), la herramienta usada para ensamblar y/o manipular el componente ( $g_{k,3}$ ) y por último el puesto de trabajo que se utiliza para ensamblar el componente ( $g_{k,4}$ ) en la  $k$ -ésima operación de ensamble respectivamente.

### 2.2. Evaluación, Cruzamiento Y mutación de los cromosomas.

La aptitud de cada individuo se evalúa sobre la base de los siguientes aspectos: factibilidad de la secuencia, orientación de los objetos, cambio de herramientas, presencia de operaciones de ensamble consecutivas y similares, comprobación funcional de lo que está ensamblado hasta ese momento, así como el cambio de puesto de trabajo donde se realiza la operación y la distancia recorrida durante estos cambios. Cada uno de estos aspectos se evalúa numéricamente por puntos, a través de la variable ( $Sc_i$ ), y los mismos se calculan como una función de la posición dentro de cada una de las secciones del cromosoma respectivamente.

La factibilidad de las secuencias se "mide" por las puntuaciones  $Sc_1, Sc_2$  y  $Sc_3$ . La puntuación  $Sc_1$  toma en consideración los aspectos tecnológicos y geométricos del producto y se obtiene al contar, dentro de la sección 1 y 2 del cromosoma, el número máximo de componentes consecutivos y las direcciones de ensamble relativas posicionadas correctamente en la secuencia. Cuan correcta es cada posición, se verifica al usar la información contenida en las relaciones geométricas y conexiones entre componentes almacenadas en el modelo. La puntuación  $Sc_2$  considera el uso correcto de herramientas para el ensamble; y se obtiene al contar, dentro de la sección 3 del cromosoma el número máximo de herramientas correctamente posicionadas consecutivamente en la secuencia. Por último la puntuación  $Sc_3$  considera el uso correcto de puestos de trabajo para esa secuencia de ensamble; y es obtenido al contar, dentro de la sección 4 del cromosoma, el número máximo de puestos de trabajo correctamente posicionados consecutivamente en la secuencia.

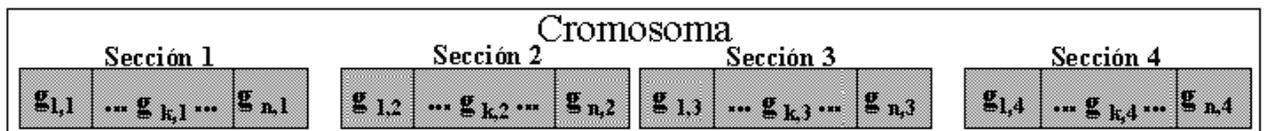


Fig. 1 Codificación del cromosoma.

En el modelo genético propuesto, mediante la función de aptitud ( $F$ ), se minimiza la ecuación (2). En el modelo genético propuesto se minimiza la ecuación 2, mediante la función de aptitud ( $F$ ). Al hacerse máxima la función de aptitud, también se hace mínima la ecuación 2. El tiempo de fijación ( $T_{Fs_{ij}}$ ), de cambio de herramienta ( $T_{Hs_{ij}}$ ), de cambio de puesto de trabajo ( $T_{Ps_{ij}}$ ) y el tiempo de cambio de orientación ( $T_{Os_{ij}}$ ) se minimizan al hacer máximas las puntuaciones  $Sc_4$ ,  $Sc_5$ ,  $Sc_6$  y  $Sc_9$  de la función de aptitud.

La minimización del cambio de orientación de los objetos, cambio de herramienta y cambio de puesto de trabajo, se evalúan por la puntuación  $Sc_4$ ,  $Sc_5$  y  $Sc_6$  respectivamente y se obtienen por las expresiones:

$$Sc_4 = n - n_d - 1$$

$$Sc_5 = n - n_h - 1$$

$$Sc_6 = n - n_w - 1$$

Donde:

$n$ : es el número de componentes de la secuencia.

$n_d$ : representa el número de cambios de dirección de ensamble en la sección 2 del cromosoma.

$n_h$ : representa el número de cambios de herramienta que ocurren en la sección 3 del cromosoma.

$n_w$ : representa el número de cambios de puestos de trabajo ocurridos en la sección 4 del cromosoma.

