



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA
DE MEXICO**

FACULTAD DE INGENIERIA

"OPTIMIZACION DEL PERFIL DE TRAYECTORIA DE UN
ROBOT MANIPULADOR SERIAL PLANO 2-GDL MEDIANTE
UN ALGORITMO GENETICO SIMPLE"

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE:
INGENIERO MECANICO
P R E S E N T A :
EDUARDO AGUILAR MORENO



DIRECTOR DE TESIS: DR. IGNACIO JUAREZ CAMPOS

MEXICO, D. F.

2004



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

ESTA TESIS NO SALE
DE LA BIBLIOTECA

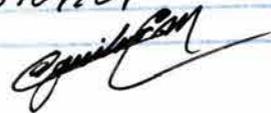
Dedicatoria

A mi madre, a mi padre, y al Cap. Jesús
Silva Ruelas, por su cariño y apoyo
incondicional a lo largo de mi vida.

Autorizo a la Dirección General de Bibliotecas de la
UNAM a difundir en formato electrónico e impreso el
contenido de mi trabajo recepcional.

NOMBRE: Eduardo Aguilar Moreno

FECHA: 26/04/04

FIRMA: 

Agradecimientos

A la Universidad Nacional Autónoma de México, por permitirme llevar a cabo mis estudios en ingeniería.

A mis maestros, en especial al Dr. Ignacio Juárez Campos por su apoyo para la realización de este trabajo.

A mis compañeros de generación por brindarme su amistad.

Índice

1. Introducción	1
1.1. Definición del problema	1
1.2. Objetivo	1
1.3. Hipótesis	2
1.4. Metodología	2
1.5. Esquema de tesis	2
2. Marco teórico	4
2.1. Evolución	4
2.1.1. El desarrollo histórico del pensamiento evolutivo	5
2.2. Sistemas adaptables complejos	7
2.2.1. Cuestiones fundamentales acerca de los sistemas adaptables	7
2.2.2. Características de los procesos adaptables	9
2.2.3. Un sistema adaptable complejo	11
2.2.4. Requerimientos de los sistemas adaptables	13
2.3. Optimización	16
2.3.1. Robustez	17
2.3.2. Métodos tradicionales de optimización y búsqueda	17
2.3.3. Diferencias entre los algoritmos genéticos y los métodos tradicionales	20
2.4. Algoritmos genéticos	21
2.4.1. Terminología empleada en los algoritmos genéticos	23
2.4.2. Un algoritmo genético simple	23
2.4.3. ¿Por qué funcionan los algoritmos genéticos?	29
2.4.4. Estado del arte	35
3. Modelado matemático del manipulador	39
3.1. Mecánica aplicada a la robótica	39
3.1.1. Estática	39
3.1.2. Cinemática	39
3.1.3. Dinámica	40

3.2. Análisis de posición de manipuladores seriales	41
3.2.1. Parámetros y sistemas coordenados del eslabón	42
3.2.2. Matrices de transformación homogéneas de Denavit-Hartenberg	44
3.2.3. Ecuaciones de cierre de lazo	46
3.3. Análisis del Jacobiano en manipuladores seriales	46
3.3.1. Matriz diferencial de transformación del eslabón	47
3.3.2. Matriz diferencial general de transformación	49
3.3.3. Matriz Jacobiano del manipulador	51
3.4. Singularidades	53
3.5. Análisis cinemático directo de un manipulador serial plano 2-GDL	54
3.5.1. Análisis directo de posición	56
3.5.2. Análisis directo del Jacobiano	58
3.6. Análisis cinemático inverso de un manipulador serial plano 2-GDL	59
3.6.1. Análisis inverso de posición	59
3.6.2. Análisis inverso del Jacobiano	61
3.7. Análisis de singularidades en un manipulador serial plano 2-GDL	62
3.8. Dinámica de manipuladores seriales	66
3.8.1. Formulación recursiva Newton-Euler	67
3.8.2. Iteración hacia delante	68
3.8.2.1. Propagación de la velocidad angular	68
3.8.2.2. Propagación de la aceleración angular	69
3.8.2.3. Propagación de la velocidad lineal	70
3.8.2.4. Propagación de la aceleración lineal	70
3.8.2.5. Aceleración lineal del centro de masa	71
3.8.2.6. Aceleración de la gravedad	71
3.8.3. Iteración hacia atrás	71
3.8.4. Ecuaciones de torque en las articulaciones	72
3.9. Análisis dinámico de un manipulador serial plano 2-GDL	73
3.9.1. Iteración hacia delante	76
3.9.2. Iteración hacia atrás	77
3.9.3. Cálculo de los pares motrices	79
4. Trayectoria del manipulador	81
4.1. Trayectorias	81
4.1.1. Lugar geométrico de la trayectoria	82
4.1.2. Perfil de trayectoria	84

5. Adaptación del método de los algoritmos genéticos al modelo matemático del manipulador	92
5.1. Consideraciones generales	92
5.2. Desarrollo del software	93
5.2.1. Captura de parámetros del algoritmo genético	94
5.2.2. Primera generación de individuos	95
5.2.2.1. Codificación de la solución	96
5.2.2.2. Obtención de la primera generación de cromosomas	97
5.2.3. Obtención del fenotipo	99
5.2.4. Obtención de pares motrices	101
5.2.5. Función de aptitud	106
5.2.6. Cálculo de la probabilidad de selección y clonación	109
5.2.7. Cruzamiento	112
5.2.8. Mutación	114
5.2.9. Finalización de la búsqueda y despliegue de resultados	116
6. Resultados	119
6.1. Desarrollo de pruebas	119
6.1.1. Experimento 1	120
6.1.2. Experimento 2	121
6.1.3. Experimento 3	122
6.1.4. Experimento 4	123
6.2. Análisis de resultados	124
6.2.1. Análisis comparativo de los resultados de los experimentos 1 – 3	125
6.2.2. Análisis de los resultados del experimento 4	135
7. Conclusiones	140
Bibliografía	142

1 Introducción

La palabra *optimización* tiene gran relevancia tanto en el campo de la ciencia como en el de la industria. El desarrollo de la ciencia y tecnología es consecuencia, en parte, del mejoramiento de los métodos, procesos, y medios de investigación ya existentes. Asimismo, en los procesos de producción, particularmente en aquellos que se encuentran automatizados, la optimización es un factor de vital importancia ya que en dichos procesos se encuentran involucradas importantes cantidades de dinero. No debe perderse de vista que el costo de inversión necesario para la implementación de un puesto de trabajo robotizado puede ser de dos, tres, o hasta diez veces el costo del robot base utilizado. El éxito, medido en la rentabilidad de un puesto de trabajo robotizado depende de una combinación óptima del robot con el equipo periférico requerido (maquinaria, equipo de alimentación y transporte de piezas, órganos terminales, dispositivos de seguridad, etc.), sin embargo, una combinación óptima de las partes no garantiza completamente que el proceso global se lleve a cabo de manera ideal. Para que un proceso se lleve a cabo de la mejor forma posible, es fundamental que la operación de las partes, así como la interacción entre las mismas se lleve a cabo de manera óptima.

1.1. Definición del problema

El trabajo de optimización de cualquier proceso, incluyendo el de un robot manipulador, es una tarea bastante compleja si el modelo del sistema físico es no lineal. En estos casos se debe recurrir a métodos de búsqueda de la mejor solución, o al menos, la más cercana posible a ella. En esta tesis se plantea como proceso el desplazamiento en línea recta de un manipulador serial, cuyo perfil de trayectoria está basado en funciones polinomiales de tercer grado. Este tipo de perfil es muy deformable, significando esto que habrán perfiles de trayectoria que emplearán menor tiempo, serán más suaves, y ahorrarán más energía que otros, pero *¿cuál es el mejor, o el más cercano al mejor?* Esta tesis pretende dar respuesta a esta interrogante.

1.2. Objetivo

El objetivo del presente trabajo consiste en *encontrar el mejor perfil de trayectoria que permita que un robot manipulador serial plano con dos grados de libertad (2-GDL) desarrolle el menor tiempo de proceso si se tienen como restricciones los pares motrices, además de que garantice un movimiento suave,*

para cualquier trayectoria recta posible dentro de la superficie de trabajo del manipulador. Lo anterior tendría gran repercusión en el desempeño de un proceso global de producción si se tratara, por ejemplo, de un sistema de manufactura automatizado, en virtud de que los tiempos de operación podrían disminuirse, incrementando así la producción.

1.3. Hipótesis

Los métodos de optimización basados en cálculo son suficientemente adecuados si las funciones matemáticas son sencillas, y no presentan discontinuidades, sin embargo, estos métodos son locales, y permiten encontrar soluciones en un pequeño espacio de búsqueda. Por otra parte, la optimización mediante algoritmos evolutivos, como el *algoritmo genético*, es bastante robusta, importándole poco las singularidades y discontinuidades; además, escudriña el espacio de búsqueda de manera global porque analiza muchas soluciones al mismo tiempo, y aprovecha las características de las mejores.

Por todo lo anterior, se plantea la siguiente hipótesis: *la implementación de un algoritmo genético al problema en cuestión tratado en esta tesis permitirá encontrar el mejor perfil de trayectoria posible para cualquier trayectoria recta dentro de la superficie de trabajo de un manipulador serial plano de dos grados de libertad, considerando como buen perfil de trayectoria a aquél que involucre un tiempo de proceso corto y un máximo rendimiento de los actuadores.*

1.4. Metodología

En primera instancia se desarrollará el modelo matemático del manipulador, para así determinar las ecuaciones que rigen su movimiento. Este modelo matemático incluye tanto un análisis cinemático como dinámico del manipulador. Posteriormente se implementará un programa en computadora que integre el modelo matemático a un algoritmo genético. Este programa habrá de permitir al usuario definir las características del problema a tratar, es decir, permitirá definir la trayectoria recta, así como las características físicas del manipulador. Subsecuentemente se llevarán a cabo una serie de experimentos con el fin de observar el comportamiento del algoritmo genético, y finalmente, se analizarán los resultados obtenidos para así poder determinar si se ha cumplido o no con el objetivo de esta tesis.

1.5. Esquema de tesis

En el Capítulo 2 de este trabajo se presentará un panorama general de los algoritmos evolutivos, particularmente de los algoritmos genéticos. Se analizarán las características de los procesos adaptables, se mostrarán las ventajas que presentan los algoritmos evolutivos respecto de los métodos tradicionales de optimización, y se explicará detalladamente el funcionamiento del algoritmo genético.

En el Capítulo 3 se desarrollará el modelado matemático del manipulador, para al final poder determinar las ecuaciones de los pares motrices de los actuadores. Inicialmente se realizará el análisis cinemático del manipulador, empleando para ello el método de Denavit – Hartenberg. Posteriormente se presentará el análisis dinámico del manipulador, para el cual se utilizará la formulación recursiva Newton – Euler. Además, se realizará un estudio de las singularidades que presenta el modelo matemático.

En el Capítulo 4 se explicará lo concerniente a la trayectoria, así como al perfil de trayectoria del manipulador. Se desarrollarán las ecuaciones paramétricas de la recta para definir la posición del órgano terminal. Asimismo, se propondrá una técnica para desarrollar perfiles de trayectoria con base en polinomios de tercer grado.

Como se verá más adelante, el algoritmo genético es básicamente una técnica computacional de optimización, por lo tanto, es necesario desarrollar un software que permita integrar el modelo matemático del manipulador, así como el perfil de trayectoria propuesto, junto con el algoritmo genético. Las características de este software, así como su funcionamiento y construcción se mostrarán con detalle en el Capítulo 5.

En el Capítulo 6 se presentará una serie de pruebas realizadas con el algoritmo genético. Se analizarán los resultados de dichos experimentos para determinar si el algoritmo genético funciona adecuadamente o no, y consecuentemente poder comprobar si se cumplió con el objetivo de esta tesis.

Finalmente, las conclusiones del trabajo, así como las líneas de investigación que pueden seguirse en trabajos posteriores integrarán el Capítulo 7.

2 Marco teórico

2.1. Evolución

En un principio hubo una “sopa primigenia” de la cual se originaron los primeros organismos. Estos organismos se desarrollaron y se convirtieron en los primeros peces. Algunos de estos peces asomaron su cabeza fuera del agua y comenzaron a explorar la superficie de la Tierra, dando lugar así a los primeros animales terrestres. Algunos de estos animales adquirieron pelo y comenzaron a subirse a las copas de los árboles. Finalmente, el hombre se mira a sí mismo en el espejo, intrigado, cuestionándose sobre su propio origen.

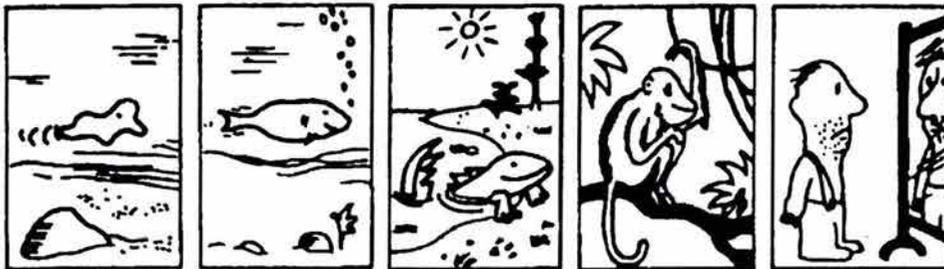


Figura 2.1. Evolución de la vida en la tierra

De una forma muy breve, un caricaturista puede representar el largo proceso de la evolución de la vida, como se muestra en la Figura 2.1¹. En casi todos los ámbitos de nuestro medio ambiente pueden encontrarse geniales creaciones de la naturaleza. Existen seres vivos con sorprendentes habilidades y órganos altamente especializados. Como ejemplo, puede mencionarse al delfín, el cual ha desarrollado un sistema de comunicación basado en la emisión de sonidos en la frecuencia ultrasónica, que le permite comunicarse a lo largo de grandes distancias. Además, su piel es capaz de adaptarse a los cambios de resistencia de la corriente del agua durante el nado, mejorando así su propio perfil hidrodinámico, facilitando su desplazamiento.

Como el delfín, pueden mencionarse millones de ejemplos. La naturaleza ha desarrollado a lo largo de millones de años las mejores técnicas y materiales. Todos los seres que habitan la Tierra hoy en día son el resultado de un largo proceso de desarrollo y optimización, sin embargo, esta afirmación es el resultado de varios siglos de investigación por parte de afamados científicos,

¹ Del autor Prehn, en la revista *Die Zeit* del 23-06-1967.

quienes contribuyeron con sus teorías a un desarrollo en la forma de pensar acerca de la naturaleza; llevaron a cabo una verdadera “evolución” en el pensamiento.

2.1.1. El desarrollo histórico del pensamiento evolutivo

Varios filósofos presocráticos pueden considerarse como precursores de las hipótesis evolucionistas, fundamentalmente Empédocles, quien reconoció por primera vez el hecho de una sucesión de formas orgánicas. Aristóteles estableció una teoría ortogenética, es decir, los seres están ordenados según una escala creciente de complicación debida a una tendencia innata a elevarse a un mayor grado de perfeccionamiento. Durante la Edad Media y principios de la Moderna, la idea teológica y cristiana de una creación individual de las especies se hizo dominante, aunque coexistió con explicaciones míticas del origen de las especies: generación espontánea de numerosos organismos, incluso de organización superior, y transformaciones fantásticas de unas especies en otras. A las hipótesis fantásticas sobre el origen de las especies siguió una etapa de racionalización. Los grandes fundadores de la biología moderna, Linné a la cabeza, fueron partidarios de un “fijismo” estricto [6]: las especies son entidades perfectamente diferenciadas, creadas desde el principio por el Sumo Hacedor. Este punto de vista fue compartido por grandes taxonomistas de la época, como Ray y Tournefort entre otros.

A pesar de que las ideas dominantes en el siglo XVIII se movían en el campo del fijismo, cierto número de dificultades hicieron surgir los primeros conceptos transformistas. Por una parte, los trabajos sobre sistemática demostraron la afinidad entre las distintas categorías sistemáticas; la clasificación tenía que perder su carácter artificial – como en la de Linné – y ser un trasunto de las afinidades reales entre los organismos: clasificación natural. Este hecho sólo podía admitir dos explicaciones: o bien existe una “escala de los seres”, en la cual éstos están jerárquicamente ordenados en grados de perfección (idea directamente derivada de la filosofía antigua, Aristóteles y Platón sobre todo), o bien derivan unos de otros y las afinidades corresponden a un parentesco real. La aparición de nuevas variedades, tanto en la naturaleza como artificialmente, y el problema de la hibridación son el segundo punto de apoyo de las teorías transformistas. Buffon, Adamson, y otros representaron un transformismo de tipo limitado: la variación de las especies está limitada al ámbito de una misma familia o grupo. Maupertius y Erasmus Darwin, por el contrario, concibieron por primera vez – aunque de forma puramente hipotética – un transformismo generalizado: todos los organismos descienden por cambios graduales unos de otros y de antepasados comunes.

En el siglo XIX el problema de la evolución dominó las perspectivas de toda la biología; su planteamiento general es obra de dos grandes biólogos: Lamarck y Charles Darwin. En 1809, Jean Baptiste Pierre Antoine de Monet, caballero de Lamarck, publicó su *Philosophie zoologique*, en la cual se expone por primera vez una teoría positiva de la evolución. Para Lamarck, los procesos evolutivos

consisten en una adaptación activa al medio gracias al desarrollo de los órganos más utilizados y la reducción de los inútiles: “la función crea al órgano”; estas características se transmiten a la descendencia: “heredabilidad de los caracteres adquiridos”. Lamarck fue duramente criticado por los científicos de su época, en especial por Cuvier, partidario de un fijismo estricto, a pesar de que sus hallazgos en paleontología y anatomía comparada proporcionaron la base material de las teorías evolutivas posteriores. Otro representante destacado de la hipótesis evolucionista fue Geoffroy de Saint-Hilaire; suponía que la variabilidad de las especies, mucho más acusada en el pasado que en la actualidad, era debida a una acción directa del ambiente sobre los organismos: reconocía una sola unidad de plan estructural en el reino animal, consecuencia de su origen común. Con la teoría darwiniana de la evolución por selección natural, el pensamiento evolutivo se generalizó en todo el ambiente científico, inaugurando una nueva etapa de la biología. Darwin proporcionó una serie de pruebas sobre el origen de las especies y los mecanismos de su transformación, todavía dominantes en la actualidad; sus puntos de vista fueron ampliados por una pléyade de científicos que desarrollaron las líneas generales de su teoría en la casi totalidad de las ciencias biológicas. Un problema no resuelto por Darwin es el del origen de la variabilidad y los mecanismos de la herencia; suponía, como Lamarck, la posibilidad de la herencia de los caracteres adquiridos. El desarrollo de la genética, inaugurada por Mendel, y el descubrimiento de las mutaciones por De Vries proporcionaron la base material de las hipótesis evolucionistas actuales.

A finales del siglo XX, diversos investigadores encontraron que las teorías acerca de la evolución podrían tener aplicaciones útiles en otros ámbitos fuera de la biología. Previo al desarrollo y uso de los algoritmos genéticos para la optimización en sistemas artificiales, un número de biólogos usaron computadoras para llevar a cabo la simulación de sistemas genéticos (Baricelli, 1957, 1962; Fraser, 1960, 1962; Martin y Cockerham, 1960). Aunque estos estudios se enfocaban al entendimiento de fenómenos naturales, algunos de estos trabajos no estaban muy distantes de las nociones actuales de un algoritmo genético. Sin embargo, nunca se especuló sobre si el algoritmo de optimización empleado por la naturaleza tendría alguna utilidad en sistemas artificiales. Quedó para John Holland [4] el desarrollar los fundamentos para aplicar este algoritmo en sistemas artificiales, a través de sus escritos sobre la teoría de sistemas adaptables. Fue Holland quien en 1975 desarrolló las bases teóricas, junto con sus colegas y alumnos en la Universidad de Michigan, de lo que más adelante se conocería como *algoritmo genético*. Las metas de su investigación fueron las siguientes:

- abstraer y explicar rigurosamente los procesos adaptables de los sistemas naturales, y
- diseñar software para sistemas artificiales que retenga los importantes mecanismos de los sistemas naturales.

El objetivo de Holland era desarrollar la teoría y los procedimientos necesarios para la creación de programas generales y máquinas con una

capacidad ilimitada para adaptarse a ambientes arbitrarios. Reconoció el papel fundamental de la selección artificial – una “supervivencia del más apto” artificial, y promovió el uso del enfoque de “población” en lugar de realizar una búsqueda “estructura por estructura”.

2.2. Sistemas adaptables complejos

El concepto de *sistema adaptable* es fundamental en el campo de los *algoritmos evolutivos*. Es precisamente la característica de adaptabilidad lo que le permite a un organismo evolucionar en su medio ambiente. Otra manera de entender esta afirmación es considerando que un organismo altamente evolucionado es aquél que se encuentra mejor adaptado a su entorno natural, sin embargo, como se verá a continuación, existen otros tipos de sistemas cuyos ámbitos de operación son artificiales. Estos sistemas presentan también el fenómeno de la adaptación, por lo cual manifiestan comportamientos similares a aquellos propios de los sistemas biológicos.

2.2.1. Cuestiones fundamentales acerca de los sistemas adaptables

Como se ha visto hasta este momento, las primeras definiciones y descripciones técnicas de la adaptación provienen de la biología. En ese contexto la adaptación designa cualquier proceso donde una estructura es modificada progresivamente para tener un mejor desempeño en su medio ambiente. Las estructuras pueden variar desde una proteína, hasta estructuras más complejas como una célula, un caballo, un cerebro humano, un grupo interactivo de individuos (organismos) tales como la vida salvaje de la estepa africana, o incluso todo un ecosistema. Definidos de forma más general, los procesos adaptables tienen un rol crítico en campos tan diversos como la psicología (aprendizaje), economía (planeación óptima), control, inteligencia artificial, matemáticas computacionales, y muestreo (inferencia estadística). Al respecto de los procesos adaptables en los campos anteriores, Holland [4] plantea las siguientes preguntas:

- ¿Cómo produce la evolución individuos cada vez más adaptados a ambientes altamente impredecibles para organismos individuales?
- ¿Qué tipo de planes económicos pueden mejorar el desempeño de una economía, a pesar del hecho de que la información económica relevante y los registros de las utilidades deben ser obtenidos al mismo tiempo que se desarrolla dicha economía?
- ¿Cómo utiliza un organismo su experiencia para modificar su comportamiento en formas benéficas (adaptación mediante guía sensorial)?
- ¿Cómo se pueden programar las computadoras para que las capacidades de solución de problemas se desarrollen especificando “qué se debe hacer” en lugar de “cómo se debe hacer”?

- ¿Qué procedimientos de control pueden mejorar la eficiencia de un proceso en ejecución, cuando los detalles de las variaciones de las interacciones de los componentes deben ser compilados y usados concurrentemente?

Se puede deducir que todos los procesos adaptables, independientemente de su ámbito de operación, poseen las mismas características esenciales. En consecuencia, de acuerdo a Holland [4], todas las variaciones del problema dan lugar a las mismas preguntas fundamentales:

- ¿A qué partes de su medio ambiente se adapta el organismo (sistema, organización)?
- ¿Cómo actúa el medio ambiente sobre el organismo (sistema, organización)?
- ¿Qué estructuras se encuentran bajo el proceso de adaptación?
- ¿Cuáles son los mecanismos de adaptación?
- ¿Qué parte de la historia de su interacción con el medio ambiente retiene el organismo (sistema, organización)?
- ¿Cuáles son los límites inherentes al proceso de adaptación?
- ¿Cómo se deben comparar (hipótesis acerca de) distintos procesos adaptables?

Cuando se trata de contestar estas preguntas en distintos contextos, aparecen esencialmente los mismos obstáculos para la adaptación una y otra vez. Éstos aparecen con distintos disfraces y nombres pero tienen la misma estructura básica. Por ejemplo, “no lineal”, “pico falso”, y “efecto epistático” expresan distintas versiones de una misma dificultad. Más adelante se verá que algunos de estos obstáculos también se manifiestan en los procesos tradicionales de optimización.

A pesar de la gran cantidad de información proveniente de muy distintos campos, aún no se tiene un entendimiento general de los mecanismos de adaptación. Bajo tales circunstancias una teoría puede ser una poderosa ayuda. Un análisis minucioso separa las exageraciones “locales” o incidentales de las características fundamentales. Una teoría analítica general combina la información y la explicación en un todo coherente, proporcionando oportunidades para la predicción y el control. Para los sistemas naturales, esto significa que la teoría debe proporcionar técnicas para la predicción y control; para los sistemas artificiales, debe proporcionar algoritmos prácticos y estrategias.

2.2.2. Características de los procesos adaptables

Un sistema que lleva a cabo un proceso de adaptación se caracteriza en gran medida por una mezcla de operadores actuando sobre las estructuras en cada etapa. De acuerdo a la teoría de Holland [4], el conjunto de factores controlando esta mezcla cambiante, el *plan adaptable*, constituye el funcionamiento del sistema en lo concerniente a su carácter adaptable. El plan adaptable determina qué estructuras surgen en respuesta al medio ambiente, y el conjunto de estructuras obtenido, aplicando todas las secuencias posibles de los operadores, delimita el dominio de acción del plan adaptable.