Por último, las puntuaciones  $Sc_7$  y  $Sc_8$  representan el número máximo de operaciones de ensamble consecutivas que son similares y el número máximo de operaciones de ensamble consecutivas que relacionan componentes con dependencia funcional, respectivamente. Estas puntuaciones se obtienen por el análisis de la sección 1 del cromosoma, y tiene en cuenta el tipo de conexiones entre los componentes, la información de la relación funcional entre los componentes e información obtenida del modelo para identificar componentes similares para el primer caso. Por último, la puntuación  $Sc_9$  representa el inverso de la distancia recorrida debido al cambio de los puestos de trabajo. El significado de cada puntuación  $Sc_i$  se muestra en la tabla 1.

La evaluación final de la aptitud  $F$  se obtiene de acuerdo a los valores de la puntuación anterior, por el procedimiento ilustrado en la Fig. 2. Se consideran cuatro situaciones diferentes:

$Sc_1 < n$ : esta condición significa que la secuencia no es posible. La aptitud es por tanto calculada de manera que la población evolucione, primero, hacia un mejoramiento de la puntuación  $Sc_1$  y segundo, de las puntuaciones  $Sc_2$  y  $Sc_3$  (por medio del factor de ponderación  $w_1$ ). En este momento las contribuciones de las puntuaciones de la  $Sc_4$  a la  $Sc_9$  se desechan;

$Sc_1 = n$  y  $Sc_2 < n$ : esta condición significa que la secuencia es posible pero una o más herramientas no están correctas. La aptitud es por tanto calculada para que la población evolucione, primero, hacia un mejoramiento de las puntuaciones  $Sc_1$  y  $Sc_2$  y segundo de las puntuaciones de la  $Sc_3$  (por medio del factor de ponderación  $w_2$ ). En este momento las contribuciones de las puntuaciones de la  $Sc_4$  a la  $Sc_9$  se desechan;

$Sc_1 = n$ ,  $Sc_2 = n$  y  $Sc_3 < n$ : esta condición significa que la secuencia es posible y las herramientas son correctas, pero uno o más puestos de trabajo no están correctos. La aptitud es por tanto calculada para que la población evolucione, primero, hacia un mejoramiento de las puntuaciones  $Sc_1$ ,  $Sc_2$  y  $Sc_3$  y segundo de las puntuaciones de la  $Sc_4$  a la  $Sc_9$  (por medio del factor de ponderación  $w_3$ );

$Sc_1 = n$ ,  $Sc_2 = n$  y  $Sc_3 = n$ : en este caso la secuencia es completamente posible y todas las herramientas y los puestos de trabajo son correctos. La aptitud se calcula al tomar en cuenta una contribución igual de todas las puntuaciones  $Sc_1$ ,  $Sc_2$ ,  $Sc_3$  y  $Sc_7$ . La minimización de los cambios de orientación, herramienta y de puestos de trabajo se logran por medio de valores adecuados en los factores de ponderación  $w_d$ ,  $w_h$  y  $w_t$  respectivamente. La reducción de la distancia recorrida por los cambios de puestos de trabajo se logra por medio del factor de ponderación  $w_r$ . Para el caso de maximizar el número de piezas con relación funcional que se ensamblan de forma consecutiva, se logra por medio de un valor adecuado en el factor de ponderación  $w_f$ .

Tabla 1 Significado de las puntuaciones.

Sc	Significado
$Sc_1$	Cantidad de componentes ubicados correctamente en la secuencia.
$Sc_2$	Cantidad de herramientas ubicadas correctamente en la secuencia.
$Sc_3$	Cantidad de puestos de trabajo ubicados correctamente en la secuencia.
$Sc_4$	$N - 1$ – Cantidad de cambios de dirección en la secuencia.
$Sc_5$	$N - 1$ – Cantidad de cambios de herramientas en la secuencia.
$Sc_6$	$N - 1$ – Cantidad de cambios de puestos de trabajo en la secuencia.
$Sc_7$	Cantidad de operaciones iguales consecutivas en la secuencia.
$Sc_8$	Cantidad de componentes con relación funcional consecutivos en la secuencia.
$Sc_9$	Inverso de la distancia recorrida debido al cambio de los puestos de trabajo.