Una declaración precisa de la tarea del plan adaptable sirve como guía para un tratamiento formal. Tres componentes principales están asociados a la declaración de la tarea:

1. El ambiente, E , del sistema en adaptación.
2. El plan adaptable, τ , donde la estructura del sistema es modificada con el fin de mejorarla.
3. Una medida, μ , del desempeño, por ejemplo, la aptitud de las estructuras (individuos) en su medio ambiente.

El enigma del problema para el plan τ es que inicialmente tiene información incompleta acerca de cuales estructuras son las más adaptadas. Para disminuir esta incertidumbre el plan debe probar el desempeño de distintas estructuras en el ambiente. La "adaptabilidad" del plan entra en juego cuando distintos ambientes causan distintas secuencias de estructuras para ser generadas y probadas.

Campo	Estructuras	Operadores
Genética	Cromosomas	Mutación, recombinación, etc.
Planeación económica	Mezcla de bienes	Actividades de producción
Control	Políticas	Regla de Bayes, aproximación sucesiva, etc.
Psicología fisiológica	Ensamblajes de células	Modificación de la sinapsis
Teoría de juegos	Estrategias	Reglas para la aproximación iterativa a la estrategia óptima
Inteligencia artificial	Programas	Reglas de "aprendizaje"

Tabla 2.1. Estructuras y operadores diversos

Una característica del ambiente puede ser desconocida (desde el punto de vista del plan adaptable) sólo si se permiten resultados alternativos para los ensayos del plan. Cada combinación distinta de alternativas es un ambiente distinto E en el cual tiene que actuar el plan. El conjunto de todas las combinaciones posibles de alternativas indica la incertidumbre inicial del plan acerca del ambiente que lo confronta. Esta incertidumbre inicial acerca del

ambiente será formalizada designando una clase ε de ambientes posibles. El dominio de acción del plan adaptable será formalizado designando un conjunto a de estructuras asequibles.

El hecho de que distintos $E \in \varepsilon$ provocan, en general, distintos desempeños para una estructura dada $A \in a$ significa formalmente que habrá distintas mediciones del desempeño μ_E asociadas con cada E . Cada campo de estudio se encuentra tipificado tanto por sus estructuras y operadores (Tabla 2.1) como por sus mediciones de desempeño (Tabla 2.2).

Campo	Medida de desempeño
Genética	Aptitud
Planeación económica	Utilidad
Control	Funciones de error
Psicología fisiológica	Tasa de desempeño
Teoría de juegos	Ganancia
Inteligencia artificial	Eficiencia comparativa

Tabla 2.2. Medidas de desempeño diversas

Las modificaciones estructurales sucesivas dictadas por un plan τ corresponden a una secuencia o trayectoria a través del conjunto a . Para que el plan sea adaptable, la trayectoria a través de a debe depender del ambiente $E \in \varepsilon$ que se encuentra presente. Simbolizando el conjunto de operadores con Ω , lo anterior puede ser expresado de otra forma diciendo que el orden de aplicación de operadores de Ω debe depender de E . En la Figura 2.2² se muestra un esquema que presenta la forma en que interactúan los distintos elementos que constituyen el plan adaptable.

Queda claro que la organización de a , los efectos de los operadores Ω sobre las estructuras en a , y la forma de la medición del desempeño μ_E afectan la dificultad de la adaptación. Entre los obstáculos específicos que confronta un plan adaptable están los siguientes:

- El conjunto a es grande, de manera que hay que probar muchas alternativas.
- Las estructuras en a son complicadas, de manera que es difícil determinar cuáles subestructuras o componentes (si los hay) son responsables de un buen desempeño.
- La medida de desempeño μ_E es una función complicada, con muchos parámetros interdependientes (tiene varias dimensiones y es no lineal, exhibe óptimos locales, discontinuidades, etc.).

² Del autor John Holland, en su libro *Adaptation in Natural and Artificial Systems*.

- La medida del desempeño varía en el tiempo y el espacio, de forma que las adaptaciones dadas son ventajosas únicamente en ciertos lugares y momentos.
- El ambiente E representa para τ un gran flujo de información o datos (incluidos los desempeños) los cuales deben ser filtrados y ordenados de acuerdo a su importancia.

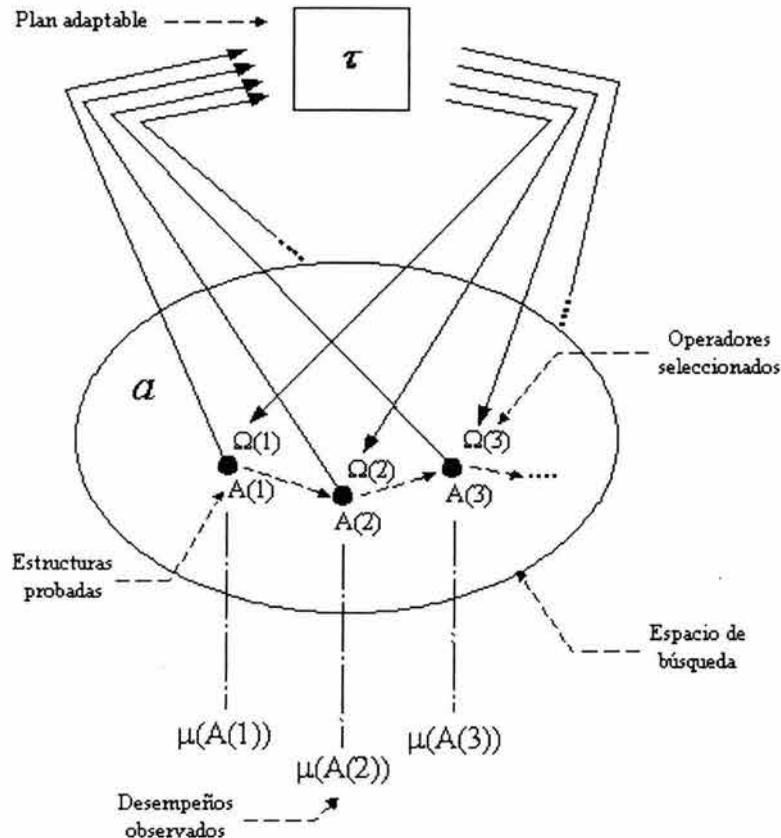


Figura 2.2. Modo de operación del plan adaptable

2.2.3. Un sistema adaptable complejo

El ejemplo clásico, y tal vez el más ilustrativo, de un sistema adaptable complejo es el proceso de adaptación que se ha venido llevando a cabo en la Tierra desde hace millones de años, y que se manifiesta en todas las especies de seres vivos que habitan el planeta hoy en día. Como se mencionó en secciones anteriores, este proceso se lleva a cabo mediante la alteración de la estructura genética de los organismos.

Existen miles de genes³ en los cromosomas⁴ de un vertebrado común, cada uno de los cuales tiene varios alelos⁵. Tomando el conjunto de estructuras asequibles a como el conjunto de cromosomas que se obtienen de todas las combinaciones posibles de los alelos, vemos que a contiene alrededor de $2^{10000} \cong 10^{3000}$ estructuras para una especie de vertebrado común (asumiendo 2 alelos para cada uno de los 10,000 genes). Aún en una población grande (digamos 10,000 millones de individuos) de esa especie, ésta contiene una minúscula fracción de las posibilidades.

La enorme cantidad de estructuras genéticas posibles o *genotipos*, para una sola especie de vertebrado es un indicador de la complejidad de dichos sistemas, pero es sólo un indicador. La complejidad básica de estos sistemas proviene de las interacciones entre genes.

Adentrándonos en el campo de la bioquímica sin mucho detalle, distintos alelos del mismo gene producen proteínas interrelacionadas, las cuales generan a su vez las variaciones en las características expresadas, asociadas con ese gene. Comúnmente estas proteínas (combinaciones de ellas) son poderosos catalizadores biológicos llamados enzimas, capaces de modificar las velocidades de reacción en factores de 10,000 o más. Por esta razón, los genes ejercitan un control extensivo sobre las reacciones que se llevan a cabo en una célula; las enzimas que producen modulan las reacciones tan fuertemente que son los principales determinantes de la forma de la célula. Más aún, los productos de cualquier reacción controlada por enzimas pueden entrar en varias reacciones subsecuentes. De esta forma, los efectos y cambios en una sola enzima son generalmente amplios, causando grandes cambios en la función y forma de la célula. También es igualmente cierto que varios genes determinan conjuntamente una característica dada, por ejemplo, el color del iris en los humanos.

Todo esto incrementa considerablemente la complejidad del sistema, pero las dificultades más grandes surgen debido a que los efectos de las distintas enzimas no son aditivos, fenómeno conocido como *epistasis* o *epistasia* [2], [6]. Por ejemplo, si una secuencia de reacciones depende de varias enzimas, para fines prácticos la secuencia no procede hasta que todas las enzimas están presentes; la sustracción de una enzima detiene la reacción completamente. Son comunes reacciones más complicadas que involucran retroalimentación positiva y negativa, particularmente aquellas en que el producto de una reacción (secuencia) es un catalizador o inhibidor para algún paso intermedio de la reacción. La cuestión principal es que el efecto de cada alelo depende en gran medida de cuáles otros alelos están presentes; pequeños cambios pueden inducir grandes

³ El gen es la unidad básica de la herencia. Es una cadena lineal de nucleótidos – los bloques químicos que constituyen el ADN y el ARN. Es la unidad de almacenamiento de información capaz de sufrir replicación, mutación, y expresión. Se encuentran en posiciones específicas en los cromosomas [6].

⁴ Estructuras hechas a base de ADN y proteínas que contienen la información genética en un arreglo lineal.

⁵ Formas alternativas de un gen.

efectos. La amalgama de las características observadas en un organismo, el *fenotipo*, depende fuertemente de estos efectos epistáticos.

Debido a la epistasis no hay una manera simple de otorgar crédito a alelos individuales por el desempeño del fenotipo resultante. Lo que podría ser un buen alelo en coordinación con un conjunto apropiado de alelos para otros genes, puede resultar desastroso en un contexto genético diferente. Por esta razón, la adaptación no se puede llevar a cabo seleccionando de entre los alelos para un gene independientemente de los alelos que aparezcan para otros genes. Por lo anterior, la adaptación vía cambios en el arreglo genético se convierte básicamente en una búsqueda de conjuntos “coadaptados” de alelos (alelos de distintos genes que en conjunto aumentan significativamente el desempeño del fenotipo correspondiente). Debe de quedar claro que la “coadaptación” depende mayormente del ambiente en el que se encuentra el fenotipo. El gran conjunto de alelos que produce agallas en los peces incrementa el desempeño sólo en ambientes acuáticos. Esta dependencia a las características del ambiente da lugar a la noción de *nicho ambiental*, que aquí hace referencia al conjunto de características del ambiente que pueden ser explotadas por una organización apropiada del fenotipo. Ésta es una interpretación más amplia que la usual, la cual limita al nicho a aquellas características ambientales que en particular son explotadas por una especie dada. Un ejemplo de nicho ambiental, que concuerda con esta interpretación es el siguiente:

- Un ambiente rico en vibraciones atmosféricas en el rango de frecuencias de 50 a 50,000 ciclos por segundo. Los huesos del oído en los mamíferos son una adaptación que ayuda en la detección de estas vibraciones; una adaptación que claramente debe estar coordinada con otras muchas adaptaciones, incluyendo una red sofisticada de procesamiento de información, antes de que pueda mejorar las oportunidades de supervivencia de un organismo.

Es importante resaltar que muy distintos conjuntos de alelos “coadaptados” pueden explotar el mismo nicho ambiental. De esta forma, el ojo de los mamíferos acuáticos y el ojo del pulpo (funcionalmente similar) explotan el mismo nicho ambiental, pero se deben a conjuntos de alelos que a su vez pertenecen a conjuntos de genes completamente diferentes.

2.2.4. Requerimientos de los sistemas adaptables

La acción del ambiente $E \in \mathcal{E}$ sobre el fenotipo (y por consiguiente sobre el genotipo $A \in \mathcal{A}$), se resume en los estudios matemáticos de la genética mediante una sencilla medida del desempeño, μ_E , llamada *aptitud*.

La aptitud puede ser vista como una medida de la influencia del fenotipo en el futuro del proceso evolutivo. Asimismo, el examen de los genotipos puede considerarse como un procedimiento de muestreo. El espacio de muestreo es, en

este caso, el conjunto de todos los genotipos a , y el resultado de cada ensayo es el desempeño μ_E del fenotipo correspondiente. Sin embargo, ¿hasta qué punto el resultado $\mu_E(A)$ de una muestra $A \in a$ altera, o ejerce influencia sobre el plan de muestreo τ (los tipos de muestras que serán seleccionadas en el futuro)? Una segunda cuestión muy relacionada con la anterior es: ¿cómo afecta la historia de los resultados de muestras previas al plan de muestreo presente?

La respuesta a la primera pregunta, para sistemas genéticos, es que la influencia en el futuro que aporta cada individuo $A \in a$ es directamente proporcional a la muestra del desempeño $\mu_E(A)$. Esta relación no tiene que ser necesariamente así, sin embargo la reproducción en proporción al desempeño es un concepto importante que puede ser generalizado para proporcionar planes de muestreo, *planes reproductivos*, aplicables a cualquier problema que involucre la adaptación (incluyendo la amplia clase de problemas donde no hay una noción natural de la reproducción).

Una parte de la respuesta a la segunda pregunta, para sistemas genéticos, proviene de la observación de que las futuras poblaciones pueden desarrollarse únicamente vía reproducción de individuos en la población presente. Sea cual fuere la historia retenida, ésta debe ser representada en la población actual. En particular, la población debe servir como una síntesis de los valores observados de las muestras (desempeños). La población, por lo tanto, tiene la misma relación con un proceso adaptable que la noción de *estado* con las leyes físicas. Conociendo la estructura de la población o estado es posible determinar el futuro del proceso sin ninguna información adicional acerca del pasado del sistema.

La comprensión de las preguntas recién formuladas permite un entendimiento más completo de los requerimientos propios de un plan genético adaptable, sin embargo, también conduce a un dilema aparente. Por un lado, si los descendientes son simples duplicados de miembros adaptados de la población, la aptitud se mantiene pero no hay capacidad de mejoramiento. Por otro lado, dejando que la descendencia sea producida por simple variación al azar (proceso prácticamente idéntico a la enumeración) se permite un máximo de nuevas variantes, pero impide la retención de los avances logrados. El dilema se complica por dos hechos biológicos [4]:

1. En poblaciones biológicas constituidas por organismos avanzados (como los vertebrados) no existen dos individuos que posean cromosomas idénticos (omitiendo la posibilidad de gemelos idénticos). Esto es válido aún después de muchas generaciones.
2. En situaciones realistas, la avasalladora proporción de variantes posibles (todas las combinaciones de alelos posibles, no solo las observadas) son incapaces de sobrevivir para producir descendencia en los ambientes encontrados.

De esta forma, debido a la primera observación, los avances en la aptitud no son retenidos por simple duplicación. Al mismo tiempo, debido a la segunda observación, la falta observada de identidad no puede resultar de una simple variación aleatoria, porque seguramente seguiría la extinción en una sola generación; las variables elegidas completamente al azar, casi con certeza, serán estériles.

Gran parte del entendimiento para resolver este dilema yace en contestar dos preguntas, expresadas por Holland [4], cercanamente relacionadas a las preguntas generadas por el concepto de aptitud:

1. ¿Cómo puede un plan adaptable τ (específicamente un plan para sistemas genéticos) retener porciones útiles de su (rápidamente creciente) historia, junto con los avances ya realizados?
2. ¿Cómo el plan adaptable τ tendrá acceso y utilizará su historia (la porción almacenada) para incrementar la similitud de aquellas variantes aptas ($A \in a$ tal que $\mu_E(A)$ esté por encima del promedio)?

De nuevo, estas preguntas son relevantes al espectro completo de campos mencionados.

La resolución del dilema recae en la acción de los operadores genéticos Ω dentro del plan reproductivo τ . Los operadores genéticos más conocidos exhiben dos propiedades que afectan en gran medida esta acción:

1. Los operadores no afectan directamente el tamaño de la población. El efecto principal es alterar y redistribuir los alelos dentro de la población. Los alelos en un individuo provienen comúnmente de más de una fuente en la generación previa, por ejemplo, el cruzamiento de los padres en el caso de los vertebrados, o la transducción en el caso de las bacterias.
2. Los operadores separan rara vez alelos que se encuentran cerca unos de otros en un cromosoma. Es decir, alelos que se encuentran juntos, generalmente permanecen juntos después de la acción de los operadores.

Para poder analizar los efectos que tienen los operadores genéticos en un plan reproductivo, puede considerarse, por ejemplo, que dicho plan se desarrolla mediante la aplicación repetida de un procedimiento de dos etapas: durante la primera etapa, copias adicionales de algunos individuos que exhiben desempeños por encima del promedio son añadidos a la población mientras que algunos individuos con desempeños inferiores al promedio son eliminados. Cada individuo tiene un número esperado de descendencia o tasa de reproducción proporcional a su desempeño. Durante la segunda etapa, los operadores genéticos son aplicados, intercambiando y modificando conjuntos de alelos en los cromosomas de diferentes individuos, de manera que la descendencia ya no es idéntica a sus

progenitores. El resultado es una nueva población modificada. El proceso se itera para producir generaciones sucesivas de variantes.

Ahora, ¿qué ocurre si un conjunto adyacente de alelos aparece en varios cromosomas distintos con aptitudes por encima del promedio, y no en otro lado? Debido a que cada uno de los cromosomas será duplicado un número de veces por encima del promedio, los alelos ocuparán una proporción creciente de la población después de la fase de duplicación. Esta proporción incrementada resultará independientemente de que los alelos tuvieran algo que ver o no con la aptitud por encima del promedio. La aparición de los alelos en los cromosomas súper-adaptados pudiera ser circunstancial, pero es igualmente cierto que cualquier correlación entre la selección dada de alelos y aptitudes por encima del promedio será aprovechada por esta acción. Más aún, entre más variados sean los cromosomas conteniendo a los alelos, será menos probable que los alelos y las aptitudes por encima del promedio no estén correlacionados.

¿Qué pasa ahora cuando los operadores genéticos son aplicados para formar la próxima generación? Como fue indicado anteriormente, entre más cerca estén los alelos unos de otros en el cromosoma será menos probable su separación durante la etapa de aplicación de los operadores. En consecuencia, la fase de aplicación de operadores transfiere usualmente conjuntos adyacentes de genes como una unidad, colocándolos en nuevos contextos cromosómicos sin perturbarlos de otra forma. Estos nuevos contextos prueban posteriormente los conjuntos de alelos para correlación con aptitudes por encima del promedio. Si el conjunto de alelos seleccionado en realidad incrementa la aptitud, los cromosomas conteniendo el conjunto serán nuevamente (en promedio) súper-adaptados. Por otro lado, si las asociaciones previas fueron simplemente circunstanciales, la asociación mantenida con cromosomas súper-adaptados se vuelve cada vez menos probable a medida que el número de ensayos (nuevos contextos) se incrementa. El efecto neto del plan genético a lo largo de varias generaciones será un aumento en el predominio de alelos y conjuntos de alelos que aumentan la aptitud en el ambiente dado.

Hasta el momento sólo se han mencionado las presuntas consecuencias que resultan de aplicar los operadores genéticos a un plan adaptable. Más adelante se presentarán los fundamentos matemáticos que muestran que los efectos supuestos tienen en realidad una razón de ser, y no son simples especulaciones, como lo comprobarán el *teorema del esquema* y la *hipótesis de los bloques constructores*.

2.3. Optimización

En su sentido más amplio, el término optimización (optimación) se refiere a los esfuerzos y procesos para tomar una decisión o hacer un diseño o un sistema tan perfecto, funcional, y eficaz como sea posible. En su aspecto conceptual, la formulación y resolución de un problema de optimización entraña el

establecimiento de un criterio de evaluación basado en los objetivos del problema de optimización, seguido por la determinación de los valores óptimos de los parámetros controlables o independientes que puedan satisfacer de la mejor manera el criterio de la evaluación.

La optimización pretende mejorar el desempeño hacia un punto(s) óptimo(s). Es importante resaltar que esta definición consta de dos partes [3]:

- se busca un mejoramiento,
- para aproximarse a un punto óptimo.

Existe una clara distinción entre el proceso de mejoramiento y el destino mismo del proceso u óptimo, por lo que es preciso definir prioridades. La meta más importante de la optimización es el mejoramiento. En la mayoría de los problemas prácticos es más importante mantener un nivel de desempeño satisfactorio que lograr un desempeño perfecto, ya que el óptimo casi siempre es inalcanzable.

2.3.1. Robustez

Una característica muy importante de cualquier método de optimización o de solución de problemas, y que ha sido el tema central de investigación en los algoritmos genéticos, es la *robustez*. Dicho de otra forma, el balance necesario entre *eficiencia* y *eficacia* para la supervivencia en ambientes muy diversos [3].

Las implicaciones de la robustez en sistemas artificiales son múltiples. Si los sistemas artificiales pueden hacerse más robustos, se pueden reducir o incluso eliminar costosos rediseños. Si se pueden alcanzar niveles más altos de adaptación, los sistemas existentes podrían desempeñar sus funciones de una mejor manera y durante más tiempo. Como se verá más adelante, los sistemas adaptables presentan características de robustez, eficiencia, y flexibilidad inigualables que sorprenderían a cualquier diseñador de sistemas artificiales, ya sea de hardware o de software. Características como auto-reparación, guía autónoma, y reproducción son una constante en los sistemas biológicos, mientras que éstas apenas existen en los más sofisticados sistemas artificiales. No por nada la evolución es el único proceso conocido que ha sido capaz de crear inteligencia.

2.3.2. Métodos tradicionales de optimización y búsqueda

De acuerdo al investigador David E. Goldberg [3], existen tres tipos principales de métodos de búsqueda: aquellos basados en el cálculo, los enumerativos, y los aleatorios.

Los métodos basados en el cálculo han sido sumamente estudiados. Éstos se subdividen en dos clases principales: indirectos y directos. Los métodos

indirectos buscan los extremos locales resolviendo el sistema de ecuaciones, usualmente no lineal, haciendo el gradiente de la función objetivo igual a cero. Ésta es la generalización multidimensional de la noción elemental de cálculo de los puntos extremos. Dada una curva suave sin restricciones, la búsqueda de un posible pico comienza restringiendo la misma a aquellos puntos con pendientes iguales a cero en todas las direcciones. Por otra parte, los métodos directos de búsqueda escudriñan los óptimos locales montándose en la función y moviéndose en una dirección relacionada al gradiente local. Esto es simplemente la noción de *escalada de colina (hill-climbing)*, en la cual para encontrar el máximo local, se escala a través de la función en dirección de la pendiente más pronunciada permisible. A pesar de que ambos métodos han sido perfeccionados, un razonamiento muy simple muestra su falta de robustez.

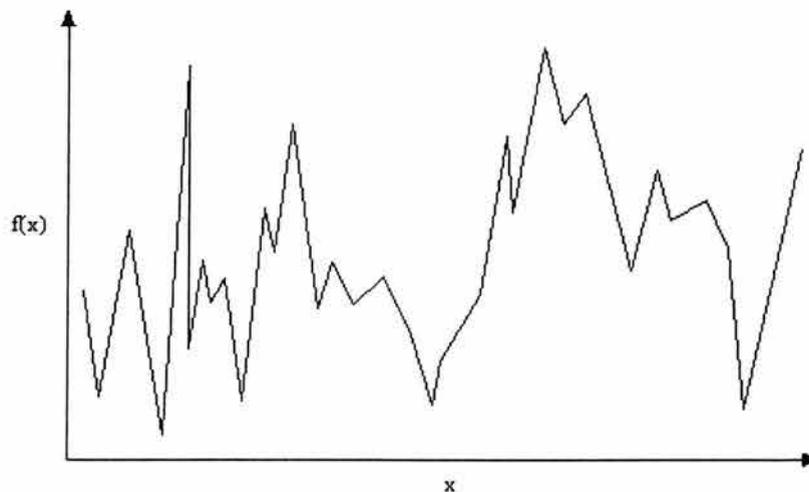


Figura 2.3. Espacio multimodal en 2D

En primer lugar, ambos métodos son locales en su ámbito; los máximos (mínimos) que buscan son los mejores en la vecindad del punto actual. Estos métodos funcionan bien en funciones con un solo pico (unimodales) pero frecuentemente fallan en funciones con varios picos (multimodales), como las que se muestran en las Figuras 2.3 y 2.4. El problema radica en que el primer pico encontrado será el que sea escalado, y existe la posibilidad de que no sea el pico más alto. Una vez alcanzado un máximo local ya no se puede realizar algún progreso. En segundo lugar, los métodos basados en el cálculo dependen de la existencia de derivadas (valores de pendiente bien definidos). Aún si se permite la aproximación numérica de las derivadas, éste es un severo inconveniente. Muchos espacios de parámetros de problemas prácticos tienen poco respeto por la noción de la derivada y la suavidad que esto implica. Los teóricos interesados en la optimización han sido muy complacientes en aceptar el legado de los grandes matemáticos de los siglos XVIII, y XIX, quienes pintaban un mundo simple de funciones cuadráticas, restricciones ideales, y derivadas siempre presentes. El mundo real de búsqueda está lleno de discontinuidades y de vastos y ruidosos espacios de búsqueda multimodales. Además, no existe información disponible acerca del error relativo (con respecto al óptimo global) de la solución encontrada.