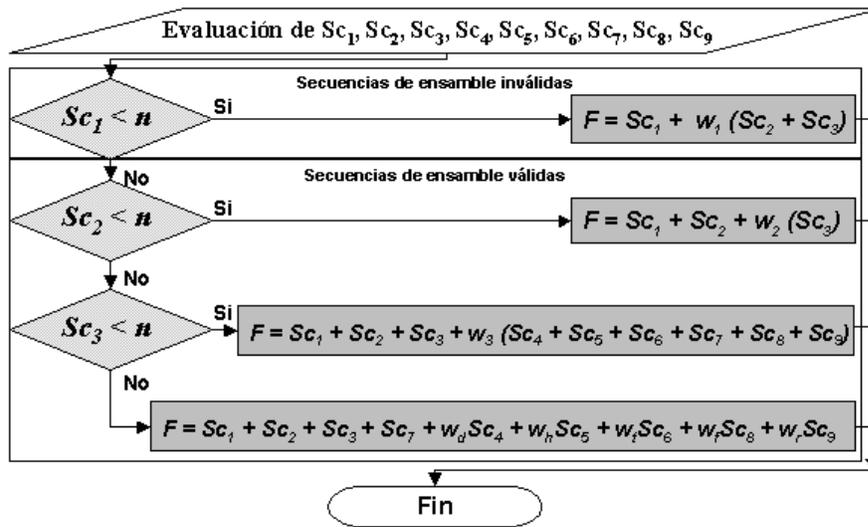


Fig. 2 Evaluación de la función aptitud ( $F$ )

Vale destacar que para el ejemplo del ensamble de la Fig. 3, se utilizó la biblioteca en C++ de algoritmos genéticos GALib, desarrollada por Mathew Bartschi Wall [5]. En la tabla 2 se muestran las listas de herramientas de ensamble y de puestos de trabajo válidos para cada componente. La población inicial se completó con copias al azar de las secuencias generadas automáticamente. Los parámetros del algoritmo genético fueron:

- Probabilidad de cruzamiento 45%
- Probabilidad de mutación 5%
- Número de generaciones 950

El número de elementos es  $n = 20$ . Los valores de ponderación  $w_1, w_2, w_3, w_d, w_h, w_t, w_f$  y  $w_r$ , fueron: 0.11, 0.13, 0.15, 1, 1, 1, 0 y 1, respectivamente.

Tamaño de población 30

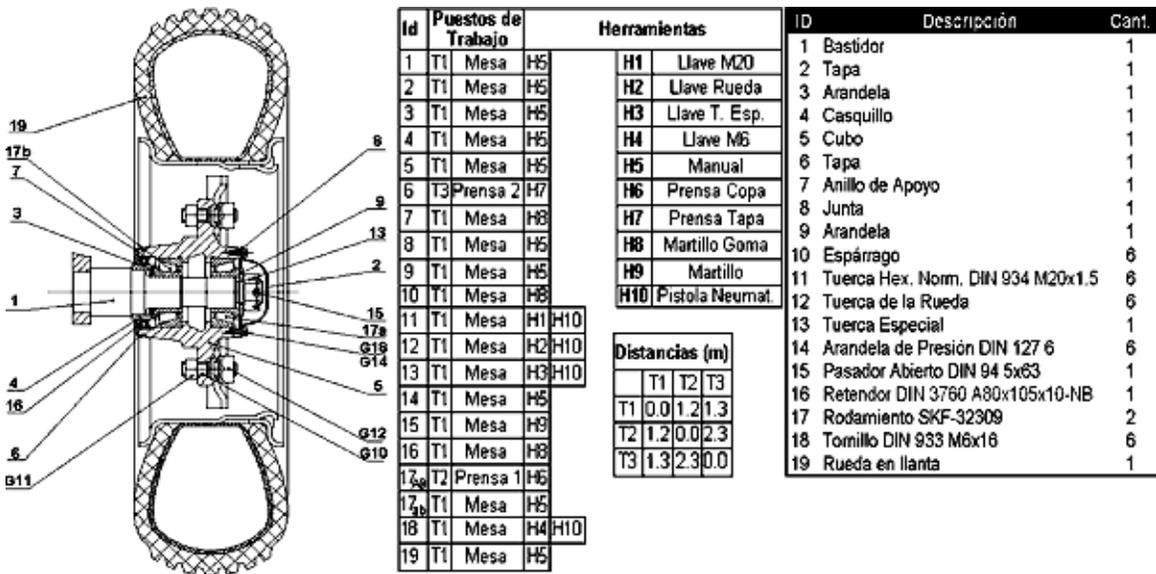


Figura 3. Rueda ensamblada, herramientas, puestos de trabajo posibles, por componentes y distancias entre puestos de trabajo.