De esta manera queda claro que los métodos dependientes de los requerimientos de continuidad y existencia de derivadas no son útiles sino para un dominio de problemas muy limitado.

Los esquemas enumerativos han sido considerados en muchas formas y tamaños. La idea es muy simple; dentro de un espacio finito de búsqueda, o un espacio infinito hecho discreto, el algoritmo de búsqueda comienza muestreando los valores de la función objetivo en cada punto del espacio, uno a la vez. Aunque la simplicidad de este tipo de algoritmo es atractiva, y la enumeración es un tipo de búsqueda muy humano (cuando el número de posibilidades es pequeño), tales esquemas deben ser descartados por una sencilla razón: falta de eficiencia. Muchos espacios prácticos son demasiado grandes para probar un punto a la vez, y todavía tener la oportunidad de utilizar la información para un fin práctico.

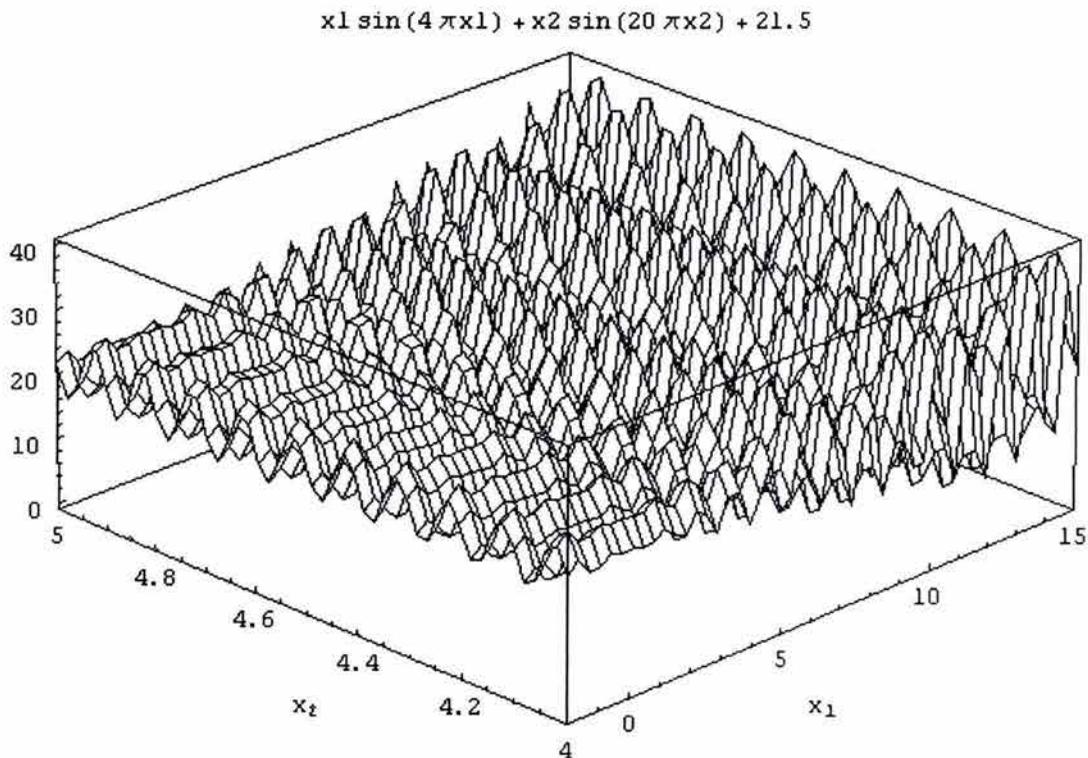


Figura 2.4. Espacio multimodal en 3D

Finalmente, los algoritmos de búsqueda aleatoria han incrementado su popularidad a la vez que los investigadores han reconocido los inconvenientes de los métodos basados en el cálculo y los esquemas enumerativos. Sin embargo, los paseos al azar y los esquemas aleatorios que buscan y almacenan los mejores valores también deben ser descartados debido al requerimiento de la eficiencia. Las búsquedas aleatorias, a la larga, no pueden desempeñarse mejor que los esquemas enumerativos. Sin embargo, debemos tener cuidado en diferenciar estos procedimientos de aquellas técnicas que poseen características aleatorias.

El algoritmo genético es un ejemplo de un procedimiento de búsqueda aleatoria que utiliza la selección al azar como una herramienta para guiar una búsqueda mediante la codificación de un espacio de parámetros.

Hasta este momento se puede concluir que los métodos de escudriñamiento tradicionales no son robustos (Figura 2.5⁶). Esto no implica que no sean útiles. Los esquemas mencionados con anterioridad, así como incontables combinaciones híbridas y permutaciones han sido utilizadas con éxito en múltiples aplicaciones, sin embargo, al atacar problemas más complejos serán necesarios otros procedimientos, en particular los métodos de inteligencia artificial, como lo son los algoritmos evolutivos, los cuales han demostrado teórica y empíricamente que realizan una búsqueda robusta en espacios complejos. Más aún, no se encuentran limitados fundamentalmente por suposiciones restrictivas acerca del espacio de búsqueda (suposiciones que conciernen la continuidad, existencia de derivadas, unimodalidad, y otros asuntos).

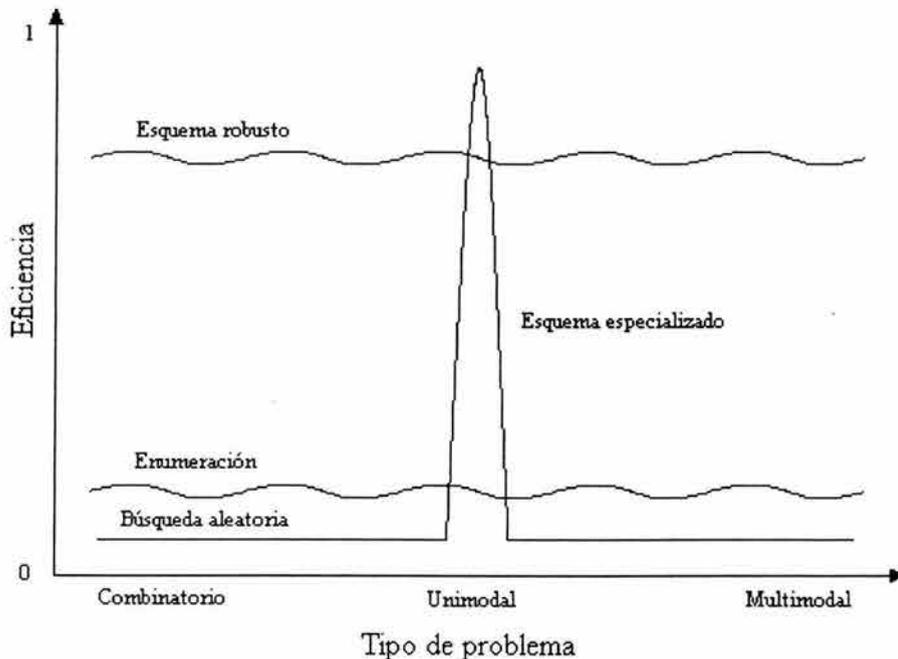


Figura 2.5. Robustez de los diversos métodos de optimización

2.3.3. Diferencias entre los algoritmos genéticos y los métodos tradicionales

Para que los algoritmos genéticos superen a sus parientes más tradicionales en la búsqueda por la robustez, éstos deben diferir de manera substancial. Existen cuatro diferencias principales [3]:

⁶ Del autor David E. Goldberg, en su libro *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*.

- 1) Los algoritmos genéticos trabajan con una codificación del conjunto de parámetros que se desea optimizar del problema en cuestión, y no con los parámetros mismos. Esta codificación, por lo general, consiste en generar una cadena de longitud finita, empleando para ello algún alfabeto finito.
- 2) Los algoritmos genéticos trabajan con una rica base de datos de puntos (generalmente cadenas o vectores binarios) simultáneamente, y no con uno solo, como se aprecia en la Figura 2.6. Escalan muchos picos en paralelo; de esta forma, la probabilidad de encontrar un pico equivocado se reduce en comparación con aquellos métodos que van punto a punto.
- 3) Los algoritmos genéticos emplean información de los resultados de la función objetivo (función de aptitud). No utilizan derivadas u otra información auxiliar.
- 4) Los algoritmos genéticos usan reglas de transición probabilísticas, no determinísticas.

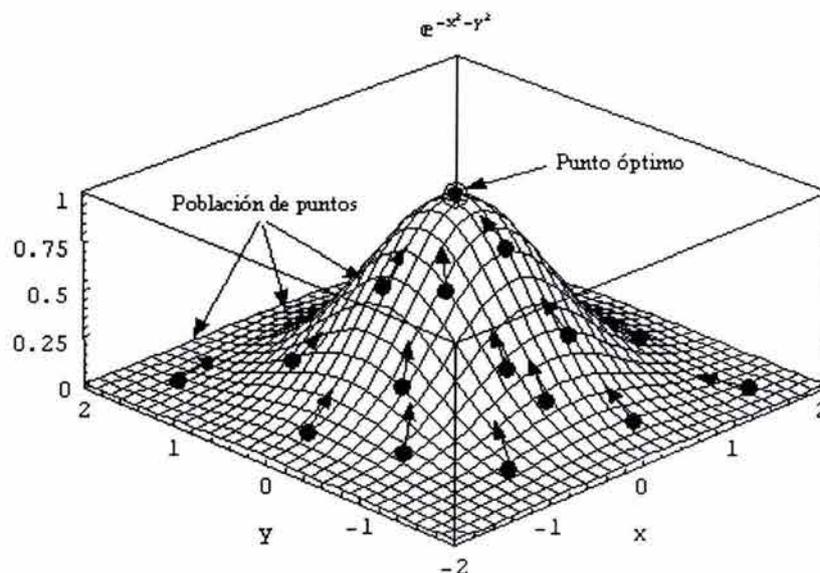


Figura 2.6. Búsqueda del óptimo mediante poblaciones de puntos

2.4. Algoritmos genéticos

Durante los últimos treinta años ha habido un creciente interés en algoritmos basados en analogías a procesos naturales. Se utiliza el término común *programas evolutivos* (*algoritmos evolutivos*) para referirse a todos los sistemas basados en la evolución. El surgimiento de ordenadores paralelos masivos ha hecho estos algoritmos de interés práctico. Los algoritmos más conocidos de esta clase incluyen a la *programación evolutiva*, *estrategias evolutivas*, *recocido simulado*, *sistemas clasificadores*, *redes neuronales*, así como los *algoritmos genéticos* [8].

Anteriormente se analizaron los requisitos que debe satisfacer un sistema para poder catalogarse como adaptable. De igual forma, se presentaron las características esenciales de dichos sistemas dentro de un marco más o menos formal. Como se acaba de mencionar, los algoritmos evolutivos se basan precisamente en analogías a sistemas adaptables, sin embargo, es necesario fundamentar matemáticamente los procesos adaptables para poder desarrollar algoritmos que sean de utilidad para aplicaciones prácticas en sistemas artificiales, como podría ser un programa de computadora. A continuación se explican los algoritmos evolutivos, y en particular el algoritmo genético simple dentro de un marco formal.

La estructura de un algoritmo genético simple es la misma que la estructura de cualquier programa evolutivo. Un algoritmo genético mantiene una población de individuos, $P(t) = \{x_1^t, \dots, x_n^t\}$ dada una iteración t . Esta población de individuos $P(t)$ puede ser considerada como el conjunto de estructuras asequibles a , en el tiempo t , que caracteriza a los sistemas adaptables. Cada individuo representa una solución potencial al problema en consideración, y, en cualquier programa evolutivo, es implementado como una estructura (posiblemente compleja) de datos S (estructura análoga a $A \in a$ para los sistemas adaptables). Cada solución x_i^t es evaluada para tener alguna medida de su "aptitud". Posteriormente se forma una nueva población (iteración $t+1$) mediante la selección de los individuos más aptos (fase de selección). Algunos miembros de la nueva población sufren transformaciones (fase de alteraciones) por medio de operadores "genéticos" para formar nuevas soluciones. Existen transformaciones unarias m_i (tipo mutación), las cuales crean nuevos individuos con un pequeño cambio en un solo individuo ($m_i : S \rightarrow S$), transformaciones de orden superior c_j (tipo cruzamiento), las cuales crean nuevos individuos combinando partes de varios (dos o más) individuos ($c_j : S \times \dots \times S \rightarrow S$). Después de algún número de generaciones el programa converge, esperando que el mejor individuo represente una solución cercana (razonablemente) a la óptima.

Un algoritmo genético (como cualquier programa evolutivo) para un problema en particular debe de tener los siguientes cinco componentes [8]:

- una representación genética para las soluciones potenciales al problema,
- una manera de crear una población inicial de soluciones potenciales,
- una función de evaluación que juegue el papel del medio ambiente, calificando las soluciones en términos de su "aptitud",
- operadores genéticos que alteren la composición de la descendencia, y

- valores para diversos parámetros que usa el algoritmo genético (tamaño de la población, probabilidades de aplicación de los operadores genéticos, etc.).

2.4.1. Terminología empleada en los algoritmos genéticos

Los algoritmos genéticos usan un vocabulario prestado de la genética en sistemas biológicos. Hablamos acerca de *individuos* (*genotipos*, *estructuras*) en una población; habitualmente estos individuos también reciben el nombre de *cadena* o *cromosomas*. Esto puede ser un poco confuso ya que cada célula de cada organismo de una determinada especie lleva consigo un número determinado de cromosomas (el hombre, por ejemplo, tiene 46 de ellos); en este trabajo se hablará únicamente acerca de individuos con un solo cromosoma, es decir, cromosomas *haploides*. Los cromosomas se encuentran formados por unidades o *genes* (también llamados *características*, *caracteres*, o *decodificadores*), arreglados en sucesión lineal; cada gen controla la herencia de uno o varios caracteres. Los genes de ciertos caracteres se ubican en lugares específicos del cromosoma, llamados *loci* (posiciones en la cadena). Cualquier carácter de los individuos (como el color del cabello) puede manifestarse de forma distinta; se dice que el gene se encuentra en varios estados, llamados *alelos* (valores de una característica).

Cada genotipo (en este trabajo un cromosoma) representaría una solución potencial a un problema (el significado de un cromosoma particular, su *fenotipo*, es definido externamente por el usuario); un proceso evolutivo operando sobre una población de cromosomas corresponde a una búsqueda a través del espacio potencial de soluciones. Una búsqueda tal requiere del equilibrio entre dos objetivos aparentemente conflictivos: la *explotación* de las mejores soluciones y la *exploración* del espacio de búsqueda [1].

2.4.2. Un algoritmo genético simple

Como se había mencionado anteriormente, un algoritmo genético simple, que puede proporcionar buenos resultados en muchos problemas prácticos, está compuesto de tres operadores básicos, los cuales son: *reproducción* (*selección*), *cruciamiento* (*recombinación*), y *mutación*. En la Figura 2.7 se muestra el ejemplo más común de un algoritmo genético simple por medio de un diagrama de flujo, donde se aprecia la secuencia de aplicación de los operadores antes mencionados.

La reproducción es un proceso en el cual cadenas individuales son copiadas de acuerdo a sus valores de función objetivo f . Como se mencionó con anterioridad, los biólogos llaman a esta función como función de aptitud, μ . Intuitivamente, se puede pensar en la función f como una medida de la ganancia, bien, o utilidad que se desea maximizar.

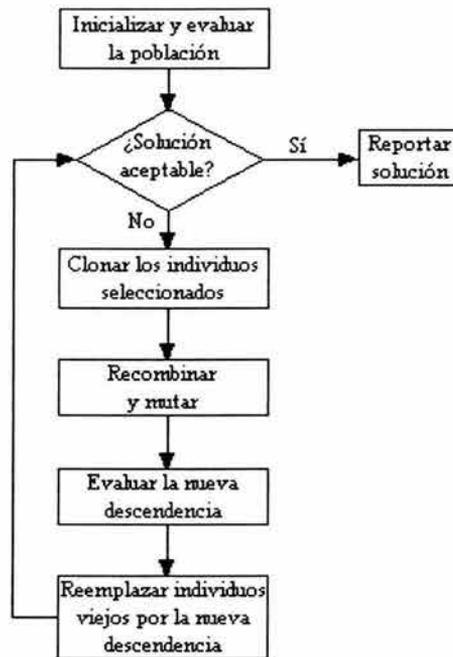


Figura 2.7. Paradigma del algoritmo genético

El objetivo es el árbitro final que decide la vida o la muerte de las criaturas de cadena.

El operador de reproducción puede ser implementado en forma algorítmica en muy diversas formas. Tal vez la más fácil sea crear una ruleta (Figura 2.8), donde a cada miembro de la población le corresponde un sector de dicha ruleta, cuyas dimensiones están proporcionadas de acuerdo a su aptitud.

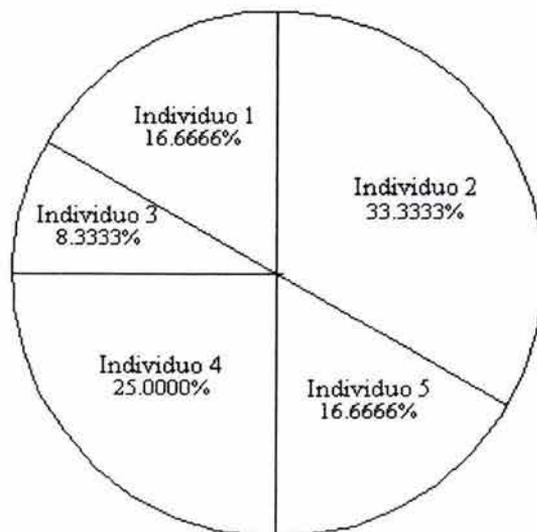


Figura 2.8. Rueda de ruleta ponderada

reproducidas, se forman parejas en la piscina de apareamiento de forma aleatoria. En segundo lugar, cada par de cadenas lleva a cabo el cruzamiento como sigue:

Copiar las cadenas de acuerdo a sus valores de aptitud significa que las cadenas con un valor más alto tienen mayor probabilidad de contribuir con uno o más descendientes en la siguiente generación. Este operador no es más que una versión artificial de la selección natural de Darwin, la supervivencia del más apto entre criaturas de cadena.

En las poblaciones naturales, la aptitud es determinada por la habilidad que posee una criatura para sobrevivir a los depredadores, la pestilencia, y otros obstáculos hacia la madurez y reproducción subsecuentes. En un ambiente plenamente artificial, la función

Cada vez que se requiere un descendiente, un simple giro de la ruleta proporciona el candidato para la reproducción. Una vez que se ha seleccionado una cadena para la reproducción, se crea una réplica exacta de la misma. Esta cadena se deposita después en una *piscina de apareamiento (mating pool)*, formando así una nueva población tentativa que sufrirá la acción de otros operadores genéticos.

Después de la reproducción, el cruzamiento se lleva a cabo en dos pasos. En primer lugar, empleando la nueva población de cadenas recién

se selecciona una posición a lo largo de la cadena al azar. Esta posición seleccionada será la misma para ambas cadenas que forman la pareja. Posteriormente, se intercambian todos los caracteres de la primera cadena que se encuentren después de la posición seleccionada por aquellos caracteres de la segunda cadena que se encuentren después de la posición seleccionada y viceversa, formando así dos nuevas cadenas. En la Figura 2.9 se ilustra el proceso anterior, así como un método alternativo para realizar el proceso de cruzamiento, en el cual se seleccionan dos posiciones en la cadena en lugar de una sola posición.

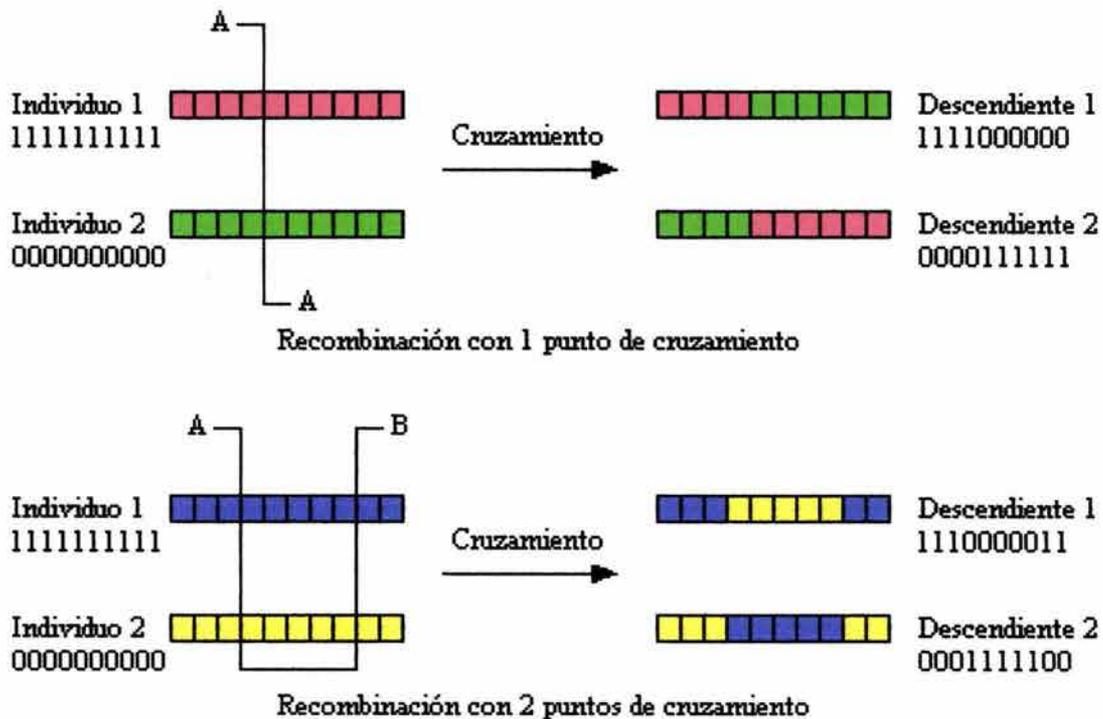


Figura 2.9. Operador de cruzamiento

La mutación juega decididamente un papel secundario en la operación de los algoritmos genéticos. La mutación es necesaria porque aún cuando la reproducción y el cruzamiento exploran y recombinan las ideas existentes con eficiencia, ocasionalmente pueden perder material genético potencialmente útil (unos y ceros en ubicaciones particulares). En los sistemas genéticos artificiales, el operador de mutación protege ante tal pérdida irrecuperable. En el algoritmo genético simple, la mutación es la alteración aleatoria ocasional (con baja probabilidad) del valor de una posición en la cadena.

Para obtener buenos resultados, en estudios empíricos se ha determinado que la frecuencia de mutación es del orden de una mutación por cada 1000 bits (posiciones) [1], [3]. La tasas de mutación son igualmente pequeñas (o más pequeñas aún) en poblaciones naturales, lo que lleva a la conclusión de que la mutación es considerada apropiadamente como un mecanismo secundario en la

adaptación del algoritmo genético. En la Figura 2.10 se ilustra el concepto de mutación en los algoritmos genéticos.