La utilización del operador de **cruzamiento** (PMX) modificado, durante la evolución hacia la nueva población, garantiza que la nueva secuencia representada por el cromosoma contenga una información válida para la secuencia de ensamble descrita en la sección 1 del mismo. Al realizar el cruzamiento se actualizan todas las secciones del cromosoma para los nuevos individuos creados producto de este cruzamiento. Cada nueva descendencia producto del cruzamiento, representa una nueva secuencia de ensamble que es evaluada por la función de aptitud ( $F$ ) en dependencia de la factibilidad de la secuencia y de los criterios de optimización que se han definido en el modelo genético por medio de los valores de ponderación ( $w_1, w_2, w_3, w_d, w_h, w_t, w_f$  y  $w_r$ ).

La **mutación** es controlada para evitar que se introduzcan valores no factibles producto de la aplicación de ese operador. En la sección 1 del cromosoma la mutación consiste en intercambiar uno de sus genes por otro, ambos seleccionados al azar. En el caso de que existan genes duplicados dentro de la secuencia de la sección 1 del cromosoma, la mutación consiste en corregir la duplicación. El cambio realizado producto de la mutación es seguido por una actualización del resto de las otras secciones del cromosoma, para garantizar que la nueva secuencia sea válida también en las otras secciones. Para las otras secciones del cromosoma, la mutación consiste en el cambio del valor de un gen, escogido aleatoriamente, por uno de los restantes valores posibles para el mismo, elegido también al azar. La mutación potencia la diversidad en la población y evita la convergencia hacia una solución local del espacio de soluciones.

### 2.3. Cromosomas de las secuencias de solución.

La tabla 3 representa 3 soluciones ordenadas de forma descendente, para el ensamble de la Fig. 3. Estas son resultado de la optimización de las secuencias de ensamble posibles para la Rueda donde se minimiza el cambio de dirección, cambio de puestos de trabajo y cambios de herramientas, además de agrupar los elementos similares que se ensamblan de forma consecutiva.

La secuencia inicial es la de menor valor de aptitud  $F = 95.169$ . Esta secuencia constituye un caso inicial del proceso de optimización. Se toma como base para el proceso evolutivo hacia una mejor solución. En esta secuencia hay 4 cambios de puestos de trabajo, 6 cambios de dirección y 14 cambios de herramientas.

La secuencia optimizada se representa en la figura 3, es la que mayor valor de la función aptitud presenta  $F = 98.169$ . En esta secuencia solo hay cuatro cambios de puestos de trabajo, algo que es inevitable debido a que

los elementos 6, 17<sub>A</sub> y 17<sub>B</sub> del ensamble no pueden ser ensamblados en el puesto de trabajo más común del ensamble (T1), según la tabla de listas de puestos de trabajo. Ocurren seis cambios de dirección y se agruparon de forma consecutiva los ensambles de los Tornillos y las Arandelas (18 y 14), los Espárragos y las Tuercas (10 y 11) y las Tuercas de las Ruedas (12). En esta secuencia se efectúan 12 cambios de herramientas.

Se muestra que todas las secuencias representan soluciones factibles al problema, la secuencia de ensamble encontrada es válida y las herramientas y los puestos de trabajo, son posibles a utilizar para cada componente a ensamblar. Estas secuencias son una muestra de las soluciones encontradas por el algoritmo de optimización.

Los valores de  $w_d, w_h, w_t$  y  $w_r$  garantizan una igual probabilidad de mejoría durante la evolución de la población. Para el caso de  $w_f$  no se tiene en cuenta el ensamble consecutivo de elementos con relación funcional.

La justificación del empleo del método de los Algoritmos Genéticos se hace más evidente en productos de mayor complejidad, donde el gran número de alternativas a analizar, hace que no sea práctico el uso de softwares estándares, ni tampoco generar y analizar todas las variantes existentes. Este método permite la reducción del tiempo computacional. Con el uso de la función de aptitud con la cual se evalúan a los individuos de la población, se logra, además de garantizar la factibilidad tecnológica, la convergencia del método hacia secuencias de ensamble optimizadas.

## 3. Conclusiones.

Al utilizar los Algoritmos Genéticos para resolver cualquier problema, por ser un método no determinista, se pueden obtener distintas soluciones para un mismo caso en distintas ejecuciones. Esto ocurre porque, entre otras razones, el azar desempeña un papel importante en la evolución de las soluciones. A pesar de esto, incluso para ensambles de gran complejidad, los Algoritmos Genéticos no solo son capaces de encontrar una solución válida, sino que el nivel de cumplimiento de los factores de optimización es muy elevado. La Fig. 4 muestra 10 corridas del módulo de optimización propuesto, aplicado al ejemplo de la Fig. 3, el cual tiende a encontrar un máximo de la función de aptitud ( $F$ ) para las restricciones definidas en el modelo de ensamble mecánico. El módulo de optimización propuesto, aplicado al ejemplo, tiende a encontrar un máximo de la función de aptitud ( $F$ ) para las restricciones definidas en el modelo de ensamble mecánico. El valor máximo de aptitud del mejor individuo (98.169), es alcanzado luego de 130 generaciones para todas las corridas del ejemplo.

Tabla 3 Soluciones para el ensamble.

<b>SECUENCIA OPTIMIZADA</b>																						
Código de elementos	5	17 <sub>A</sub>	17 <sub>B/b</sub>	7	16	6	4	3	1	17 <sub>a</sub>	9	13	15	8	2	14	18	10	11	19	12	
Dirección de Ensamble	-X	-X	X	X	X	X	X	X	X	X	-X	-X	-Y	-X	-X	-X	-X	-X	X	-X	-X	
Herramientas	H5	H6	H6	H8	H8	H7	H5	H5	H5	H5	H5	H10	H9	H5	H5	H5	H10	H8	H10	H5	H10	
Puesto de trabajo	T1	T2	T2	T1	T1	T3	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	
<b>Agrupación: 3</b>											<b>PUNTUACIONES</b>											
<b>Cambios dirección: 6</b>											<b>Sc<sub>1</sub></b>	<b>Sc<sub>2</sub></b>	<b>Sc<sub>3</sub></b>	<b>Sc<sub>4</sub></b>	<b>Sc<sub>5</sub></b>	<b>Sc<sub>6</sub></b>	<b>Sc<sub>7</sub></b>	<b>Sc<sub>8</sub></b>	<b>Sc<sub>9</sub></b>			
<b>Cambios Herramienta: 12</b>											20	20	20	13	7	15	3	0	0.169			
<b>Cambios puesto de trabajo: 4</b>											<b>Aptitud = 98.169</b>											
<b>SECUENCIA INTERMEDIA</b>																						
Código de elementos	5	17 <sub>A</sub>	17 <sub>B/b</sub>	7	16	6	4	3	1	17 <sub>a</sub>	10	11	9	13	15	8	2	14	18	19	12	
Dirección de Ensamble	-X	-X	X	X	X	X	X	X	X	X	-X	X	-X	-X	-Y	-X	-X	-X	-X	-X	-X	
Herramientas	H5	H6	H6	H8	H8	H7	H5	H5	H5	H5	H8	H1	H5	H3	H9	H5	H5	H5	H4	H5	H10	
Puesto de trabajo	T1	T2	T2	T1	T1	T3	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	
<b>Agrupación: 2</b>											<b>PUNTUACIONES</b>											
<b>Cambios dirección: 6</b>											<b>Sc<sub>1</sub></b>	<b>Sc<sub>2</sub></b>	<b>Sc<sub>3</sub></b>	<b>Sc<sub>4</sub></b>	<b>Sc<sub>5</sub></b>	<b>Sc<sub>6</sub></b>	<b>Sc<sub>7</sub></b>	<b>Sc<sub>8</sub></b>	<b>Sc<sub>9</sub></b>			
<b>Cambios Herramienta: 13</b>											20	20	20	13	6	15	2	0	0.169			
<b>Cambios puesto de trabajo: 4</b>											<b>Aptitud = 96.169</b>											
<b>SECUENCIA INICIAL</b>																						
Código de elementos	5	10	11	17 <sub>A</sub>	17 <sub>B/b</sub>	3	7	16	4	6	1	17 <sub>a</sub>	9	13	15	8	2	14	18	19	12	
Dirección de Ensamble	-X	-X	X	-X	X	X	X	X	X	X	X	X	-X	-X	-Y	-X	-X	-X	-X	-X	-X	
Herramientas	H5	H8	H1	H6	H6	H5	H8	H8	H5	H7	H5	H5	H5	H3	H9	H5	H5	H5	H4	H5	H2	
Puesto de trabajo	T1	T1	T1	T2	T2	T1	T1	T1	T1	T3	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	T1	
<b>Agrupación: 2</b>											<b>PUNTUACIONES</b>											
<b>Cambios dirección: 6</b>											<b>Sc<sub>1</sub></b>	<b>Sc<sub>2</sub></b>	<b>Sc<sub>3</sub></b>	<b>Sc<sub>4</sub></b>	<b>Sc<sub>5</sub></b>	<b>Sc<sub>6</sub></b>	<b>Sc<sub>7</sub></b>	<b>Sc<sub>8</sub></b>	<b>Sc<sub>9</sub></b>			
<b>Cambios Herramienta: 14</b>											20	20	20	13	5	15	2	0	0.169			
<b>Cambios puesto de trabajo: 4</b>											<b>Aptitud = 95.169</b>											