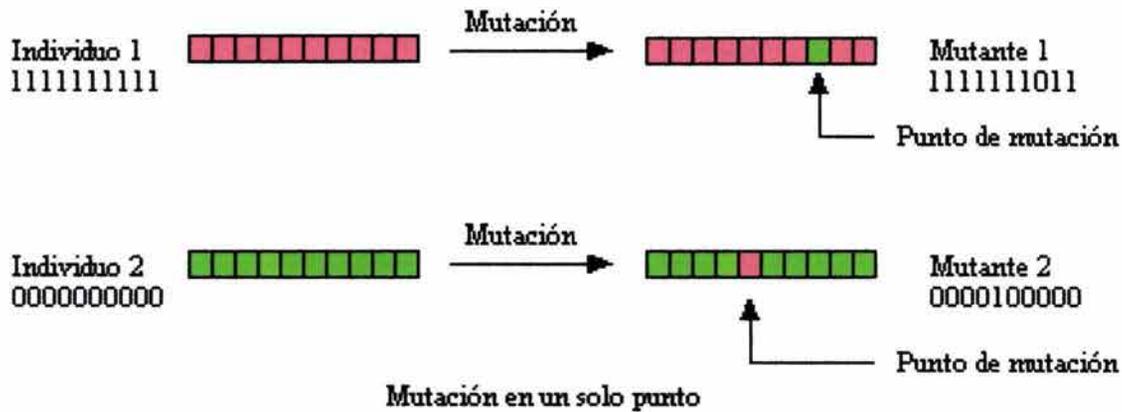


Figura 2.10. Operador de mutación

Cuando se habla de optimización pueden considerarse, en términos generales, problemas de maximización únicamente [8]. Si el problema de optimización es minimizar una función f , esto es equivalente a maximizar una función g , donde $g = -f$, es decir,

$$\min f(x) = \max g(x) = \max \{-f(x)\}.$$

Además, puede asumirse que la función objetivo f toma valores positivos en su dominio; de no ser así, puede añadirse alguna constante positiva C de la siguiente forma:

$$\max g(x) = \max \{g(x) + C\}.$$

Supóngase ahora que se desea maximizar una función de k variables, $f(x_1, \dots, x_k): \mathbb{R}^k \rightarrow \mathbb{R}$. Se considera además que cada variable x_i puede tomar valores de un dominio $D_i = [a_i, b_i] \subseteq \mathbb{R}$ y además $f(x_1, \dots, x_k) > 0, \forall x_i \in D_i$. También se tiene que tomar en cuenta la precisión con la que se desea optimizar la función; generalmente se consideran seis cifras decimales. En consecuencia, si se desea que cada variable x_i , al ser codificada como una cadena binaria, cumpla con el requerimiento de precisión, se tiene que dividir el dominio D_i en $(b_i - a_i) \cdot 10^{\text{precisión}}$ intervalos iguales donde $\text{precisión} = 6$ como se mencionó anteriormente. Se denota mediante ent_i al entero más pequeño de manera que $(b_i - a_i) \cdot 10^{\text{precisión}} \leq 2^{\text{ent}_i} - 1$. De esta forma, cada variable x_i codificada como una cadena binaria cumplirá con el requerimiento de precisión.

Ahora, cada cromosoma (como solución potencial) es representado por una cadena binaria de longitud $l = \sum_{i=1}^k l_i$; los primeros bits l_1 se correlacionan a un valor del intervalo $[a_1, b_1]$, el siguiente grupo de bits l_2 se correlacionan al intervalo $[a_2, b_2]$, y así sucesivamente hasta l_k y $[a_k, b_k]$. La representación en conjunto del valor de cada una de las variables que conforman una solución potencial al problema, en forma de un único vector binario constituye el genotipo de la solución potencial.

Adicionalmente, para poder interpretar o decodificar una cadena binaria se emplea la siguiente fórmula:

$$x_i = a_i + dec(cad_2) \cdot \frac{b_i - a_i}{2^{ent_i} - 1},$$

donde $dec(cad_2)$ representa el valor decimal de esa cadena binaria. La decodificación de un vector binario constituye el fenotipo de la solución potencial. Es importante señalar que en el caso de funciones de varias variables, la decodificación se realiza por partes. La secuencia de los bits en la cadena es sumamente importante ya que un grupo de bits en la cadena representará el valor de una de las variables de dicha función, otro grupo de bits representará el valor de otra de las variables, y así sucesivamente.

Para inicializar una población, podemos colocar un número n de cromosomas de forma aleatoria (se asignan valores a los bits al azar). Sin embargo, si poseemos alguna información acerca de la distribución de óptimos potenciales, podemos utilizar tal información para arreglar el conjunto inicial (potencial) de soluciones.

Para el proceso de selección de una nueva población con respecto a la probabilidad de distribución basada en los valores de la aptitud, se utiliza una ruleta con sectores dimensionados de acuerdo a su aptitud, como se mencionó con anterioridad. Se construye tal ruleta como sigue (asumiendo que los valores de la aptitud son positivos, de lo contrario puede utilizarse algún tipo de escala):

- Se calcula el valor de la aptitud $apt(v_i)$ para cada cromosoma v_i donde $i = 1, \dots, n$.
- Se encuentra la aptitud total de la población,

$$F = \sum_{i=1}^n apt(v_i).$$

- Se calcula la probabilidad de selección p_i para cada cromosoma v_i donde $i=1,\dots,n$ y

$$p_i = \frac{apt(v_i)}{F}.$$

- Se calcula la probabilidad acumulativa q_i para cada cromosoma v_i donde $i=1,\dots,n$ y

$$q_i = \sum_{j=1}^i p_j.$$

El proceso de selección se basa en hacer girar la ruleta un número n de veces, seleccionando cada vez un solo cromosoma para la nueva población de la siguiente manera:

- Se genera un número aleatorio de punto flotante r entre el intervalo $[0,1]$.
- Si $r < q_1$ entonces se selecciona el primer cromosoma (v_1); de otra forma se selecciona el i -ésimo cromosoma v_i donde $2 \leq i \leq n$, de tal manera que $q_{i-1} < r \leq q_i$.

Obviamente algunos cromosomas pueden ser seleccionados más de una vez. Posteriormente se aplica el operador de recombinación o cruzamiento a los individuos en la nueva población. Uno de los parámetros de un sistema genético es la probabilidad de cruzamiento p_c . Esta probabilidad proporciona el número esperado $p_c \cdot n$ de cromosomas que experimentan la operación de cruzamiento. Se procede de la siguiente forma:

- Se genera un número aleatorio de punto flotante r entre el intervalo $[0,1]$;
- Si $r < p_c$, se selecciona dicho cromosoma para la recombinación.

Después se cruzan los cromosomas seleccionados al azar; para cada par de cromosomas se genera un número aleatorio entero pos en el intervalo $[1,\dots,l-1]$ donde l es la longitud total (número de bits) de un cromosoma. El número pos indica la posición del punto de cruzamiento. Dos cromosomas,

$$\langle b_1 b_2 \dots b_{pos} b_{pos+1} \dots b_l \rangle$$

$$\langle c_1 c_2 \dots c_{pos} c_{pos+1} \dots c_l \rangle,$$

son reemplazados por un par de su descendencia:

$$\left\langle b_1 b_2 \dots b_{pos} c_{pos+1} \dots c_l \right\rangle$$

$$\left\langle c_1 c_2 \dots c_{pos} b_{pos+1} \dots b_l \right\rangle$$

El siguiente operador, la mutación, se aplica bit por bit. Otro parámetro de un sistema genético, la probabilidad de mutación p_m , proporciona el número esperado de bits mutados $p_m \cdot l \cdot n$. Cada bit (en todos los cromosomas de la población) tiene la misma oportunidad de ser sometido a la mutación, cambiar de 0 a 1 y viceversa. Para cada cromosoma en la población actual (posterior al cruzamiento) y para cada bit dentro del cromosoma:

- Se genera un número aleatorio de punto flotante r entre el intervalo $[0,1]$;
- Si $r < p_m$, se muta el bit.

Después de la selección, cruzamiento, y mutación, la nueva población está lista para la siguiente evaluación. Esta evaluación es utilizada para construir la distribución de probabilidad (para el siguiente proceso de selección), es decir, para la construcción de una ruleta con sectores de acuerdo al tamaño de las aptitudes actuales. El resto de la evolución es sólo una repetición cíclica de los pasos anteriores.

2.4.3. ¿Por qué funcionan los algoritmos genéticos?

Los fundamentos teóricos de los algoritmos genéticos se apoyan en una representación binaria de las soluciones, y en la noción de *esquema* (*schema*), que es tan solo una plantilla que permite la localización de similitudes o patrones entre cromosomas, razón por la cual también se le conoce como *plantilla de similitud* (*similarity template*) [1], [3], [4], [8].

Un esquema (Figura 2.11) se construye introduciendo un símbolo comodín (*) en el alfabeto binario de genes $\{0,1\}$. Un esquema representa todas las cadenas (un hiperplano, o subconjunto del espacio de búsqueda) que coinciden con él en todas las posiciones excepto aquellas donde aparece el símbolo (*), es decir, un esquema coincide con una cadena en particular si para cada locación en el esquema un 1 coincide con un 1 en la cadena, un 0 coincide con un 0, o un (*) coincide con cualquier símbolo.

Es importante resaltar que el símbolo (*) es sólo un meta-símbolo (un símbolo acerca de otros símbolos); nunca es procesado explícitamente por el algoritmo genético. Es simplemente una notación que permite la descripción de todas las posibles similitudes entre cadenas de una longitud y alfabeto particulares.

En general, para alfabetos de *cardinalidad* (número de caracteres del alfabeto) k , existen $(k+1)^l$ esquemas. Para el caso de un alfabeto binario, como el que se utiliza en este trabajo, se tienen 3^l esquemas. Así mismo, una cadena particular se relaciona con 2^l esquemas. Análogamente, cada esquema se relaciona con exactamente 2^{com} cadenas, donde *com* es el número de símbolos comodines (*) en una plantilla. Como resultado de lo anterior, una población de tamaño n contiene entre 2^l y $n \cdot 2^l$ esquemas, dependiendo de la diversidad de la población. Este hecho verifica la suposición anterior. El motivo para tomar en cuenta las similitudes era obtener mayor información que ayude a guiar la búsqueda.

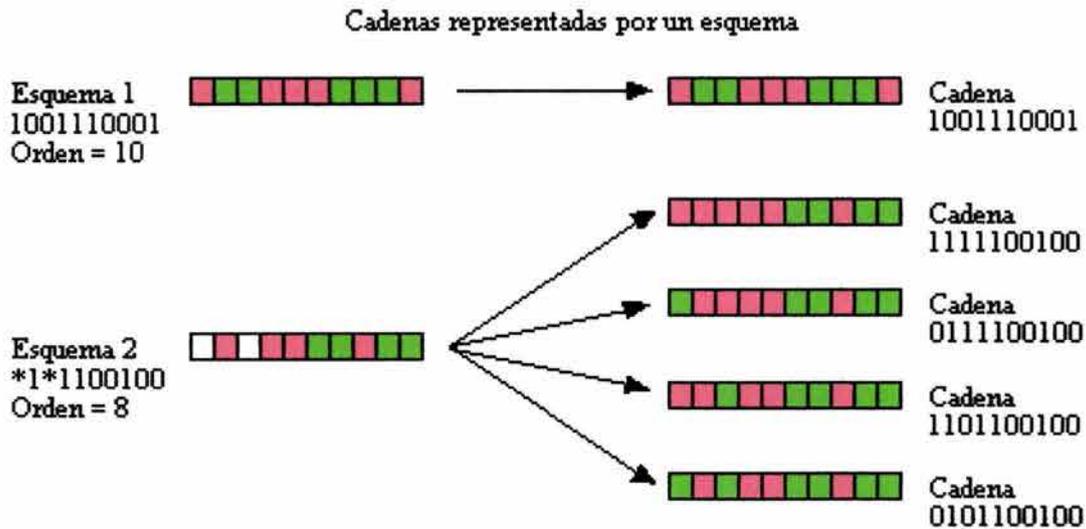


Figura 2.11. Noción de esquema

Existen dos importantes propiedades del esquema, *orden* y *longitud determinante*; el teorema del esquema será formulado con base a estas propiedades.

El *orden del esquema* S , denotado por $o(S)$, es el número de ceros y unos, posiciones fijas (posiciones no comodines), presentes en el esquema. En otras palabras, es la longitud de la plantilla menos el número de símbolos comodines. El orden es un indicador de qué tan específico es un esquema.

La noción de orden de esquema es útil para calcular las probabilidades de supervivencia de un esquema durante la aplicación del operador de mutación.

La *longitud determinante* de un esquema S , denotada por $\delta(S)$ es la distancia entre la primera y la última posiciones fijas. Define la compactación de la información contenida en un esquema. Cabe resaltar que un esquema con una sola posición fija tiene una longitud determinante de cero.

La noción de longitud determinante de un esquema es útil para calcular las probabilidades de supervivencia de un esquema durante la aplicación del operador de cruzamiento.

Otra propiedad de un esquema es su *aptitud* en el tiempo t , $apt(S, t)$. Se encuentra definida como el promedio de las aptitudes de todas las cadenas en la población que coinciden con el esquema S . Asumiendo que hay p cadenas $\{v_1, \dots, v_p\}$ en la población asociadas con un esquema S en el tiempo t ,

$$apt(S, t) = \sum_{j=1}^p \frac{apt(v_j)}{p}. \quad (2.1)$$

Como se ha visto, en una sola selección de cadena, la cadena v_i tiene una probabilidad

$$p_i = \frac{apt(v_i)}{F(t)} \quad (2.2)$$

para ser seleccionada, donde $F(t)$ es la aptitud total de la población completa en el tiempo t , y

$$F(t) = \sum_{i=1}^n apt(v_i). \quad (2.3)$$

Después de la selección se espera tener $\xi(S, t+1)$ cadenas que coincidan con el esquema S . En virtud de que:

1. la probabilidad de seleccionar una cadena promedio que coincida con el esquema S (durante una sola selección) es igual a

$$\frac{apt(S, t)}{F(t)},$$

2. el número de cadenas en una población que coinciden con el esquema S en el tiempo (iteración) t es igual a $\xi(S, t)$, y
3. el número de selecciones es igual a n , queda claro que

$$\xi(S, t+1) = \xi(S, t) \cdot n \cdot \left(\frac{apt(S, t)}{F(t)} \right). \quad (2.4)$$

Tomando en cuenta que la aptitud promedio de la población está dada por la siguiente expresión:

$$\overline{F(t)} = \frac{F(t)}{n}, \quad (2.5)$$

podría describirse la ecuación (2.4) como

$$\xi(S, t+1) = \xi(S, t) \cdot \left(\frac{\text{apt}(S, t)}{\overline{F(t)}} \right). \quad (2.6)$$

En otras palabras, el número de cadenas en la población crece a razón de la aptitud del esquema entre la aptitud promedio de la población. Esto significa que un esquema por encima del promedio recibe un número creciente de cadenas en la siguiente generación, un esquema por debajo del promedio recibe un número decreciente de cadenas, y un esquema promedio se mantiene en el mismo nivel.

El efecto a largo plazo de lo anterior queda claro. Considerando que un esquema S permanece por encima del promedio por un $\varepsilon\%$, es decir, $\text{apt}(S, t) = \overline{F(t)} + \varepsilon \cdot \overline{F(t)}$, entonces

$$\xi(S, t) = \xi(S, 0) \cdot (1 + \varepsilon)^t, \quad \text{y} \quad (2.7)$$

$$\varepsilon = \frac{\text{apt}(S, t) - \overline{F(t)}}{\overline{F(t)}},$$

donde $\varepsilon > 0$ para esquemas por encima del promedio y $\varepsilon < 0$ para esquemas por debajo del promedio. La ecuación (2.7) es una ecuación de progresión geométrica: ahora puede decirse no sólo que un esquema por encima del promedio recibe un número creciente de cadenas en la siguiente generación, sino que tal esquema recibe un número exponencialmente creciente de cadenas en las siguientes generaciones. Esta ecuación recibe también el nombre de *ecuación de crecimiento reproductivo del esquema*.

Se intuye que un esquema S tal define una porción promisoría del espacio de búsqueda, y por lo tanto es muestreado en una manera exponencialmente creciente.

Debe quedar claro que la longitud determinante de un esquema juega un papel importante en la probabilidad de su destrucción y supervivencia.

En general, se selecciona un punto de cruzamiento uniformemente a lo largo de $l-1$ sitios posibles. Esto implica que la probabilidad de destrucción del esquema S es

$$p_d(S) = \frac{\delta(S)}{l-1}, \quad (2.8)$$

y consecuentemente, la probabilidad de supervivencia del esquema es

$$p_s(S) = 1 - \frac{\delta(S)}{l-1}. \quad (2.9)$$

Es importante resaltar que solo algunos cromosomas son sometidos al cruzamiento, y la probabilidad selectiva del cruzamiento es p_c . Esto significa que la probabilidad de supervivencia de un esquema es en realidad:

$$p_s(S) = 1 - p_c \cdot \left(\frac{\delta(S)}{l-1} \right). \quad (2.10)$$

Aún si un punto de cruzamiento es seleccionado de entre las posiciones fijas de un esquema, todavía queda la posibilidad de que el esquema sobreviva, aunque la posibilidad es muy pequeña. Para ello modificamos la fórmula de la probabilidad de supervivencia de un esquema como sigue:

$$p_s(S) \geq 1 - p_c \cdot \left(\frac{\delta(S)}{l-1} \right). \quad (2.11)$$

El efecto combinado de la selección y cruzamiento genera una nueva forma de la ecuación de crecimiento reproductivo:

$$\xi(S, t+1) \geq \xi(S, t) \cdot \left[\frac{apt(S, t)}{F(t) \cdot \left(1 - p_c \cdot \left(\frac{\delta(S)}{l-1} \right) \right)} \right]. \quad (2.12)$$

Esta ecuación proporciona el número esperado de cadenas que se relacionan con el esquema S en la siguiente generación como función del número actual de cadenas que se relacionan con dicho esquema, la aptitud relativa del esquema, y su longitud determinante.

Es importante señalar que aquellos esquemas con aptitudes por encima del promedio y con longitudes determinantes cortas seguirán manteniendo tasas de muestreo que crecen exponencialmente.

Debido a que la probabilidad de alteración de un solo bit es p_m , la probabilidad de supervivencia del mismo es $1-p_m$. Una mutación sencilla es independiente de otras mutaciones, por lo tanto, la probabilidad de supervivencia a la mutación de un esquema S (secuencia de mutaciones de un solo bit) es

$$p_s(S) = (1-p_m)^{o(S)}, \quad (2.13)$$

ya que $p_m \ll 1$, esta probabilidad puede ser aproximada mediante la siguiente expresión:

$$p_s(S) = 1 - o(S) \cdot p_m. \quad (2.14)$$

El efecto combinado de la selección, cruzamiento, y mutación nos da una nueva forma de la ecuación de crecimiento reproductivo:

$$\xi(S, t+1) \geq \xi(S, t) \cdot \left[\frac{apt(S, t)}{\overline{F(t)} \cdot \left(1 - p_c \cdot \left(\frac{\delta(S)}{l-1} \right) - p_m \cdot o(S) \right)} \right]. \quad (2.15)$$

Cabe resaltar que la ecuación anterior está basada en la suposición de que la función de aptitud f entrega valores positivos únicamente; cuando se aplican algoritmos genéticos a problemas de optimización donde la función de optimización pueda devolver valores negativos, se requiere una correlación adicional entre las funciones de optimización y aptitud.

En resumen, la ecuación de crecimiento muestra que la selección incrementa la tasas de muestreo de los esquemas por encima del promedio, y que este cambio es exponencial. El muestreo en sí no introduce ningún esquema nuevo. Ésta es la razón por la cual se introduce el operador de recombinación, para permitir un intercambio aleatorio, aunque estructurado, de información. Adicionalmente, el operador de mutación introduce mayor variabilidad a la población. El efecto combinado (disruptivo) de estos operadores en un esquema no es significativo si el esquema es pequeño (corto) y de bajo orden. El resultado final de la ecuación de crecimiento puede ser expresado mediante el *teorema del esquema* y la *hipótesis de los bloques constructores*, los cuales se presentan a continuación:

- *Teorema del esquema (plantilla de similitud)*

Esquemas pequeños, de bajo orden, y por encima del promedio reciben oportunidades de ser evaluados que se incrementan exponencialmente en las generaciones subsecuentes de un algoritmo genético. Todo esto ocurre en paralelo con ningún tipo de memoria o almacenamiento especial mas

que la población de n cadenas. Aproximadamente se procesan alrededor de n^3 esquemas en cada generación. Esto se compara favorablemente con el número de evaluaciones de función (n). Debido a que este proceso es tan importante (y aparentemente único para los algoritmos genéticos), recibe un nombre especial, paralelismo implícito (implicit parallelism). Un resultado inmediato de este teorema es que los algoritmos genéticos exploran el espacio de búsqueda mediante esquemas cortos, de bajo orden, los cuales son utilizados subsecuentemente para el intercambio de información durante la recombinación [3], [8].

- Hipótesis de los bloques constructores

El algoritmo genético busca un desempeño casi óptimo mediante la yuxtaposición de esquemas cortos, de bajo orden, y alto desempeño, llamados bloque constructores [8].

Aunque se han realizado investigaciones para probar esta hipótesis, la mayoría de las aplicaciones no triviales se apoyan en resultados empíricos en su mayor parte. Durante los últimos quince años muchas aplicaciones de los algoritmos genéticos han sido desarrolladas, las cuales sustentan la hipótesis de los bloques constructores en muchos dominios de problemas distintos. Sin embargo, esta hipótesis sugiere que el problema de la codificación en un algoritmo genético es crítico para su desempeño, y que tal codificación debe satisfacer la idea de bloques constructores pequeños.

2.4.4. Estado del arte

Los algoritmos genéticos en diversas modalidades han sido aplicados a muchos problemas en las ciencias e ingenierías, entre los cuales se incluyen los siguientes [9]:

- *Optimización:* los algoritmos genéticos han sido utilizados en una variedad de tareas de optimización, incluyendo la optimización numérica, así como problemas de optimización combinatoria tales como el diseño de circuitos.
- *Programación automática:* los algoritmos genéticos han sido utilizados para evolucionar programas de computadora para tareas específicas, así como para diseñar otras estructuras computacionales como los autómatas celulares y arreglo de redes.
- *Aprendizaje de máquinas y robots:* los algoritmos genéticos han sido utilizados para muchas aplicaciones de este tipo incluyendo tareas de clasificación y predicción tales como la predicción de sistemas dinámicos, predicción del clima, y predicción de estructuras proteicas. Los algoritmos genéticos también han sido utilizados para diseñar redes neuronales, para

evolucionar reglas para sistemas clasificadores o sistemas de producción simbólica, y para diseñar y controlar robots.

- *Modelos económicos:* Los algoritmos genéticos han sido empleados para modelar procesos de innovación, el desarrollo de estrategias de licitación, y el surgimiento de mercados económicos.
- *Modelos del sistema inmunológico:* los algoritmos genéticos han sido utilizados para modelar varios aspectos del sistema inmunológico natural, incluyendo la mutación somática durante el periodo de vida de un individuo y el descubrimiento de familias de genes múltiples durante el tiempo evolutivo.
- *Modelos ecológicos:* los algoritmos genéticos han sido empleados para modelar fenómenos ecológicos tales como carreras biológicas de armas, coevolución huésped-parásito, simbiosis, y flujo de recursos en ecologías.
- *Modelos de genética de poblaciones:* los algoritmos genéticos han sido utilizados para estudiar cuestiones en la genética de poblaciones, tales como “¿bajo qué condiciones será viable evolutivamente un gen para la recombinación?”.
- *Interacciones entre evolución y aprendizaje:* los algoritmos genéticos han sido empleados para estudiar cómo el aprendizaje individual y la evolución de una especie se afectan entre sí.
- *Modelos de sistemas sociales:* los algoritmos genéticos han sido utilizados para estudiar aspectos evolutivos de sistemas sociales, tales como la evolución de la cooperación, la evolución de la comunicación, y el comportamiento de seguimiento de rastro en las hormigas.

La lista anterior muestra tan solo una fracción de las diversas áreas en las que se han utilizado los algoritmos genéticos y en las cuales hasta la fecha se continúan realizando investigaciones con la ayuda de dichos algoritmos, particularmente en el campo de la vida artificial donde el empleo de algoritmos evolutivos ha cobrado una gran relevancia.

Por ejemplo, retomando el problema de las interacciones entre el aprendizaje y la evolución, muchas personas han mostrado analogías entre el aprendizaje y la evolución como dos procesos adaptables – uno tomando lugar durante el ciclo de vida de un organismo, y el otro llevándose a cabo a lo largo de la historia evolutiva de la vida en el planeta. ¿En qué medida interactúan estos dos procesos? En particular, ¿puede el aprendizaje logrado a lo largo del ciclo de vida de un individuo guiar en alguna medida la evolución de la especie de dicho individuo? Éstas son cuestiones importantes en la psicología evolutiva. Como se mencionó, los algoritmos genéticos, en combinación con las redes neuronales, se

han utilizado para tratar de responder estas preguntas. Aunado a todo lo anterior, una comunidad creciente de investigadores se encuentran estudiando formas de aplicar los algoritmos genéticos para optimizar redes neuronales para resolver problemas prácticos – una aplicación práctica de la interacción entre aprendizaje y evolución.

Otra gran área de investigación en el campo de la vida artificial es el modelado del comportamiento de ecosistemas y la dinámica evolutiva de poblaciones. Uno de los modelos que emplea algoritmos genéticos para el modelado de sistemas ecológicos es el desarrollado por Holland [4], llamado *Echo*. El sistema Echo modela ecologías de la misma forma en que los algoritmos genéticos modelan la genética de poblaciones. Este sistema abstrae prácticamente todos los detalles físicos de sistemas ecológicos reales, y se concentra en un pequeño conjunto de interacciones primitivas agente-agente y agente-ambiente. Aún no se determina hasta qué punto Echo captura la esencia de los sistemas ecológicos reales, sin embargo, las simulaciones son significativas debido a la generalidad del modelo y su ambicioso alcance. El objetivo de Echo es estudiar como sencillas interacciones entre agentes conlleva al surgimiento de fenómenos de alto nivel tales como el flujo de recursos en un ecosistema o la cooperación y competencia en redes de agentes (comunidades, redes de comercio, o carreras de armas).

En simulaciones preliminares, el sistema Echo ha demostrado un comportamiento sorprendentemente complejo (incluyendo algo que asemeja una “carrera de armas” biológica en la cual dos especies en competencia desarrollan estrategias de combate ofensivas y defensivas cada vez más complejas), dependencias ecológicas entre diferentes especies, y sensibilidad (en términos del número de fenotipos diferentes) a distintos niveles de recursos renovables. Aún queda mucho trabajo por delante a realizar en el sistema Echo, particularmente la implementación de mecanismos de comunicación social entre agentes, así como el estudio de la evolución de dichos mecanismos.

Otro importante campo de estudio son los sistemas inmunológicos. Los sistemas inmunológicos son sistemas adaptables en los cuales el aprendizaje se lleva a cabo mediante mecanismos evolutivos similares a la evolución biológica. Los sistemas inmunológicos han sido estudiados por la comunidad de vida artificial tanto por su interés científico intrínseco como por las aplicaciones potenciales de conceptos e ideas de la inmunología a problemas computacionales. El sistema inmunológico es capaz de reconocer prácticamente cualquier molécula o célula extraña. Para lograr esto debe ser capaz de distinguir las propias moléculas y células del cuerpo, las cuales son creadas y transportadas internamente (se estima que constan del orden de 10^5 proteínas distintas), de aquellas que son ajenas al organismo. Se estima que el sistema inmunológico es capaz de reconocer del orden de 10^{16} diferentes moléculas ajenas. Desde la perspectiva de reconocimiento de patrones, éstos son números impresionantes, particularmente cuando uno considera que el genoma humano, el cual codifica el “programa” para

construir el sistema inmunológico, contiene únicamente alrededor de 10^5 genes, y además, el sistema inmunológico está distribuido a lo largo del cuerpo sin ningún órgano central para controlarlo.

Adicionalmente, existen algunas áreas de estudio que aún no han sido exploradas, y en las que los algoritmos genéticos juegan un papel predominante. Durante las últimas décadas, la biología molecular ha descubierto nuevos mecanismos para el arreglo de material genético como la duplicación y enmascaramiento de genes. Sería interesante saber si alguno de estos mecanismos es significativo algorítmicamente.

Tal vez el área más obvia para extender los algoritmos genéticos es el estudio de la evolución misma. Aunque algunas ideas de la evolución han inspirado el desarrollo de interesantes técnicas computacionales, se han llevado a cabo pocos intentos para usar estas técnicas para entender mejor los sistemas evolutivos que las inspiraron. Los algoritmos genéticos y su análisis cuidadoso deben ayudar al mejor entendimiento de los sistemas evolutivos naturales. Este "cierre del ciclo de modelado" constituye un área importante para futuras investigaciones en los métodos evolutivos computacionales.

3 Modelado matemático del manipulador

3.1. Mecánica aplicada a la robótica

La *robótica* es la ciencia o estudio de las tecnologías básicas asociadas con la teoría y aplicación de los sistemas robóticos. El estudio abarca tanto la investigación teórica como la aplicada, y puede ser dividida en el diseño de manipuladores, mecánica básica, planeación y control de la trayectoria, programación e inteligencia de máquina, entre otros. La mecánica es la rama de la ciencia que trata con la energía, las fuerzas, y su efecto en el movimiento de un sistema mecánico. El estudio abarca tres materias interrelacionadas: *estática*, *cinemática*, y *dinámica* [12].

3.1.1. Estática

La *estática* trata con las fuerzas y sus interacciones que producen equilibrio entre varios miembros de un robot manipulador. Sobre un manipulador pueden actuar fuerzas que surgen de varias fuentes, tales como la gravedad, cargas aplicadas, fricción, fuerzas inerciales, etc. Estas fuerzas deben ser consideradas cuidadosamente durante la etapa de diseño de un robot manipulador, de manera que sus partes puedan ser dimensionadas cuidadosamente para un correcto funcionamiento del mismo. Obviamente, las fuerzas inerciales son excluidas de un análisis estático de fuerzas. Las fuerzas de equilibrio dependen de la configuración o postura del robot manipulador, y no son dependientes del tiempo.

3.1.2. Cinemática

La *cinemática* trata con los aspectos de movimiento sin importar las fuerzas y/o torques que lo provocan. La ciencia de la cinemática trata con las derivadas de posición, velocidad, aceleración (y de órdenes superiores) de las variables de posición con respecto al tiempo u otras variables. De esta forma, a la cinemática le conciernen únicamente las propiedades geométricas y temporales de un movimiento. Las variables articulares de un manipulador están relacionadas con la posición y orientación del órgano terminal mediante restricciones impuestas en las articulaciones. Estas relaciones cinemáticas son el centro de interés en un estudio de la cinemática de un manipulador. El estudio puede ser abordado desde dos puntos de vista: *análisis cinemático* y *síntesis cinemática*. Sin embargo, ambos procesos de análisis se encuentran interrelacionados.

El *análisis cinemático* trata con la determinación de movimientos relativos entre varios eslabones de un manipulador dado. Existen dos tipos de problemas de análisis cinemático: *cinemática directa* y *cinemática inversa*. En la programación de un robot manipulador se especifican, generalmente, un conjunto de posiciones y orientaciones en el espacio deseadas, y tal vez las derivadas con respecto al tiempo de las posiciones y orientaciones del órgano terminal. El problema es encontrar todos los conjuntos posibles de variables articulares y sus correspondientes derivadas temporales que llevarán el órgano terminal al conjunto de posiciones y orientaciones deseadas, con las características de movimiento deseadas. Lo anterior se conoce como *cinemática inversa*. Por otro lado, en ocasiones las variables articulares y posiblemente sus derivadas temporales son obtenidas de las lecturas de sensores instalados en las articulaciones, de las cuales deseamos encontrar todos los conjuntos posibles de posiciones y orientaciones del órgano terminal y sus correspondientes derivadas temporales. Esto es llamado *cinemática directa*. Ambos tipos de problemas pueden ser resueltos mediante varios métodos de análisis, tales como el análisis geométrico vectorial, álgebra matricial, álgebra de tornillos, etc.

La *síntesis cinemática* es el proceso inverso al análisis cinemático. En este caso, el diseñador tiene el reto de crear un nuevo manipulador o máquina que poseerá ciertas propiedades cinemáticas deseadas. De manera específica, dado un conjunto de posiciones y orientaciones deseadas del órgano terminal, así como posiblemente sus derivadas temporales en el espacio, se determinarán las variables articulares correspondientes, así como el tipo y geometría del manipulador.

3.1.3. Dinámica

La *dinámica* trata con las fuerzas y/o torques requeridos para causar el movimiento de un sistema de cuerpos. El estudio incluye a las fuerzas de inercia como uno de los principales temas de interés. La dinámica de un robot manipulador es bastante complicada. Generalmente, el órgano terminal es guiado a través de una trayectoria dada con ciertas características de movimiento prescritas. Un conjunto de funciones de torque y/o fuerza debe ser aplicado en las articulaciones para producir ese movimiento. Estas funciones de torque y/o fuerza dependen no sólo de los atributos espaciales y temporales de la trayectoria dada sino también de las propiedades físicas de los eslabones, la carga, las fuerzas externas aplicadas, etc.

La dinámica de los robots manipuladores también puede ser abordada desde dos puntos de vista: *análisis dinámico* y *síntesis dinámica*.

El *análisis dinámico* trata con la derivación de las ecuaciones de movimiento de un manipulador dado. Existen dos tipos de problemas de análisis dinámico: *dinámica directa* y *dinámica inversa*. La *dinámica directa* puede ser definida como sigue: dado un conjunto de funciones de torque y/o fuerza articulares se calcula el movimiento resultante del órgano terminal como una

función del tiempo. Asimismo, la *dinámica inversa* puede ser definida como sigue: dada una trayectoria del órgano terminal como una función del tiempo, se encuentra un conjunto de funciones de torque y/o fuerza articulares que producirán ese movimiento. La eficiencia computacional de la dinámica directa no es tan crítica ya que este enfoque se usa primordialmente para simulaciones por computadora de robots manipuladores. Por otro lado, un modelo dinámico inverso eficiente se vuelve extremadamente importante para el control en tiempo real de robots manipuladores. Varios métodos de análisis, tales como las ecuaciones de Newton-Euler, las ecuaciones de movimiento de Lagrange, y el principio del trabajo virtual pueden ser aplicados para el análisis dinámico de robots manipuladores.

Finalmente, la *síntesis dinámica* es el proceso inverso del análisis dinámico. De manera específica, el objetivo es diseñar un nuevo manipulador con ciertas características dinámicas de movimiento.

3.2. Análisis de posición de manipuladores seriales

Un *manipulador en serie* consiste de varios eslabones conectados en serie mediante varios tipos de articulaciones, generalmente prismáticas y de revolución. Un extremo del manipulador se encuentra fijo al suelo mientras que el otro es libre de moverse en el espacio. Por esta razón, un manipulador en serie es llamado también *manipulador de lazo abierto*. El eslabón fijo es llamado *base*, y el extremo libre donde se coloca una pinza o una mano mecánica es llamado *órgano terminal*.

Para que un robot pueda desarrollar una tarea específica, la ubicación del órgano terminal relativa a la base debe ser establecida en primera instancia. Lo anterior es llamado *problema de análisis de posición* [12]. Existen dos tipos de problemas de análisis de posición: *posición directa* o *cinemática directa* y *posición inversa* o *cinemática inversa*. Para la *cinemática directa* se proporcionan las variables articulares, y el problema es encontrar la ubicación del órgano terminal. Para la *cinemática inversa* se proporciona la ubicación del órgano terminal, y el problema es encontrar las variables articulares necesarias para llevar el órgano terminal a la ubicación deseada. Para un manipulador en serie, la cinemática directa es bastante sencilla, mientras que la cinemática inversa se vuelve bastante complicada. Para un manipulador paralelo ocurre exactamente lo contrario. Cabe resaltar que para un manipulador *deficiente*, el órgano terminal no puede ser posicionado libremente en el espacio, y para un manipulador *redundante* pueden existir una infinidad de soluciones cinemáticas inversas correspondientes a una ubicación dada del órgano terminal, dependiendo de los grados de redundancia.

Al resolver el problema de cinemática inversa, nos interesa a menudo obtener una solución de forma cerrada, esto es, reducir el problema a una ecuación algebraica que relacione la ubicación del órgano terminal a una sola variable articular. De esta forma pueden determinarse todas las soluciones y posturas posibles del manipulador. Entre los métodos más utilizados para

alcanzar este objetivo están el álgebra vectorial, el método geométrico, el método de la matriz 4×4 , el método de la matriz dual 3×3 , el método iterativo, álgebra de tornillos, y álgebra de cuaterniones.

El número posible de soluciones de cinemática inversa depende del tipo y locación de un robot manipulador. En general, se pueden encontrar soluciones de forma cerrada para manipuladores de geometría simple. Para un manipulador de geometría general, el problema de la cinemática inversa se vuelve una tarea muy complicada.

3.2.1. Parámetros y sistemas coordenados del eslabón

Para describir la geometría de los eslabones se numeran los mismos en forma secuencial de 0 a n , empezando por el eslabón base, y las articulaciones de 1 a n . De esta forma, exceptuando por el eslabón base y el eslabón del órgano terminal, cada eslabón tiene dos articulaciones. El eslabón 1 está conectado al eslabón base mediante la articulación 1, el eslabón 2 está conectado al eslabón 1 mediante la articulación 2 y así sucesivamente. El eslabón i tiene a la articulación i en su extremo más próximo, y a la articulación $i+1$ en su extremo distante.

De acuerdo a la convención de Denavit y Hartenberg (1955), un sistema coordenado cartesiano se fija a cada eslabón del manipulador. Exceptuando por la base y el órgano terminal, el i -ésimo sistema coordenado se fija al i -ésimo eslabón de acuerdo a las siguientes reglas:

- El eje z_i se alinea con el eje articular $i+1$. La dirección positiva de rotación o traslación se escoge de forma arbitraria.
- El eje x_i queda definido a lo largo de la normal común entre los ejes articulares i e $i+1$, y apunta del eje articular i al eje articular $i+1$. Si los dos ejes articulares son paralelos, el eje x_i puede ser elegido en cualquier lugar perpendicular a los dos ejes articulares. En el caso de que ambos ejes se intersequen, el eje x_i puede ser definido ya sea en la dirección del vector resultante del producto cruz $\hat{z}_{i-1} \times \hat{z}_i$, o en la dirección opuesta, y el origen del sistema se encuentra en el punto de intersección.
- El eje y_i se determina mediante la regla de la mano derecha.

El sistema coordenado cero se fija a la base en cualquier ubicación conveniente, siempre y cuando el eje z_0 esté alineado con el primer eje articular. También se fija un sistema coordenado al eslabón del órgano terminal para describir la locación del mismo. Este sistema coordenado puede ser ubicado en cualquier lugar del órgano terminal siempre y cuando el eje x_n sea normal al último

eje articular. Por conveniencia, el eje z_n se define normalmente a lo largo de la dirección de acercamiento del mecanismo sujetador.

Sea H_{i-1} el punto de intersección de los ejes x_i y z_{i-1} , y sea O_i , el origen del i -ésimo sistema coordenado, el punto de intersección de los ejes x_i y z_i , como se aprecia en la Figura 3.1. Así, sin importar cómo se encuentren construidos físicamente los eslabones, los siguientes parámetros se encuentran determinados únicamente por la geometría de los ejes:

- La distancia de separación a_i entre dos ejes articulares adyacentes, donde $a_i = \|\overline{H_{i-1}O_i}\|$.
- La distancia traslacional d_i entre dos normales incidentes de un eje articular. La distancia $d_i = \|\overline{O_{i-1}H_{i-1}}\|$ es positiva si el vector $\overline{O_{i-1}H_{i-1}}$ apunta en la dirección z_{i-1} positiva; de otra manera, es negativa.
- El ángulo α_i entre dos ejes articulares adyacentes. Es el ángulo requerido para alinear el eje z_{i-1} con el eje z_i alrededor del eje positivo x_i de acuerdo a la regla de la mano derecha.

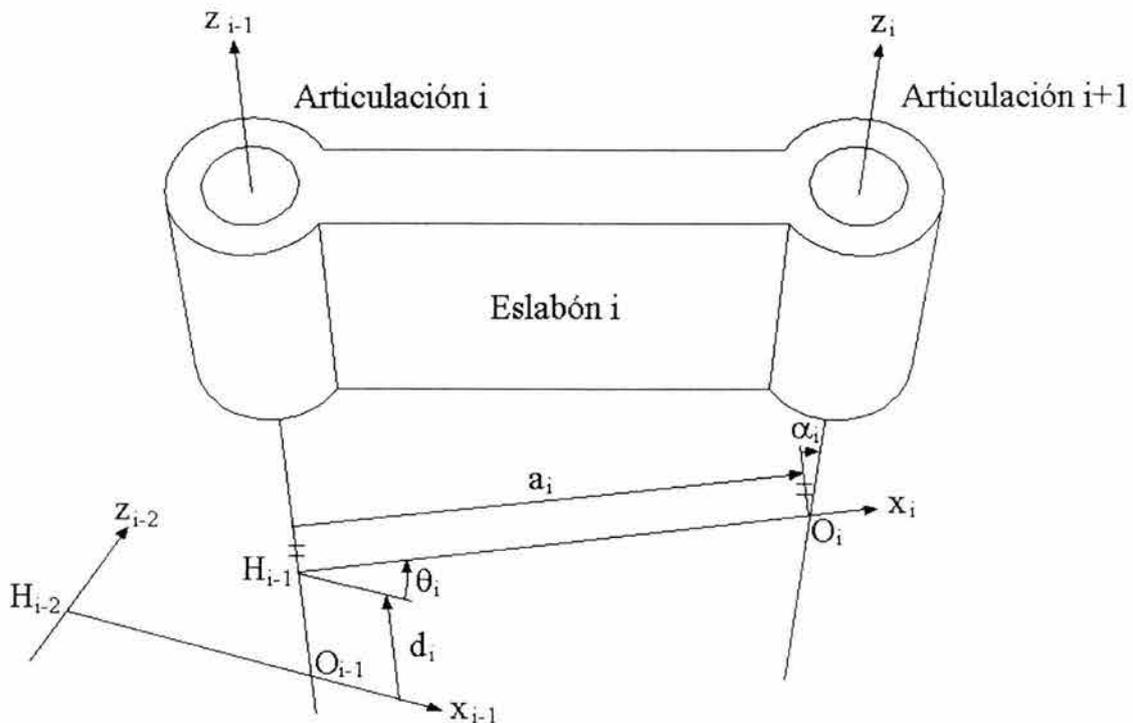


Figura 3.1. Parámetros del eslabón

- El ángulo θ_i entre dos normales incidentes de un eje articular. Es el ángulo requerido para alinear el eje x_{i-1} con el eje x_i alrededor del eje positivo z_{i-1} de acuerdo a la regla de la mano derecha.

Para una articulación rotacional, a_i, α_i , y d_i son constantes, y θ_i es una variable que mide la locación relativa del eslabón i con respecto al eslabón $i-1$. Para una articulación prismática, a_i, α_i , y θ_i son constantes, y d_i es una variable que mide la ubicación relativa del eslabón i con respecto al eslabón $i-1$. En general se consideran a θ_i , para una articulación rotacional, y a d_i , para una articulación prismática, como *variables articulares*, y a los parámetros constantes como *parámetros del eslabón*.

3.2.2. Matrices de transformación homogéneas de Denavit-Hartenberg

Habiendo establecido un sistema coordenado para cada eslabón del manipulador, se puede establecer una matriz de transformación 4×4 que relacione dos sistemas coordenados sucesivos. Del análisis de la figura puede considerarse que el i -ésimo sistema coordenado se encuentra desplazado del sistema coordenado $i-1$ por las siguientes rotaciones y traslaciones sucesivas:

1. El sistema coordenado $i-1$ es trasladado a lo largo del eje z_{i-1} una distancia d_i . Esto hace coincidir el origen O_{i-1} con el punto H_{i-1} . La matriz de transformación correspondiente se presenta a continuación:

$$T(z, d) = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & d_i \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.1)$$

2. El sistema coordenado desplazado $i-1$ es rotado alrededor del eje z_{i-1} un ángulo θ_i , lo que alinea el eje x_{i-1} con el eje x_i . Esto se representa mediante la siguiente matriz de transformación:

$$T(z, \theta) = \begin{bmatrix} \cos\theta_i & -\text{sen}\theta_i & 0 & 0 \\ \text{sen}\theta_i & \cos\theta_i & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.2)$$

3. El sistema coordenado desplazado $i-1$ es trasladado a lo largo del eje x_i una distancia a_i . Esto hace coincidir el origen O_{i-1} con el origen O_i . La matriz de transformación correspondiente es la siguiente:

$$T(x, a) = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & a_i \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.3)$$

4. El sistema coordenado desplazado $i-1$ es rotado alrededor del eje x_i un ángulo α_i , lo que finalmente hace coincidir en su totalidad a los dos sistemas coordenados. La matriz de transformación se presenta a continuación:

$$T(x, \alpha) = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \cos \alpha_i & -\text{sen } \alpha_i & 0 \\ 0 & \text{sen } \alpha_i & \cos \alpha_i & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.4)$$

Las matrices anteriores son cuatro transformaciones básicas alrededor de los ejes coordenados móviles. Por lo anterior, la matriz de transformación resultante, ${}^{i-1}A_i$, está dada por la siguiente expresión:

$${}^{i-1}A_i = T(z, d)T(z, \theta)T(x, a)T(x, \alpha). \quad (3.5)$$

Expandiendo la ecuación anterior se obtiene la siguiente expresión:

$${}^{i-1}A_i = \begin{bmatrix} \cos \theta_i & -\cos \alpha_i \text{sen } \theta_i & \text{sen } \alpha_i \text{sen } \theta_i & a_i \cos \theta_i \\ \text{sen } \theta_i & \cos \alpha_i \cos \theta_i & -\text{sen } \alpha_i \cos \theta_i & a_i \text{sen } \theta_i \\ 0 & \text{sen } \alpha_i & \cos \alpha_i & d_i \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.6)$$

La expresión anterior se conoce con el nombre de *matriz de transformación de Denavit-Hartenberg (D-H)*. Tanto el subíndice i como el superíndice $i-1$ denotan que la transformación se lleva a cabo del i -ésimo sistema coordenado al sistema $i-1$.

La matriz (D-H) no es ortogonal, sin embargo existe la transformación inversa, y está dada por la siguiente expresión:

$${}^iA_{i-1} = ({}^{i-1}A_i)^{-1} = \begin{bmatrix} \cos \theta_i & \text{sen } \theta_i & 0 & -a_i \\ -\cos \alpha_i \text{sen } \theta_i & \cos \alpha_i \cos \theta_i & \text{sen } \alpha_i & -d_i \text{sen } \alpha_i \\ \text{sen } \alpha_i \text{sen } \theta_i & -\text{sen } \alpha_i \cos \theta_i & \cos \alpha_i & -d_i \cos \alpha_i \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.7)$$

3.2.3. Ecuaciones de cierre de lazo

En un estudio de la cinemática de robots manipuladores resulta de interés obtener una ecuación algebraica que relacione la ubicación del órgano terminal con las variables articulares. La ubicación del órgano terminal puede ser especificada mediante la siguiente matriz de transformación homogénea 4×4 :

$${}^0A_n = \begin{bmatrix} \hat{u} & \hat{v} & \hat{w} & \bar{q} \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.8)$$

La submatriz superior derecha 3×1 describe la posición de un punto de referencia Q y la submatriz superior izquierda 3×3 describe la orientación del órgano terminal. Esta orientación puede ser especificada en términos de tres ángulos de Euler, o mediante los cosenos directores de los tres ejes coordenados del órgano terminal.

A partir de la geometría de los eslabones, la matriz de transformación 0A_n puede ser considerada como la resultante de una serie de transformaciones coordenadas, empezando a partir del sistema coordinado base, hasta el sistema coordinado del órgano terminal. Es decir,

$${}^0A_1 {}^1A_2 {}^2A_3 \cdots {}^{n-1}A_n = {}^0A_n. \quad (3.9)$$

La ecuación anterior es llamada *ecuación de cierre de lazo* de un manipulador serial. Esta ecuación contiene a su vez 16 ecuaciones escalares, de las cuales cuatro son triviales, y puede ser utilizada para resolver problemas de cinemática directa e inversa. Para la cinemática directa, las variables articulares son proporcionadas y el problema es encontrar la ubicación del órgano terminal con respecto al sistema coordinado base. Para la cinemática inversa, se proporciona la ubicación del órgano terminal y el problema consiste en encontrar las variables articulares necesarias para llevar el órgano terminal a la ubicación deseada, dando como resultado un conjunto de ecuaciones no lineales complejas.

3.3. Análisis del Jacobiano en manipuladores seriales

Para algunas aplicaciones, tales como pintura con spray, es necesario mover el órgano terminal de un manipulador a lo largo de ciertas trayectorias con una velocidad predeterminada. Para alcanzar este objetivo, el movimiento de las articulaciones de un manipulador debe ser coordinado cuidadosamente. Existen dos tipos de problemas de coordinación de velocidad, llamados *problema de velocidad directo* y *problema de velocidad inverso* respectivamente [12]. Para el *problema de velocidad directo*, se proporcionan las velocidades en las articulaciones, y el objetivo es encontrar el estado de velocidad del órgano terminal. Para el *problema de velocidad inverso* se proporciona el estado de

velocidad del órgano terminal, y el objetivo es encontrar las velocidades articulares requeridas para producir dicho estado de velocidad.

El espacio vectorial abarcado por las variables articulares recibe el nombre de *espacio articular*, y el espacio vectorial abarcado por la ubicación del órgano terminal recibe el nombre de *espacio del órgano terminal*. Para los robots manipuladores, la *matriz Jacobiano*, o simplemente *Jacobiano*, se define como la matriz que transforma las velocidades en el espacio articular al estado de velocidad en el espacio del órgano terminal.

La matriz Jacobiano es un componente crítico para generar trayectorias de una determinada geometría en el espacio del órgano terminal. La mayoría de los algoritmos de coordinación empleados por los robots industriales evitan la inversión numérica de la matriz Jacobiano derivando soluciones analíticas inversas hechas a la medida del problema. Por lo anterior, es importante desarrollar algoritmos eficientes.