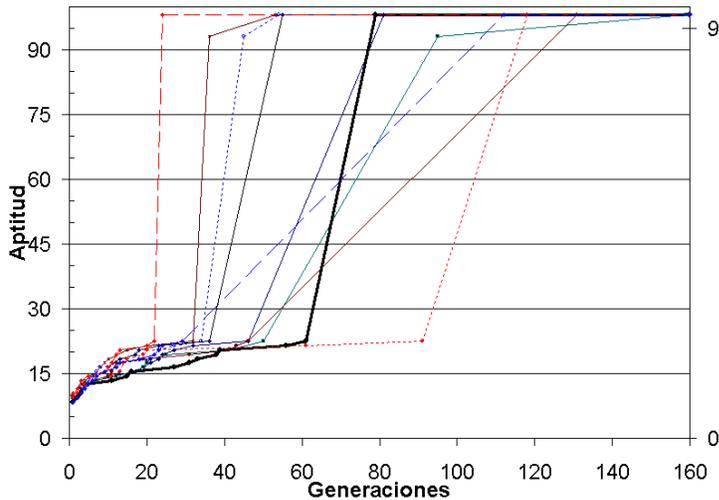


Fig. 4 Diez corridas del algoritmo para el mismo problema.

El modelo propuesto se empleó en casos con diferentes niveles de complejidad. En muchos de ellos la mejor solución era fácilmente determinada por simple inspección con lo que se podía verificar el resultado obtenido, en otros casos de mayor complejidad la mejor solución era conocida. En todos los casos, el modelo encontró la mejor solución en menor número de iteraciones que otros métodos estudiados.

En los ensambles de menor número de componentes, el modelo puede llegar a encontrar la solución óptima, como si se realizara un estudio de todas las posibles secuencias. Para llegar a la mejor solución, cuando el

número de componentes es elevado, la solución óptima puede no ser alcanzada en un tiempo razonablemente corto, debido a que, el número de generaciones y el tiempo de cálculo de cada generación es mayor. A pesar de todo, incluso para ensambles de gran complejidad, el modelo no solo es capaz de encontrar una solución válida, sino que el nivel de cumplimiento de los factores de optimización es muy elevado y cercano a la solución ideal. De todas formas esta pequeña reducción de la calidad de la solución, queda compensada con la enorme reducción en tiempo de cálculo.

Mientras mayor sea el número de generaciones ejecutadas por el método de optimización, mayor probabilidad existe de encontrar el máximo de la función aptitud. Al hacerse máxima la función de aptitud, se minimiza la función objetivo ( $Z$ ), que es uno de los objetivos principales del método de optimización. Al mismo tiempo, se garantiza la selección de las mejores variantes de las herramientas de ensamble y de los puestos de trabajo, según las restricciones impuestas al modelo de optimización y a los valores de ponderación seleccionados por el usuario.