3.3.1. Matriz diferencial de transformación del eslabón

De acuerdo a la convención (D-H), un sistema coordenado cartesiano (x_i, y_i, z_i) se coloca en el extremo distante del eslabón i , y el sistema coordenado de la base se denota mediante el marco de referencia (x_0, y_0, z_0) , como se muestra en la Figura 3.2. La ubicación del eslabón i puede ser descrita mediante un vector

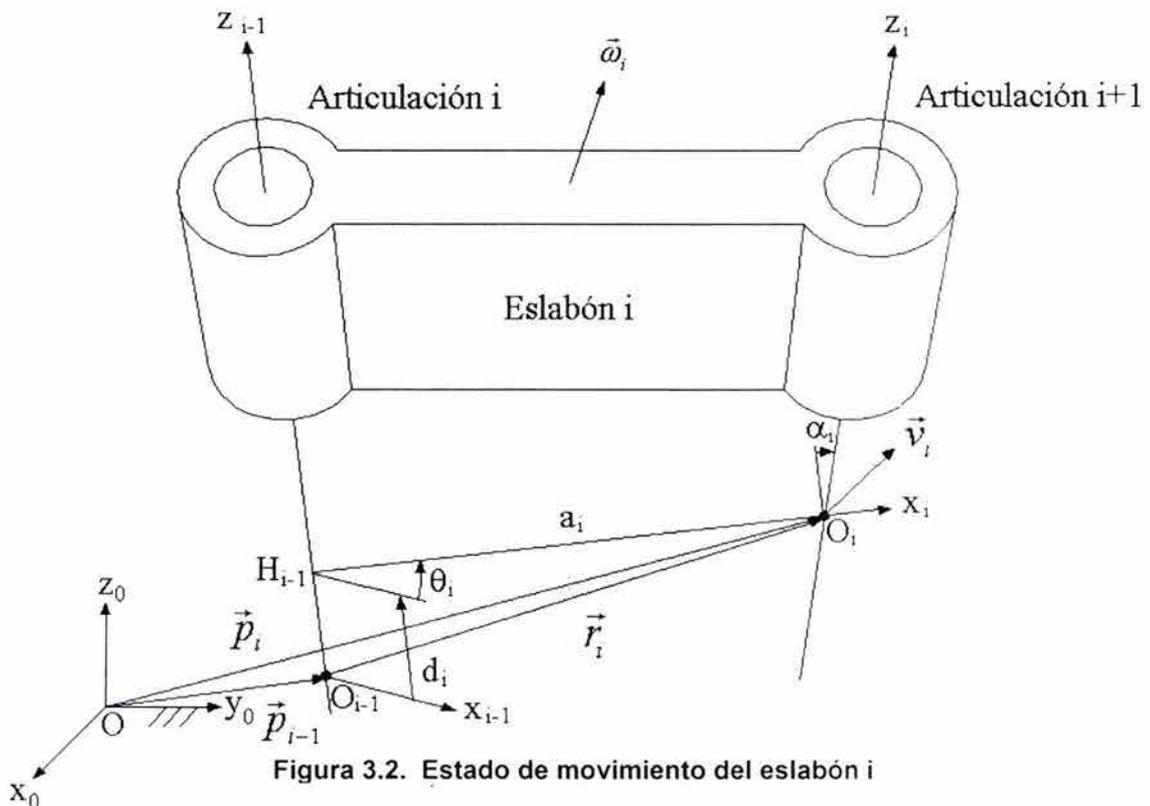


Figura 3.2. Estado de movimiento del eslabón i

de posición \bar{p}_i de O_i , y una matriz de rotación 0R_i del eslabón i con respecto al marco de referencia de la base. El estado de velocidad del eslabón i puede ser descrito mediante la velocidad lineal \bar{v}_i del origen O_i , y la velocidad angular $\bar{\omega}_i$ del eslabón i relativa al marco de referencia de la base.

Tomando la derivada de la matriz de transformación (D-H) con respecto al tiempo se obtiene la siguiente expresión:

$${}^{i-1}\dot{A}_i = \begin{bmatrix} -\dot{\theta}_i \sin \theta_i & -\dot{\theta}_i \cos \alpha_i \cos \theta_i & \dot{\theta}_i \sin \alpha_i \cos \theta_i & -\dot{\theta}_i a_i \sin \theta_i \\ \dot{\theta}_i \cos \theta_i & -\dot{\theta}_i \cos \alpha_i \sin \theta_i & \dot{\theta}_i \sin \alpha_i \sin \theta_i & \dot{\theta}_i a_i \cos \theta_i \\ 0 & 0 & 0 & \dot{d}_i \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.10)$$

En la ecuación anterior, tanto θ_i como d_i se consideran como variables. Para una articulación rotacional, $\dot{d}_i = 0$, y para una articulación prismática, $\dot{\theta}_i = 0$. Postmultiplicando ambos lados de la ecuación por $({}^{i-1}A_i)^{-1}$ se obtiene

$$({}^{i-1}\dot{A}_i)({}^{i-1}A_i)^{-1} = \begin{bmatrix} \dot{\theta}_i {}^{i-1}Z_{i-1} & \vdots & \dot{d}_i {}^{i-1}\hat{z}_{i-1} \\ \dots & \vdots & \dots \\ 0 & \vdots & 0 \end{bmatrix}, \quad (3.11)$$

donde

$${}^{i-1}\hat{z}_{i-1} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 1 \end{bmatrix}, \quad (3.12)$$

$${}^{i-1}Z_{i-1} = \begin{bmatrix} 0 & -1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}. \quad (3.13)$$

La ecuación (3.12) representa un vector unitario que apunta a lo largo del eje z_{i-1} . De forma similar, la ecuación (3.13) representa una matriz antisimétrica 3×3 cuyos elementos diferentes de cero denotan una velocidad angular unitaria del eslabón i con respecto al eslabón $i-1$. Tanto ${}^{i-1}\hat{z}_{i-1}$ como ${}^{i-1}Z_{i-1}$ se expresan en el marco de referencia $i-1$. De lo anterior se concluye que la submatriz superior izquierda 3×3 de $({}^{i-1}\dot{A}_i)({}^{i-1}A_i)^{-1}$ representa la velocidad angular del eslabón i con respecto al eslabón $i-1$, y la cuarta columna representa la velocidad

lineal de un punto, que se encuentra dentro del eslabón i , y que coincide instantáneamente con O_{i-1} , relativa al eslabón $i-1$. A continuación serán aplicados los resultados obtenidos durante el desarrollo del análisis cinemático de los manipuladores seriales, para obtener una matriz general de transformación.

3.3.2. Matriz diferencial general de transformación

Como se mostró con anterioridad, la ecuación de cierre de lazo para un manipulador serial de n grados de libertad puede ser escrita de la siguiente manera:

$${}^0A_n = {}^0A_1 {}^1A_2 {}^2A_3 \cdots {}^{n-1}A_n. \quad (3.14)$$

Tomando la derivada de la ecuación (3.14) con respecto al tiempo, se obtiene

$${}^0\dot{A}_n = ({}^0\dot{A}_1 {}^1A_2 \cdots {}^{n-1}A_n) + ({}^0A_1 {}^1\dot{A}_2 \cdots {}^{n-1}A_n) + \cdots + ({}^0A_1 {}^1A_2 \cdots {}^{n-1}\dot{A}_n). \quad (3.15)$$

La ecuación anterior contiene a su vez 12 ecuaciones escalares no triviales que pueden ser reducidas a un sistema de seis ecuaciones independientes. Postmultiplicando la ecuación (3.15) por ${}^0A_n^{-1}$, se obtiene

$$\begin{aligned} {}^0\dot{A}_n {}^0A_n^{-1} = & {}^0\dot{A}_1 {}^0A_1^{-1} + {}^0A_1 ({}^1\dot{A}_2 {}^1A_2^{-1}) {}^0A_1^{-1} + \cdots \\ & \cdots + ({}^0A_1 \cdots {}^{n-2}A_{n-1}) ({}^{n-1}\dot{A}_n {}^{n-1}A_n^{-1}) ({}^0A_1 \cdots {}^{n-2}A_{n-1})^{-1}. \end{aligned} \quad (3.16)$$

La matriz ${}^0\dot{A}_n$ se puede descomponer en dos submatrices,

$${}^0\dot{A}_n \equiv \begin{bmatrix} \dot{R}_n & \bar{v}_n \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad (3.17)$$

donde \dot{R}_n denota la tasa de cambio de la matriz de rotación del órgano terminal, y $\bar{v}_n = \dot{\bar{p}}_n$ denota la velocidad lineal del origen del sistema coordenado del órgano terminal. De igual forma, los productos matriciales de la ecuación (3.16) pueden ser expresados como

$${}^0\dot{A}_n {}^0A_n^{-1} = \begin{bmatrix} \Omega_n & \bar{v}_o \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad (3.18)$$

$${}^{i-1}\dot{A}_i ({}^{i-1}A_i)^{-1} = \begin{bmatrix} \dot{\theta}_i {}^{i-1}Z_{i-1} & \dot{d}_i {}^{i-1}\hat{z}_{i-1} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, \text{ y} \quad (3.19)$$

$$\Omega_n = \begin{bmatrix} 0 & -\omega_{z_n} & \omega_{y_n} \\ \omega_{z_n} & 0 & -\omega_{x_n} \\ -\omega_{y_n} & \omega_{x_n} & 0 \end{bmatrix}, \quad (3.20)$$

donde $\Omega_n = \dot{R}_n R_n^T$ es una matriz antisimétrica 3×3 cuyos elementos representan la velocidad angular del órgano terminal, y \vec{v}_o representa la velocidad lineal de un punto en el órgano terminal que coincide instantáneamente con el origen del sistema de referencia base. Por conveniencia se define

$${}^0 A_1 A_2 \dots A_{i-1} \equiv \begin{bmatrix} R_{i-1} & \vec{p}_{i-1} \\ 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad (3.21)$$

donde R_{i-1} y \vec{p}_{i-1} denotan la matriz de rotación y el vector de posición del origen del sistema de referencia $i-1$ con respecto al marco de referencia fijo. Substituyendo las ecuaciones (3.18) a la (3.21) en la (3.16) se obtiene

$$\begin{bmatrix} \Omega_n & \vec{v}_o \\ 0 & 0 \end{bmatrix} = \sum_{i=1}^n \begin{bmatrix} \dot{\theta}_i (R_{i-1} {}^{i-1} Z_{i-1} R_{i-1}^T) & \vdots & -\dot{\theta}_i (R_{i-1} {}^{i-1} Z_{i-1} R_{i-1}^T) \vec{p}_{i-1} + \dot{d}_i R_{i-1} {}^{i-1} \hat{z}_{i-1} \\ \dots & \dots & \dots \\ 0 & \vdots & 0 \end{bmatrix},$$

$$\begin{bmatrix} \Omega_n & \vec{v}_o \\ 0 & 0 \end{bmatrix} = \sum_{i=1}^n \begin{bmatrix} \dot{\theta}_i Z_{i-1} & \vdots & -\dot{\theta}_i Z_{i-1} \vec{p}_{i-1} + \dot{d}_i \hat{z}_{i-1} \\ \dots & \dots & \dots \\ 0 & \vdots & 0 \end{bmatrix}, \quad (3.22)$$

donde

$$Z_{i-1} = R_{i-1} {}^{i-1} Z_{i-1} R_{i-1}^T, \quad \text{y} \quad (3.23)$$

$$\hat{z}_{i-1} = R_{i-1} {}^{i-1} \hat{z}_{i-1}. \quad (3.24)$$

La ecuación (3.22) contiene sólo seis ecuaciones independientes. Los elementos (3,2), (1,3), y (2,1) forman el vector de velocidad angular del órgano terminal:

$$\vec{\omega}_n = \begin{bmatrix} \omega_{x_n} \\ \omega_{y_n} \\ \omega_{z_n} \end{bmatrix}, \quad (3.25)$$

y la última columna representa la velocidad lineal de un punto en el órgano terminal que coincide instantáneamente con el origen del sistema base. En forma vectorial, la ecuación (3.25) puede expresarse como

$$\bar{\omega}_n = \sum_{i=1}^n \dot{\theta}_i \hat{z}_{i-1}, \quad (3.26)$$

$$\bar{v}_o = \sum_{i=1}^n \left(-\dot{\theta}_i \hat{z}_{i-1} \times \bar{p}_{i-1} + \dot{d}_i \hat{z}_{i-1} \right). \quad (3.27)$$

Las ecuaciones (3.26) y (3.27) implican que las velocidades angulares de los eslabones son aditivas. Se puede considerar que el órgano terminal se encuentra rotando alrededor y desplazándose a lo largo de todos los ejes articulares de manera instantánea, y el efecto del movimiento instantáneo sobre cada eje articular puede ser sumado linealmente. Cabe resaltar que la velocidad, \bar{v}_n , de un punto localizado en el origen del sistema coordenado del órgano terminal se relaciona con \bar{v}_o mediante la siguiente transformación:

$$\bar{v}_n = \bar{v}_o + \bar{\omega}_n \times \bar{p}_n. \quad (3.28)$$

3.3.3. Matriz Jacobiano del manipulador

Sea $x_i = f_i(q_1, q_2, q_3, \dots, q_n)$ para $i = 1, 2, 3, \dots, m$ un conjunto de m ecuaciones, siendo cada una de éstas una función de n variables independientes. Las derivadas temporales de x_i pueden ser expresadas en función de \dot{q}_i de la siguiente manera:

$$\dot{x}_i = \frac{\partial f_i}{\partial q_1} \dot{q}_1 + \frac{\partial f_i}{\partial q_2} \dot{q}_2 + \frac{\partial f_i}{\partial q_3} \dot{q}_3 + \dots + \frac{\partial f_i}{\partial q_n} \dot{q}_n, \quad \forall i = 1, 2, 3, \dots, m. \quad (3.29)$$

La ecuación anterior representada en forma matricial se expresa de la siguiente forma:

$$\begin{bmatrix} \dot{x}_1 \\ \dot{x}_2 \\ \vdots \\ \dot{x}_m \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial q_1} & \frac{\partial f_1}{\partial q_2} & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial q_n} \\ \frac{\partial f_2}{\partial q_1} & \frac{\partial f_2}{\partial q_2} & \dots & \frac{\partial f_2}{\partial q_n} \\ \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ \frac{\partial f_m}{\partial q_1} & \frac{\partial f_m}{\partial q_2} & \dots & \frac{\partial f_m}{\partial q_n} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \dot{q}_1 \\ \dot{q}_2 \\ \vdots \\ \dot{q}_n \end{bmatrix}, \quad (3.30)$$

o simplemente

$$\dot{\vec{x}} = J\dot{\vec{q}}, \quad (3.31)$$

donde $\dot{\vec{x}} = [\dot{x}_1, \dot{x}_2, \dots, \dot{x}_m]^T$ denota un vector m -dimensional, $\dot{\vec{q}} = [\dot{q}_1, \dot{q}_2, \dots, \dot{q}_n]^T$ denota un vector n -dimensional, y J denota la matriz $m \times n$ de derivadas parciales.

La matriz J se denomina *matriz Jacobiano* o simplemente *Jacobiano*. El Jacobiano es una transformación lineal que relaciona un vector n -dimensional de velocidad $\dot{\vec{q}}$ a un vector m -dimensional de velocidad $\dot{\vec{x}}$. Los elementos de J pueden ser considerados como coeficientes de influencia de la función vectorial $\dot{\vec{x}}$. Los elementos (i, j) de J describen como un cambio diferencial en \dot{q}_j afecta el cambio diferencial en \dot{x}_i . En general, el vector $\dot{\vec{x}}$ es una función no lineal de $\dot{\vec{q}}$, por lo que la matriz Jacobiano es también una función de $\dot{\vec{q}}$, y depende de la configuración del manipulador.

Para los robots manipuladores, la matriz Jacobiano se define como la matriz de coeficientes de cualquier conjunto de ecuaciones que relaciona el estado de velocidad del órgano terminal con las velocidades articulares. Estas últimas se definen como

$$\dot{q}_i = \begin{cases} \dot{\theta}_i \\ \dot{d}_i \end{cases}, \quad (3.32)$$

dependiendo si se trata de articulaciones de revolución o de articulaciones prismáticas respectivamente.

El estado de velocidad del órgano terminal, $\dot{\vec{x}}$, puede ser expresado de diferentes formas, siendo las definiciones más empleadas el *Jacobiano convencional* y el *Jacobiano de tornillo*.

1. *Jacobiano convencional*. En el Jacobiano convencional, el estado de velocidad del órgano terminal se expresa en términos de la velocidad lineal del origen del marco de referencia del órgano terminal, \vec{v}_n , y la velocidad angular de dicho órgano, $\vec{\omega}_n$.

$$\dot{\vec{x}} = \begin{bmatrix} \vec{v}_n \\ \vec{\omega}_n \end{bmatrix} \quad (3.33)$$

2. *Jacobiano de tornillo*. El Jacobiano de tornillo se define en términos de la velocidad angular del órgano terminal, $\vec{\omega}_n$, y la velocidad lineal de un punto

de referencia, \bar{v}_o , en el órgano terminal que coincide instantáneamente con el origen del marco de referencia en el que se expresan los tornillos.

$$\dot{\bar{x}} = \begin{bmatrix} \bar{\omega}_n \\ \bar{v}_o \end{bmatrix} \quad (3.34)$$

En general, la matriz Jacobiano es una matriz $m \times n$, donde m denota los grados de libertad del espacio del órgano terminal, y n denota el número de variables articulares. Para un manipulador espacial de 6 grados de libertad, $m = n = 6$, la matriz Jacobiano es una matriz cuadrada 6×6 . Para un manipulador con menos de 6 grados de libertad, el estado de velocidad del órgano terminal puede contener sólo el vector de velocidad lineal, o el vector de velocidad angular, o alguna combinación de componentes lineales y angulares de velocidad. Por ejemplo, el espacio de trabajo de un manipulador plano se encuentra restringido a un espacio bidimensional. Un vector con tres componentes $\dot{\bar{x}} = [v_x, v_y, \omega_z]^T$ es suficiente para describir el estado de velocidad del órgano terminal. Por lo tanto el Jacobiano se reduce a una matriz 3×3 .

3.4. Singularidades

La matriz Jacobiano, J , transforma las velocidades articulares de un manipulador al estado de velocidad del órgano terminal. Por lo tanto, dadas las velocidades articulares, se pueden calcular las velocidades del órgano terminal directamente. En un problema de planeación de trayectoria, sin embargo, se proporcionan las velocidades deseadas del órgano terminal a lo largo de una trayectoria deseada en el espacio del órgano terminal, y estas velocidades deben ser convertidas en velocidades articulares en el espacio articular. Esto requiere el cálculo de la transformación inversa de la ecuación (3.31):

$$\dot{q} = J^{-1} \dot{\bar{x}} \quad (3.35)$$

La matriz de transformación inversa, J^{-1} , puede ser derivada mediante la formulación de la matriz de cofactores, obteniendo su transpuesta, y dividiéndola entre el determinante de J . La ecuación (3.35) proporciona un medio para calcular las velocidades articulares requeridas para producir ciertas velocidades deseadas en el órgano terminal. Es obvio que las velocidades articulares dependen de la condición de la matriz Jacobiano. En determinadas configuraciones del manipulador, la matriz Jacobiano puede perder su rango completo (hay una reducción del número de renglones o columnas linealmente independientes). Por lo anterior, al acercarse el manipulador a estas configuraciones, la matriz Jacobiano se vuelve singular por lo cual no es posible calcular su matriz inversa. Bajo una condición tal, la solución numérica de la ecuación (3.35) resulta en velocidades articulares infinitas [12].

Se dice que un manipulador está en una configuración singular cuando la matriz Jacobiano pierde todo su rango. Físicamente, esto implica que los ejes de tornillo instantáneos que abarcan el espacio n -dimensional de la matriz Jacobiano se vuelven linealmente dependientes. Por lo anterior, en una configuración singular, un manipulador serial puede perder uno o más grados de libertad, y no podrá moverse en algunas direcciones en el espacio del órgano terminal. Cabe mencionar que en el caso de los manipuladores paralelos ocurre exactamente lo contrario. Este tipo de manipulador puede adquirir uno o más grados de libertad al encontrarse en una configuración singular.

Pueden encontrarse las configuraciones singulares igualando el determinante de la matriz Jacobiano a cero. En general, esto resulta en una sola ecuación algebraica. Para manipuladores seriales, la condición singular es una función de las variables articulares intermedias, no de la primera y última variables articulares. Esto se debe a que la presencia de una singularidad depende únicamente de las ubicaciones relativas de los ejes articulares. De forma similar, la rotación del órgano terminal, alrededor del último eje no afecta la ubicación de algún eje articular. Por lo anterior, la primera y última variables articulares no aparecen en el determinante de la matriz Jacobiano.

Existen dos tipos de singularidades para un manipulador serial: *singularidad de frontera* y *singularidad interior*. Una *singularidad de frontera* ocurre cuando el órgano terminal se encuentra en la superficie de la frontera del espacio de trabajo, y ocurre generalmente cuando el manipulador se encuentra en una configuración totalmente extendida o totalmente replegada. La singularidad de frontera también puede ocurrir cuando uno de sus actuadores alcanza su límite mecánico. Una *singularidad interior* ocurre dentro de la frontera del espacio de trabajo. Varias condiciones pueden conducir a una singularidad interior. Por ejemplo, cuando dos o más ejes articulares se alinean en un solo eje, los efectos de una rotación alrededor de un eje articular pueden ser cancelados por una rotación opuesta alrededor de otro eje articular. De esta forma el órgano terminal permanece estacionario aún cuando los eslabones intermedios del manipulador se mueven en el espacio. Las singularidades de frontera no representan un problema serio en virtud de que se pueden evitar arreglando las tareas de manipulación lejos de la frontera del espacio de trabajo. La singularidad interior es más problemática ya que es más difícil de predecir durante el proceso de planeación de trayectoria.

3.5. Análisis cinemático directo de un manipulador serial plano 2-GDL

En la Figura 3.3, así como en la Figura 3.4, se muestra de manera esquemática un manipulador serial de dos grados de libertad, donde han sido colocados tres sistemas de referencia de acuerdo a la convención de Denavit-Hartenberg. Asimismo, se muestran las variables articulares correspondientes a las dos articulaciones que posee el manipulador.

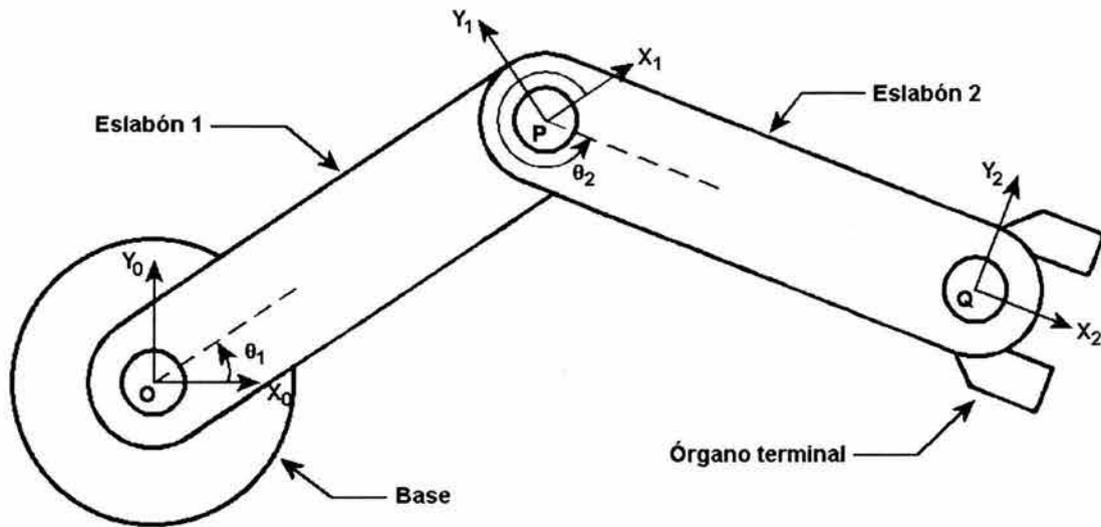


Figura 3.3. Manipulador serial 2-GDL (vista superior)

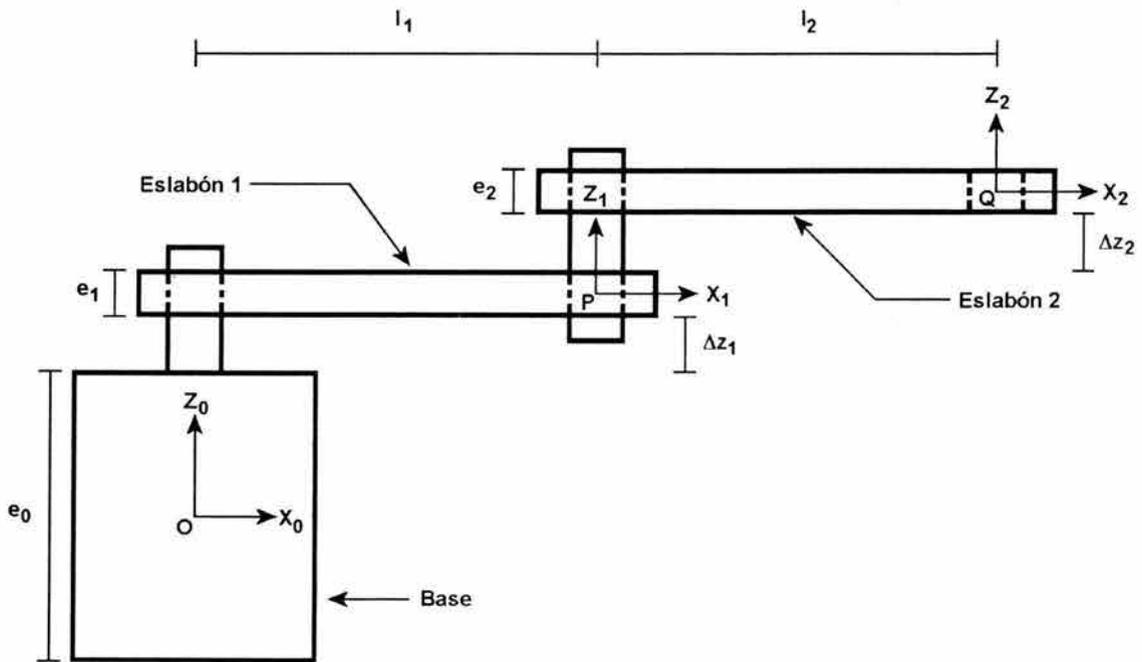


Figura 3.4. Manipulador serial 2-GDL (vista lateral)

Eslabón	α_i	a_i	d_i	θ_i
1	0	l_1	$\left(\frac{e_0}{2} + \Delta z_1 + \frac{e_1}{2}\right)$	θ_1
2	0	l_2	$\left(\frac{e_1}{2} + \Delta z_2 + \frac{e_2}{2}\right)$	θ_2

Tabla 3.1.

Para llevar a cabo el análisis cinemático del manipulador se empleará la matriz de transformación (D-H), para lo cual es necesario obtener en primera instancia los parámetros del eslabón, los cuales se presentan en la Tabla 3.1. Con dichos parámetros es posible calcular las matrices de transformación homogéneas que componen la ecuación de cierre de lazo expresada como

$${}^0A_2 = {}^0A_1 {}^1A_2, \quad (3.36)$$

donde

$${}^0A_1 = \begin{bmatrix} \cos \theta_1 & -\text{sen} \theta_1 & 0 & l_1 \cos \theta_1 \\ \text{sen} \theta_1 & \cos \theta_1 & 0 & l_1 \text{sen} \theta_1 \\ 0 & 0 & 1 & \left(\frac{e_0}{2} + \Delta z_1 + \frac{e_1}{2} \right) \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad (3.37)$$

$${}^1A_2 = \begin{bmatrix} \cos \theta_2 & -\text{sen} \theta_2 & 0 & l_2 \cos \theta_2 \\ \text{sen} \theta_2 & \cos \theta_2 & 0 & l_2 \text{sen} \theta_2 \\ 0 & 0 & 1 & \left(\frac{e_1}{2} + \Delta z_2 + \frac{e_2}{2} \right) \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad y \quad (3.38)$$

$${}^0A_2 = \begin{bmatrix} \cos(\theta_1 + \theta_2) & -\text{sen}(\theta_1 + \theta_2) & 0 & l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) \\ \text{sen}(\theta_1 + \theta_2) & \cos(\theta_1 + \theta_2) & 0 & l_1 \text{sen} \theta_1 + l_2 \text{sen}(\theta_1 + \theta_2) \\ 0 & 0 & 1 & \left(\frac{e_0}{2} + e_1 + \frac{e_2}{2} + \Delta z_1 + \Delta z_2 \right) \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.39)$$

Ahora se disponen de todos los elementos necesarios para llevar a cabo el análisis de posición, el cual se presenta a continuación, sin olvidar que también serán de utilidad para el análisis del Jacobiano, el cual se presentará más adelante.

3.5.1. Análisis directo de posición

El vector de posición del origen Q del marco de referencia del órgano terminal, expresado en ese mismo sistema coordenado, está dado por ${}^2\vec{q} = [0, 0, 0, 1]^T$. Sea además el vector de posición de Q con respecto al sistema de referencia base ${}^0\vec{q} = [q_x, q_y, q_z, 1]^T$. Ahora es posible relacionar ${}^2\vec{q}$ con ${}^0\vec{q}$ mediante la siguiente transformación:

$$\begin{bmatrix} q_x \\ q_y \\ q_z \\ 1 \end{bmatrix} = {}^0A_2 \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) \\ l_1 \sin \theta_1 + l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \\ \left(\frac{e_0}{2} + e_1 + \frac{e_2}{2} + \Delta z_1 + \Delta z_2\right) \\ 1 \end{bmatrix}. \quad (3.40)$$

Por lo tanto, dados θ_1 y θ_2 , la posición del punto Q puede ser determinada mediante la ecuación (3.40). De forma similar, el vector de posición de cualquier otro punto en el órgano terminal, ${}^2\vec{g} = [g_u, g_v, 0, 1]^T$, está dada por

$$\begin{bmatrix} g_x \\ g_y \\ g_z \\ 1 \end{bmatrix} = {}^0A_2 \begin{bmatrix} g_u \\ g_v \\ 0 \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_u \cos(\theta_1 + \theta_2) - g_v \sin(\theta_1 + \theta_2) + l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) \\ g_u \sin(\theta_1 + \theta_2) + g_v \cos(\theta_1 + \theta_2) + l_1 \sin \theta_1 + l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \\ \left(\frac{e_0}{2} + e_1 + \frac{e_2}{2} + \Delta z_1 + \Delta z_2\right) \\ 1 \end{bmatrix}. \quad (3.41)$$

De la ecuación (3.39) se concluye que el ángulo de orientación del órgano terminal es igual a $(\theta_1 + \theta_2)$.

Un análisis de posición nos permite también determinar el espacio de trabajo del manipulador. En este caso, por tratarse de un manipulador de dos grados de libertad únicamente, resulta sencillo imaginarse la forma del espacio de trabajo. Sin embargo, en el caso de manipuladores con más grados de libertad, la tarea de visualizar el espacio de trabajo no resulta tan sencilla.

El análisis de las configuraciones singulares del manipulador también permite hacerse una idea de los límites del espacio de trabajo. Al tratarse de un manipulador plano, no es posible obtener un volumen de trabajo sino una superficie de trabajo. A partir de la ecuación (3.40) se obtienen las ecuaciones paramétricas necesarias para obtener dicha superficie, la cual se muestra en la Figura 3.5, donde

$$\begin{cases} x = l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) \\ y = l_1 \sin \theta_1 + l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \\ z = \left(\frac{e_0}{2} + e_1 + \frac{e_2}{2} + \Delta z_1 + \Delta z_2\right), \end{cases}$$

sin embargo, al graficar las curvas paramétricas para las posiciones en x, y , y z , se ha considerado para efectos prácticos que $z=0$, $0 \leq \theta_1 \leq 2\pi$, y $0 \leq \theta_2 \leq 2\pi$.

Además, es importante resaltar que esta gráfica fue realizada considerando valores para $l_1 = 10$ y $l_2 = 5$ unidades respectivamente, a manera de ejemplo.

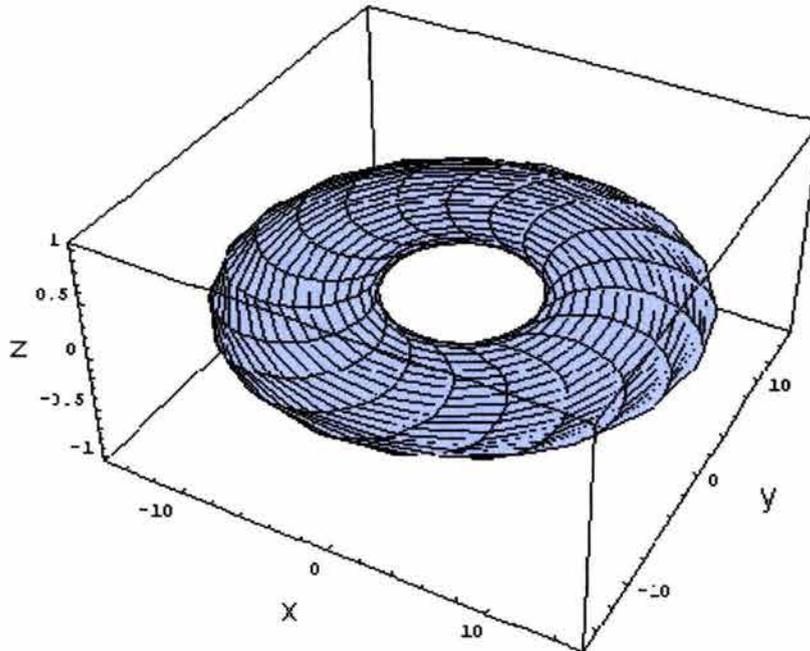


Figura 3.5. Espacio de trabajo del manipulador

3.5.2. Análisis directo del Jacobiano

A partir de la ecuación (3.33), puede expresarse la velocidad lineal del origen del marco de referencia del órgano terminal del manipulador 2-GDL mostrado en la Figura 3.3 como

$$\dot{\vec{x}} = \begin{bmatrix} v_x \\ v_y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \dot{q}_x \\ \dot{q}_y \end{bmatrix}. \quad (3.42)$$

En virtud de que el manipulador posee dos grados de libertad así como dos variables articulares, la matriz Jacobiano queda definida como una matriz 2×2 , la cual relaciona la velocidad lineal del órgano terminal con las velocidades articulares de la siguiente forma

$$\begin{bmatrix} v_x \\ v_y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial q_x}{\partial \theta_1} & \frac{\partial q_x}{\partial \theta_2} \\ \frac{\partial q_y}{\partial \theta_1} & \frac{\partial q_y}{\partial \theta_2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \dot{\theta}_1 \\ \dot{\theta}_2 \end{bmatrix}, \quad (3.43)$$

es decir,

$$\begin{bmatrix} v_x \\ v_y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -l_1 \sin \theta_1 - l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) & -l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \\ l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) & l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \dot{\theta}_1 \\ \dot{\theta}_2 \end{bmatrix}, \quad (3.44)$$

de donde resulta que la matriz Jacobiano queda expresada mediante la siguiente ecuación:

$$J = \begin{bmatrix} -l_1 \sin \theta_1 - l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) & -l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \\ l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) & l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) \end{bmatrix}. \quad (3.45)$$

Finalmente, las componentes de la velocidad lineal quedan definidas en términos de las velocidades articulares de la siguiente forma:

$$v_x = [-l_1 \sin \theta_1 - l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2)] \dot{\theta}_1 - [l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2)] \dot{\theta}_2, \quad (3.46)$$

$$v_y = [l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2)] \dot{\theta}_1 + [l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2)] \dot{\theta}_2. \quad (3.47)$$

3.6. Análisis cinemático inverso de un manipulador serial plano 2-GDL

De forma análoga al análisis directo, para llevar a cabo el análisis inverso es necesario emplear la matriz de transformación (D-H), obtenida con anterioridad. A continuación se presentan los análisis inversos de posición y del Jacobiano.

3.6.1. Análisis inverso de posición

Para un manipulador serial plano de 2-GDL, como el que se muestra en la Figura 3.3, la ubicación del órgano terminal puede ser especificada en términos de la posición del punto Q y un ángulo de orientación ϕ del efector final. Por lo tanto, la matriz de transformación general del sistema coordinado del órgano terminal al marco de referencia base, 0A_2 , está dada por

$${}^0A_2 = \begin{bmatrix} \cos \phi & -\sin \phi & 0 & q_x \\ \sin \phi & \cos \phi & 0 & q_y \\ 0 & 0 & 1 & \left(\frac{e_0}{2} + e_1 + \frac{e_2}{2} + \Delta z_1 + \Delta z_2 \right) \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}. \quad (3.48)$$

Las soluciones de cinemática inversa pueden ser obtenidas al igualar los elementos de la ecuación (3.39) con aquellos de la (3.48). Para encontrar la orientación del órgano terminal, se igualan los elementos (1,1) y (2,1) de la ecuación (3.39) con los de la (3.48):

$$\cos \phi = \cos(\theta_1 + \theta_2), \quad (3.49)$$

$$\text{sen } \phi = \text{sen}(\theta_1 + \theta_2). \quad (3.50)$$

Por lo tanto,

$$\phi = \theta_1 + \theta_2. \quad (3.51)$$

Igualando los elementos (1,4) y (2,4) de la ecuación (3.39) con los de la (3.48) se obtiene que

$$q_x = l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2), \quad (3.52)$$

$$q_y = l_1 \text{sen } \theta_1 + l_2 \text{sen}(\theta_1 + \theta_2). \quad (3.53)$$

Si se realiza la suma de cuadrados¹ de las ecuaciones (3.52) y (3.53) se tiene que

$$\begin{aligned} q_x^2 + q_y^2 &= [l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2)]^2 + [l_1 \text{sen } \theta_1 + l_2 \text{sen}(\theta_1 + \theta_2)]^2, \\ q_x^2 + q_y^2 &= l_1^2 + l_2^2 + 2l_1 l_2 \cos \theta_2. \end{aligned} \quad (3.54)$$

Despejando θ_2 de la ecuación (3.54) se tiene que

$$\theta_2 = \arccos \kappa, \quad (3.55)$$

donde

$$\kappa = \frac{q_x^2 + q_y^2 - l_1^2 - l_2^2}{2l_1 l_2}. \quad (3.56)$$

La ecuación (3.55) proporciona

- 1) dos raíces reales si $|\kappa| < 1$,
- 2) una raíz doble si $|\kappa| = 1$, y
- 3) ninguna raíz real si $|\kappa| > 1$.

¹ Analizando detenidamente la Figura 3.3, puede observarse que la distancia del punto O al punto Q es independiente de θ_1 .

En general, para $|\kappa| < 1$ se tiene que si $\theta_2 = \theta_2^*$ es una solución, $\theta_2 = -\theta_2^*$ es también una solución, donde $\pi \geq \theta_2^* \geq 0$. Si $|\kappa| = 1$, el manipulador se encuentra totalmente extendido o totalmente replegado. Si $|\kappa| > 1$, la ubicación no es alcanzable. Además, correspondiendo a cada θ_2 , se puede resolver θ_1 expandiendo las ecuaciones (3.52) y (3.53) como sigue:

$$q_x = (l_1 + l_2 \cos \theta_2) \cos \theta_1 - (l_2 \sin \theta_2) \sin \theta_1, \quad (3.57)$$

$$q_y = (l_2 \sin \theta_2) \cos \theta_1 + (l_1 + l_2 \cos \theta_2) \sin \theta_1. \quad (3.58)$$

Resolviendo las ecuaciones (3.57) y (3.58) para $\cos \theta_1$ y $\sin \theta_1$, se obtiene

$$\sin \theta_1 = \frac{-q_x (l_2 \sin \theta_2) + q_y (l_1 + l_2 \cos \theta_2)}{l_1^2 + l_2^2 + 2l_1 l_2 \cos \theta_2},$$

$$\cos \theta_1 = \frac{q_x (l_1 + l_2 \cos \theta_2) + q_y (l_2 \sin \theta_2)}{l_1^2 + l_2^2 + 2l_1 l_2 \cos \theta_2}.$$

Por lo tanto, para cada θ_2 , le corresponde una única solución para θ_1 :

$$\tan \theta_1 = \frac{\sin \theta_1}{\cos \theta_1},$$

$$\theta_1 = \arctan \frac{\sin \theta_1}{\cos \theta_1} = \arctan \left[\frac{-q_x (l_2 \sin \theta_2) + q_y (l_1 + l_2 \cos \theta_2)}{q_x (l_1 + l_2 \cos \theta_2) + q_y (l_2 \sin \theta_2)} \right]. \quad (3.59)$$

En un programa de computadora se puede usar la función $\arctan 2(x, y)$ para obtener una solución única para θ_1 [13]. Sin embargo, la solución puede ser real o compleja. Una solución compleja corresponde a una locación del órgano terminal que no es alcanzable por el manipulador. En general, dada una ubicación del órgano terminal, existen dos soluciones reales de cinemática inversa, donde una es el reflejo de la otra alrededor de una línea que conecta los puntos O y Q .

3.6.2. Análisis inverso del Jacobiano

A partir de la ecuación (3.35) es posible obtener una expresión que permita representar las velocidades articulares en términos de las componentes de velocidad lineal del órgano terminal. Esta expresión involucra a la matriz Jacobiano de la siguiente forma:

$$\begin{bmatrix} \dot{\theta}_1 \\ \dot{\theta}_2 \end{bmatrix} = J^{-1} \begin{bmatrix} v_x \\ v_y \end{bmatrix}. \quad (3.60)$$

Sin embargo, primero se tiene que determinar la matriz inversa del Jacobiano, la cual queda definida como

$$J^{-1} = \frac{1}{\det J} \text{Adj} J. \quad (3.61)$$

Empleando la ecuación (3.45) es posible determinar la matriz adjunta del Jacobiano, así como su determinante, los cuales quedan expresados mediante las siguientes ecuaciones:

$$\text{Adj} J = \begin{bmatrix} l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) & l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \\ -l_1 \cos \theta_1 - l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) & -l_1 \sin \theta_1 - l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \end{bmatrix}, \quad (3.62)$$

$$\det J = l_1 l_2 \sin \theta_2. \quad (3.63)$$

Finalmente, substituyendo las ecuaciones (3.62) y (3.63) en la (3.61) queda definida la matriz inversa del Jacobiano como

$$J^{-1} = \frac{1}{l_1 l_2 \sin \theta_2} \begin{bmatrix} l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) & l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \\ -l_1 \cos \theta_1 - l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) & -l_1 \sin \theta_1 - l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2) \end{bmatrix}. \quad (3.64)$$

Substituyendo la ecuación (3.64) en la (3.60) se obtienen las ecuaciones que permiten expresar las velocidades articulares en términos de las componentes de velocidad lineal del origen del marco de referencia del órgano terminal, las cuales quedan definidas como

$$\dot{\theta}_1 = \frac{[l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2)] v_x + [l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2)] v_y}{l_1 l_2 \sin \theta_2}, \text{ y} \quad (3.65)$$

$$\dot{\theta}_2 = \frac{[-l_1 \cos \theta_1 - l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2)] v_x + [-l_1 \sin \theta_1 - l_2 \sin(\theta_1 + \theta_2)] v_y}{l_1 l_2 \sin \theta_2}. \quad (3.66)$$

3.7. Análisis de singularidades en un manipulador serial plano 2-GDL

Como se mencionó anteriormente, un manipulador se encuentra en una configuración singular cuando $\det J = 0$. Empleando la ecuación (3.63) se tiene que

$$\det J = l_1 l_2 \text{sen} \theta_2 = 0. \quad (3.67)$$

Asumiendo que la longitud de los eslabones es mayor a cero, a partir de la ecuación (3.67) se obtiene la siguiente expresión:

$$\text{sen} \theta_2 = 0. \quad (3.68)$$

La ecuación (3.68) implica que para que el manipulador se encuentre en una configuración singular, es necesario que el ángulo θ_2 tome los siguientes valores:

$$\theta_2 = 0^\circ, 180^\circ, -180^\circ.$$

Los resultados anteriores confirman que las configuraciones singulares son aquellas en las que el manipulador se encuentra totalmente replegado o totalmente extendido.

Para poder tener una idea de los efectos físicos que se ejercen en el manipulador al presentarse una configuración singular, puede visualizarse la variación del recíproco del determinante del Jacobiano con respecto a la posición del órgano terminal del manipulador. Las ecuaciones paramétricas para obtener dicha gráfica se presentan a continuación:

$$\begin{cases} x = l_1 \cos \theta_1 + l_2 \cos(\theta_1 + \theta_2) \\ y = l_1 \text{sen} \theta_1 + l_2 \text{sen}(\theta_1 + \theta_2) \\ z = \frac{1}{l_1 l_2 \text{sen} \theta_2} \end{cases}$$

En virtud de la complejidad de la gráfica resultante, ésta se ha dividido en dos partes de acuerdo al dominio de la segunda variable articular. La primera parte se muestra en la Figura 3.6 donde $0 \leq \theta_1 \leq 2\pi$ y $0 \leq \theta_2 \leq \pi$ respectivamente. La segunda parte de la gráfica se muestra en la Figura 3.7 donde $0 \leq \theta_1 \leq 2\pi$ y $\pi \leq \theta_2 \leq 2\pi$ respectivamente.

Al analizar ambas gráficas puede observarse que la pendiente de la superficie se vuelve infinita en aquellas regiones donde se tienen las configuraciones singulares, las cuales corresponden al límite exterior de la superficie del espacio de trabajo, donde el manipulador se encuentra totalmente extendido, así como el límite interior de dicha superficie, donde el manipulador se encuentra totalmente replegado. Es precisamente en estas regiones donde el determinante del Jacobiano se vuelve nulo y por lo tanto su recíproco se vuelve infinito.

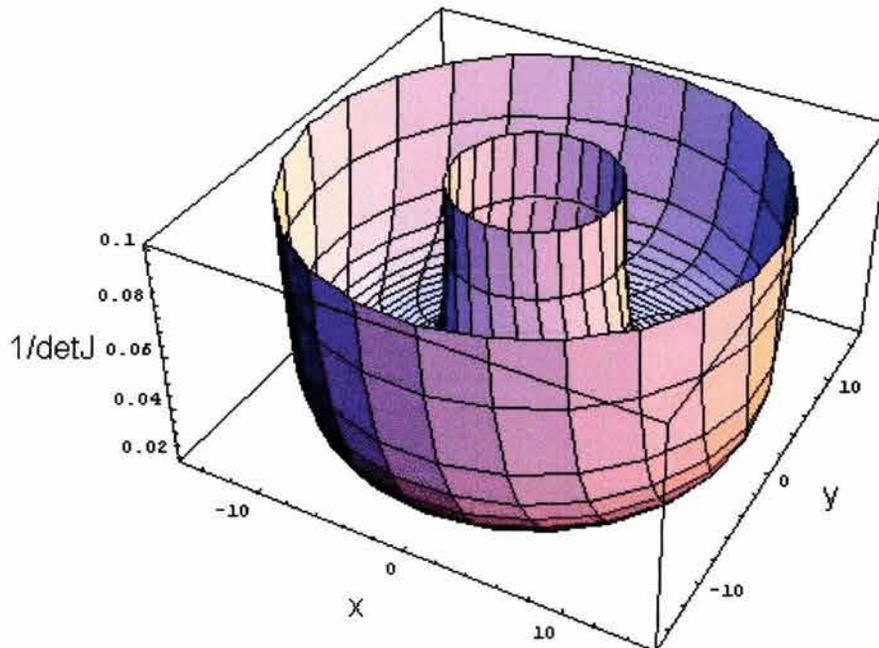


Figura 3.6. Recíproco del determinante del Jacobiano (1ª. Parte)

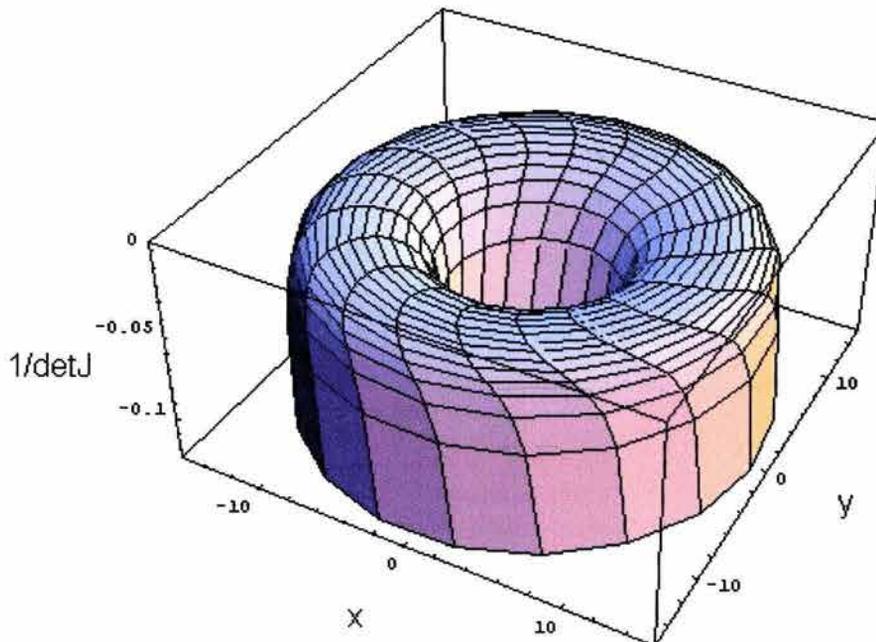


Figura 3.7. Recíproco del determinante del Jacobiano (2ª. Parte)

En la Figura 3.8, así como en la Figura 3.9, se muestran los cortes transversales de las gráficas anteriores donde se aprecian más claramente los cambios en la pendiente de la superficie. Al observar con cuidado ambas figuras, se puede apreciar que ambas gráficas no presentan simetría con respecto al eje de giro.