#### 4. Bibliografía.

1. Baldwin, D. F. Y Col., "An Integrated Computer Aid for Generating and Evaluating Assembly Sequences for Mechanical Product". IEEE Trans. Robotics Automat, Pp. 78-94, 1997.
2. Bartschi Wall, Matthew, "A Genetic Algorithm For Resource-Constrained Scheduling". Tesis Doctoral, Ingeniería Mecánica. MIT, Cambridge, MA., USA, 1996.
3. Bonneville, F. Y Col., "A Genetic Algorithm To Generate And Evaluate Assembly Plans", Symp. Of Emerging Technologies Paris, Oct 10-13, 231-239, 1995.
4. Boothroyd, G. Y Col., "Design For Assembly And Disassembly", Annals Of The CIRP, Vol. 41, No 2, Pp. 625-636, 1992.
5. Chakrabarty, S. Y Col., "A Structure-Oriented Approach To Assembly Sequence Planning", Department Of Computer Science, Texas A&M University, 1995.
6. Coello Coello, Carlos A., "Two New GA-Based Methods For Multiobjective Optimization", 1997.
7. Dini, G. Y Col., "Generation Of Optimized Assembly Sequences Using Genetic Algorithms" Annals Of CIRP. Vol 48, P 17-20, 1999.
8. Gottipolu, R. B. Y Col., "Representation And Selection Of Assembly Sequences In Computer-Aided Assembly Process Planning". Int. J. Prod. Res. Vol. 35, No 12, Pp. 3447-3465, 1997.
9. Kanai, S. Y Col., "ASPEN Computer-Aided Assembly Sequence Planning And Evaluation System Based On Predetermined Time Standard", Annals Of The CIRP, Vol. 45, No 1, Pp. 35-39, 1996.
10. Kikuchi S. Y Col., "Solving A Schedule Coordination Problem Using A Fuzzy Control Technique", Proc. Intelligent Scheduling System Symp., ORSA-TIMS, San Francisco, California, 1993.
11. Laperriere, L. Y Col., "GAPP A Generative Assembly Process Planner", Journal Of Manufacturing Systems, Vol. 15, No 4, 1996.
12. Latombe, J-C. Y Col., "Assembly Sequencing With Toleranced Parts", Proc. Of Solid Modelling 95 Conf. Salt Lake City, Utah, USA.
13. Lazzarini, B. Y Col., "A Genetic Algorithm For Generating Optimal Assembly Plans", Artif. Intell. Engng. Pg. 319-329, 2000.
14. Lu, C. Y Col., "An Enhanced Assembly Planning Approach Using A Multi-Objective Genetic Algorithm", Proc. Imeche, Vol. 220, Pg. 255-271, 2006.
15. Mascle, C. Y Col., "Feature Modelling In Assembly Planning", Congres De ITFIP. Modelisation Et Reconnaissance De Caracteristiques En CFAO, Valenciennes, Mai 1994.
16. Rejneri, Nicolas, "Détermination Et Simulation Des Opérations D'assemblage Lors De La Conception De Systèmes Mécaniques" Institut National Polytechnique De Grenoble, 2001.
17. Romney, B., Y Col., "An Efficient System For Geometric Assembly Generation And Evaluation", Proc. Of ASME Int. Computers In Engineering Conf. Pp. 699-712, 1995.
18. Yin Z. P. Y Col., "A Virtual Prototyping Approach To Generation And Evaluation Of Mechanical Assembly Sequences", Proc. Instn Mech. Engrs Vol. 218 Part B: J. Engineering Manufacture, Pg. 87-102, Imeche 2004.

## Computer-aided gliding of the assembles technological process.

### Abstract:

This work deals with the combinatorial problem of generating and optimizing technologically feasible assembly sequences and process planning involving tools and work places. The assembly sequences and related technological decisions are obtained from a 3D model of the assembled parts based on mating conditions along with a set of technological criteria, which allows automatically analyzing and generating the sequences. The generated assembly sequences are preprocessed and optimized for the assembly Process Planning using Genetic Algorithms. This approach integrates the geometric and technological information of the assembly process, which allows reducing the number of elements and sequences to be processed with the consequent processing time and cost reduction.

**Key words: Mechanical Assembly, Genetic Algorithms, Multiple Criteria Optimization.**