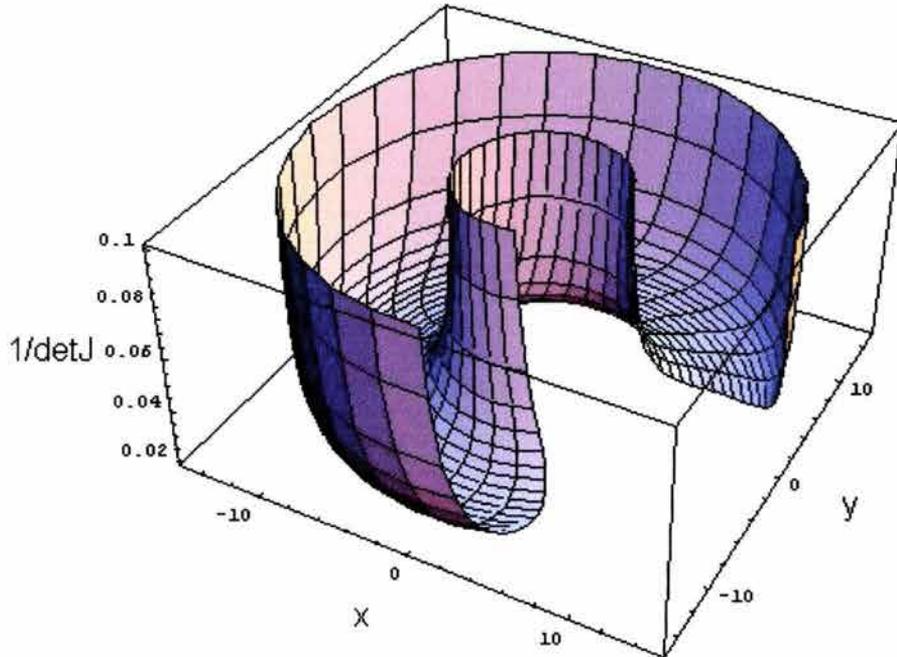


Figura 3.8. Recíproco del determinante del Jacobiano (corte transversal)

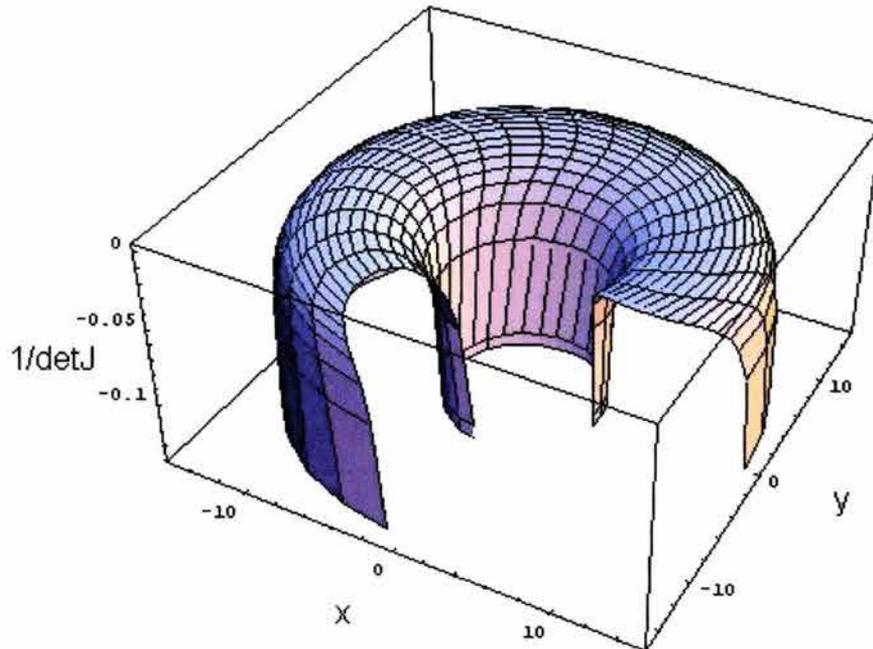


Figura 3.9. Recíproco del determinante del Jacobiano (corte transversal)

Retomando las ecuaciones (3.60) y (3.61) así como las ecuaciones (3.65) y (3.66) puede observarse que las velocidades articulares tienden a volverse infinitas bajo estas condiciones, como se había mencionado con anterioridad. Físicamente no pueden obtenerse velocidades articulares infinitas en los eslabones, sin embargo, el hecho de que matemáticamente resulte así nos indica

que en la realidad, al acercarse el manipulador a las configuraciones singulares, las velocidades articulares incrementarán grandemente su valor de manera repentina. Las implicaciones de este fenómeno dependerán de la tarea que se encuentre realizando el manipulador. Queda claro que en tareas delicadas, como pudiera ser el transporte de sustancias peligrosas, podría presentar serios riesgos el llevar el manipulador a configuraciones singulares a lo largo de la trayectoria.

3.8. Dinámica de manipuladores seriales

Para algunas aplicaciones como la soldadura con arco, es necesario mover el efector final de un manipulador de un punto a otro rápidamente. La dinámica del manipulador juega un papel muy importante en conseguir un buen desempeño a altas velocidades. El desarrollo de un modelo dinámico es importante en muchas formas. En primer lugar, un modelo dinámico puede ser usado para la simulación por computadora de un sistema robótico. Al examinar el comportamiento del modelo en varias condiciones de operación, es posible predecir como se comportará el sistema robótico antes de ser construido. Pueden examinarse varias tareas de automatización sin la necesidad de tener un sistema real. En segundo lugar, puede usarse para el desarrollo de estrategias de control adecuadas. Un controlador sofisticado requiere el uso de un modelo dinámico realista para lograr un desempeño óptimo en tareas a altas velocidades. Algunos sistemas de control dependen directamente de un modelo dinámico para calcular los torques requeridos en los actuadores para seguir una trayectoria deseada. En tercer lugar, el análisis dinámico de un manipulador revela todas las fuerzas y momentos de reacción articulares necesarios para el diseño y construcción de los eslabones, baleros, y actuadores.

Existen dos tipos de análisis dinámico: *análisis directo* y *análisis inverso*. El *análisis directo* consiste en encontrar la respuesta de un robot manipulador correspondiente a la aplicación de torques y/o fuerzas. Es decir, dado un vector de torques o fuerzas articulares, se desea calcular el movimiento resultante del manipulador en función del tiempo. El *análisis dinámico inverso* consiste en encontrar los torques y/o fuerzas de los actuadores requeridos para recorrer una trayectoria determinada. El problema puede ser formulado en el espacio articular, $\bar{q}(t)$, o en el espacio del órgano terminal, $\bar{x}(t)$. Ambas formulaciones se encuentran relacionadas por la matriz Jacobiano y su derivada temporal. En general, la eficiencia de cálculo en el análisis directo no es tan crítica, ya que este análisis se usa primordialmente para simulaciones por computadora de un manipulador. Por otro lado, un modelo dinámico inverso eficiente se vuelve extremadamente importante para control en tiempo real de un manipulador.

Las ecuaciones dinámicas de movimiento pueden ser formuladas por distintos métodos. Uno de ellos se basa en la aplicación de las leyes de Newton y Euler. Escribiendo las ecuaciones de Newton y Euler para cada cuerpo de un sistema mecánico, se obtiene un sistema de ecuaciones que contiene tanto las fuerzas aplicadas como las fuerzas de restricción. Éstas últimas pueden ser

eliminadas al considerar las ecuaciones geométricas y cinemáticas que describen la naturaleza de las restricciones. Otro método es la aplicación del *principio de d'Alembert o Hamilton*. Alternativamente, uno puede aplicar las *ecuaciones de movimiento de Lagrange*, o el *método de Kane*. La ventaja de emplear el enfoque lagrangiano es que elimina las fuerzas de restricción a la salida. Sin embargo, estas fuerzas de restricción deben ser consideradas posteriormente para cuestiones de diseño. Por otro lado, el método Newton-Euler genera un sistema de ecuaciones más grande, y estas ecuaciones pueden ser resueltas simultáneamente para todas las fuerzas, incluyendo las fuerzas de restricción.

3.8.1. Formulación recursiva Newton-Euler

La formulación Newton-Euler incorpora todas las fuerzas que actúan en los eslabones individuales de un brazo manipulador. Por lo tanto, las ecuaciones dinámicas resultantes incluyen todas las fuerzas de restricción entre dos eslabones adyacentes. Estas fuerzas de restricción son útiles para dimensionar los eslabones y baleros durante la etapa de diseño. El método consiste en una iteración hacia delante de las velocidades y aceleraciones de cada eslabón, seguida de una iteración hacia atrás de las fuerzas y momentos en cada articulación.

Las fuerzas y momentos que actúan sobre un eslabón típico i de un manipulador serial se muestran en la Figura 3.10. Para el propósito de análisis, se emplean los siguientes parámetros [12]:

- La fuerza resultante, $\vec{f}_{i,i-1}$, ejercida sobre el eslabón i por el eslabón $i-1$ en el punto O_{i-1} .
- La fuerza de inercia, \vec{f}_i^* , ejercida en el centro de masa del eslabón i .
- La matriz de inercia, iI_i , del eslabón i alrededor de su centro de masa, y expresado en el marco de referencia del i -ésimo eslabón.
- El momento resultante, $\vec{n}_{i,i-1}$, ejercido sobre el eslabón i por el eslabón $i-1$ en el punto O_{i-1} .
- El momento de inercia, \vec{n}_i^* , ejercido en el centro de masa del eslabón i .
- El vector de posición, \vec{p}_i , del origen del i -ésimo marco de referencia con respecto a la base, $\vec{p}_i = \overline{O_0O_i}$.
- El vector de posición, \vec{p}_{ci} , del centro de masa del i -ésimo eslabón con respecto al marco de referencia base, $\vec{p}_{ci} = \overline{O_0C_i}$.
- El vector de posición, \vec{r}_i , del origen del i -ésimo marco de referencia con respecto al marco de referencia $i-1$, $\vec{r}_i = \overline{O_{i-1}O_i}$.
- El vector de posición, \vec{r}_{ci} , del centro de masa del eslabón i con respecto al i -ésimo marco de referencia, $\vec{r}_{ci} = \overline{O_iC_i}$.

- La velocidad lineal absoluta, \vec{v}_i , del origen O_i .
- La velocidad lineal absoluta, \vec{v}_{ci} , del centro de masa del eslabón i .
- La aceleración lineal absoluta, $\dot{\vec{v}}_i$, del origen O_i .
- La aceleración lineal absoluta, $\dot{\vec{v}}_{ci}$, del centro de masa del eslabón i .
- El vector unitario, \hat{z}_i , a lo largo del eje z_i .
- La velocidad angular absoluta, $\vec{\omega}_i$, del eslabón i .
- La aceleración angular absoluta, $\dot{\vec{\omega}}_i$, del eslabón i .

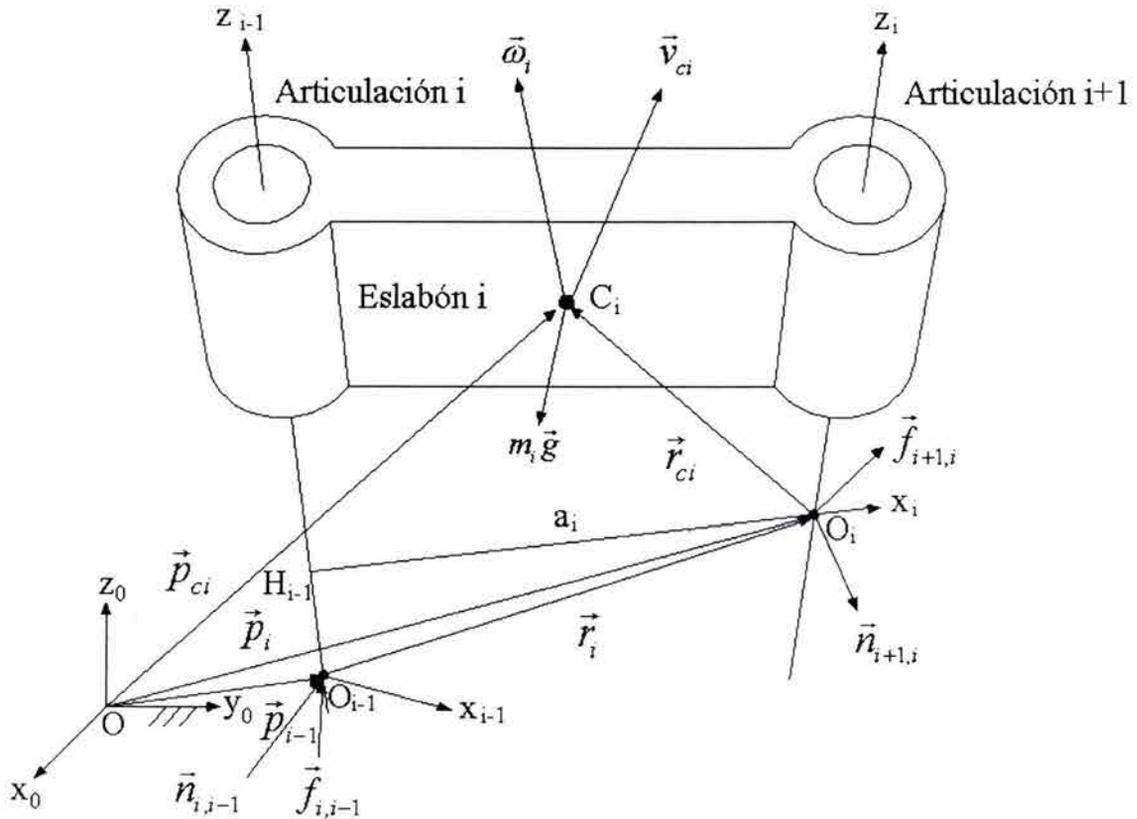


Figura 3.10. Momentos y fuerzas ejercidos en el eslabón i

3.8.2. Iteración hacia delante

Se calculan la velocidad angular, la aceleración angular, la velocidad lineal, y la aceleración lineal de cada eslabón en términos del eslabón que lo precede, empezando por el primer eslabón móvil, y terminando con el efector final. Las condiciones iniciales para el eslabón base son: $\vec{v}_0 = \dot{\vec{v}}_0 = \vec{\omega}_0 = \dot{\vec{\omega}}_0 = 0$.

3.8.2.1. Propagación de la velocidad angular

Dependiendo del tipo de construcción de un manipulador serial, la velocidad angular del eslabón i , relativa al eslabón $i-1$ puede representarse de dos formas

distintas. Esta velocidad es igual a $\hat{z}_{i-1}\dot{\theta}_i$ cuando se emplea una articulación rotacional, y es igual a 0 cuando se utiliza una articulación prismática, donde \hat{z}_{i-1} denota un vector unitario que apunta a lo largo del i -ésimo eje articular. Por lo tanto, tomando en cuenta los resultados anteriores, la velocidad angular del eslabón i puede ser descrita mediante un par de ecuaciones, de la siguiente forma:

$$\bar{\omega}_i = \begin{cases} \bar{\omega}_{i-1} + \bar{z}_{i-1}\dot{\theta}_i, \\ \bar{\omega}_{i-1} \end{cases}, \quad (3.69)$$

dependiendo del tipo de articulación, rotacional o prismática respectivamente. Expresando la ecuación (3.69) en el i -ésimo marco de referencia, se tiene como resultado que

$${}^i\bar{\omega}_i = \begin{cases} {}^iR_{i-1} \left({}^{i-1}\bar{\omega}_{i-1} + {}^{i-1}\bar{z}_{i-1}\dot{\theta}_i \right), \\ {}^iR_{i-1} {}^{i-1}\bar{\omega}_{i-1} \end{cases}, \quad (3.70)$$

donde

$${}^iR_{i-1} = \begin{bmatrix} \cos\theta_i & \text{sen}\theta_i & 0 \\ -\cos\alpha_i \text{sen}\theta_i & \cos\alpha_i \cos\theta_i & \text{sen}\alpha_i \\ \text{sen}\alpha_i \text{sen}\theta_i & -\text{sen}\alpha_i \cos\theta_i & \cos\alpha_i \end{bmatrix}, \quad (3.71)$$

y ${}^{i-1}\hat{z}_{i-1} = [0, 0, 1]^T$ es un vector unitario que apunta a lo largo del i -ésimo eje articular y está expresado en el sistema coordenado $i-1$.

3.8.2.2. Propagación de la aceleración angular

La aceleración angular del eslabón i se obtiene diferenciando la ecuación (3.69) con respecto al tiempo:

$$\dot{\bar{\omega}}_i = \begin{cases} \dot{\bar{\omega}}_{i-1} + \bar{z}_{i-1}\ddot{\theta}_i + \bar{\omega}_{i-1} \times \bar{z}_{i-1}\dot{\theta}_i, \\ \dot{\bar{\omega}}_{i-1} \end{cases}, \quad (3.72)$$

dependiendo nuevamente del tipo de articulación, rotacional o prismática respectivamente. Expresando la ecuación (3.72) en el i -ésimo marco de referencia, se obtiene

$${}^i\dot{\bar{\omega}}_i = \begin{cases} {}^iR_{i-1} \left({}^{i-1}\dot{\bar{\omega}}_{i-1} + {}^{i-1}\bar{z}_{i-1}\ddot{\theta}_i + {}^{i-1}\bar{\omega}_{i-1} \times {}^{i-1}\bar{z}_{i-1}\dot{\theta}_i \right), \\ {}^iR_{i-1} {}^{i-1}\dot{\bar{\omega}}_{i-1} \end{cases}. \quad (3.73)$$

La ecuación (3.73) proporciona una fórmula recursiva para calcular la aceleración angular del eslabón i en términos del eslabón $i-1$.

3.8.2.3. Propagación de la velocidad lineal

De acuerdo a la Figura 3.10, se observa que si la i -ésima articulación es rotacional, el eslabón i no se traslada a lo largo del i -ésimo eje articular. Asimismo, si la i -ésima articulación es prismática, existe una velocidad traslacional \dot{d}_i a lo largo del i -ésimo eje articular. Por lo tanto, la velocidad del punto O_i puede ser escrita en términos de O_{i-1} como sigue:

$$\vec{v}_i = \begin{cases} \vec{v}_{i-1} + \vec{\omega}_i \times \vec{r}_i \\ \vec{v}_{i-1} + \vec{\omega}_i \times \vec{r}_i + \vec{z}_{i-1} \dot{d}_i \end{cases} \quad (3.74)$$

dependiendo del tipo de articulación, rotacional o prismática respectivamente. Puede expresarse la ecuación (3.74) en el i -ésimo marco de referencia como

$${}^i\vec{v}_i = \begin{cases} {}^iR_{i-1} {}^{i-1}\vec{v}_{i-1} + {}^i\vec{\omega}_i \times {}^i\vec{r}_i \\ {}^iR_{i-1} ({}^{i-1}\vec{v}_{i-1} + {}^{i-1}\vec{z}_{i-1} \dot{d}_i) + {}^i\vec{\omega}_i \times {}^i\vec{r}_i \end{cases} \quad (3.75)$$

donde

$${}^i\vec{r}_i = \begin{bmatrix} a_i \\ d_i \text{ sen } \alpha_i \\ d_i \text{ cos } \alpha_i \end{bmatrix} \quad (3.76)$$

El vector ${}^i\vec{r}_i$ es constante para una articulación rotacional y variable para una articulación prismática. La ecuación (3.75) es una fórmula recursiva para calcular la velocidad lineal del origen del eslabón i en términos del eslabón $i-1$.

3.8.2.4. Propagación de la aceleración lineal

La aceleración lineal del origen O_i del marco de referencia i puede ser obtenida diferenciando la ecuación (3.74) con respecto al tiempo, dando como resultado las siguientes ecuaciones:

$$\dot{\vec{v}}_i = \begin{cases} \dot{\vec{v}}_{i-1} + \dot{\vec{\omega}}_i \times \vec{r}_i + \vec{\omega}_i \times (\vec{\omega}_i \times \vec{r}_i) \\ \dot{\vec{v}}_{i-1} + \vec{z}_{i-1} \ddot{d}_i + \dot{\vec{\omega}}_i \times \vec{r}_i + \vec{\omega}_i \times (\vec{\omega}_i \times \vec{r}_i) + 2\vec{\omega}_i \times (\vec{z}_{i-1} \dot{d}_i) \end{cases} \quad (3.77)$$

Expresando la ecuación (3.77) en el i -ésimo marco de referencia, se obtiene

$${}^i\dot{\vec{v}}_i = \begin{cases} {}^iR_{i-1} {}^{i-1}\dot{\vec{v}}_{i-1} + {}^i\dot{\vec{\omega}}_i \times {}^i\vec{r}_i + {}^i\vec{\omega}_i \times ({}^i\vec{\omega}_i \times {}^i\vec{r}_i) \\ {}^iR_{i-1} ({}^{i-1}\dot{\vec{v}}_{i-1} + {}^{i-1}\ddot{\vec{z}}_{i-1} \dot{d}_i) + {}^i\dot{\vec{\omega}}_i \times {}^i\vec{r}_i + {}^i\vec{\omega}_i \times ({}^i\vec{\omega}_i \times {}^i\vec{r}_i) + 2{}^i\vec{\omega}_i \times ({}^iR_{i-1} {}^{i-1}\ddot{\vec{z}}_{i-1} \dot{d}_i) \end{cases} \quad (3.78)$$

La ecuación (3.78) es una fórmula recursiva para calcular la aceleración lineal del eslabón i en términos del eslabón $i-1$.

3.8.2.5. Aceleración lineal del centro de masa

La aceleración lineal del centro de masa se calcula mediante la siguiente expresión:

$${}^i\dot{\vec{v}}_{ci} = {}^i\dot{\vec{v}}_i + {}^i\dot{\vec{\omega}}_i \times {}^i\vec{r}_{ci} + {}^i\vec{\omega}_i \times ({}^i\vec{\omega}_i \times {}^i\vec{r}_{ci}). \quad (3.79)$$

3.8.2.6. Aceleración de la gravedad

Finalmente, se transforma la aceleración de la gravedad del marco de referencia $i-1$ al marco de referencia i como sigue:

$${}^i\vec{g} = {}^iR_{i-1} {}^{i-1}\vec{g}. \quad (3.80)$$

3.8.3. Iteración hacia atrás

Una vez obtenidas las velocidades y aceleraciones, pueden obtenerse las fuerzas articulares, un eslabón a la vez, empezando por el efector final, y terminando en el eslabón base. Primero se calculan la fuerza de inercia y el momento de inercia ejercidos en el centro de masa del eslabón i :

$${}^i\vec{f}_i^* \equiv -m_i {}^i\dot{\vec{v}}_{ci}, \text{ y} \quad (3.81)$$

$${}^i\vec{n}_i^* \equiv -{}^iI_i {}^i\dot{\vec{\omega}}_i - {}^i\vec{\omega}_i \times ({}^iI_i {}^i\vec{\omega}_i). \quad (3.82)$$

Enseguida, se determinan las ecuaciones de equilibrio de fuerzas y momentos alrededor del centro de masa del eslabón i . De acuerdo a la Figura 3.10 se tiene que

$${}^i\vec{f}_i^* + {}^i\vec{f}_{i,j-1} - {}^i\vec{f}_{i+1,j} + m_i {}^i\vec{g} = 0, \text{ y} \quad (3.83)$$

$${}^i\vec{n}_i^* + {}^i\vec{n}_{i,j-1} - {}^i\vec{n}_{i+1,j} - ({}^i\vec{r}_i + {}^i\vec{r}_{ci}) \times {}^i\vec{f}_{i,j-1} + {}^i\vec{r}_{ci} \times {}^i\vec{f}_{i+1,j} = 0. \quad (3.84)$$

Reacomodando términos para expresar las ecuaciones (3.83) y (3.84) en forma recursiva, se obtienen las siguientes expresiones:

$${}^i\vec{f}_{i,j-1} = {}^i\vec{f}_{i+1,j} - m_i {}^i\vec{g} - {}^i\vec{f}_i^*, \text{ y} \quad (3.85)$$

$${}^i\vec{n}_{i,j-1} = {}^i\vec{n}_{i+1,j} + ({}^i\vec{r}_i + {}^i\vec{r}_{ci}) \times {}^i\vec{f}_{i,j-1} - {}^i\vec{r}_{ci} \times {}^i\vec{f}_{i+1,j} - {}^i\vec{n}_i^*. \quad (3.86)$$

Una vez calculados la fuerza de reacción y el momento en el marco de referencia i , son convertidos al marco de referencia $i-1$ mediante las siguientes transformaciones:

$${}^{i-1}\vec{f}_{i,j-1} = {}^{i-1}R_i {}^i\vec{f}_{i,j-1}, \text{ y} \quad (3.87)$$

$${}^{i-1}\vec{n}_{i,j-1} = {}^{i-1}R_i {}^i\vec{n}_{i,j-1}. \quad (3.88)$$

Las ecuaciones (3.85) a la (3.88) pueden ser utilizadas para calcular ${}^i\vec{f}_{i,j-1}$ y ${}^i\vec{n}_{i,j-1}$ recursivamente, empezando por el órgano terminal. Para el órgano terminal, ${}^n\vec{f}_{n+1,n}$ y ${}^n\vec{n}_{n+1,n}$ representan la fuerza y momento de salida en el efector final, y se consideran vectores conocidos.

3.8.4 Ecuaciones de torque en las articulaciones

Los pares motrices o fuerzas, τ_i , se obtienen al proyectar las fuerzas de restricción en sus correspondientes ejes articulares; esto es,

$$\tau_i = \begin{cases} {}^{i-1}\vec{n}_{i,j-1}^T {}^{i-1}\vec{z}_{i-1} \\ {}^{i-1}\vec{f}_{i,j-1}^T {}^{i-1}\vec{z}_{i-1} \end{cases}, \quad (3.89)$$

dependiendo del tipo de articulación, rotacional o prismática respectivamente. Si existen fuerzas viscosas en las articulaciones, los pares o fuerzas motrices se calculan como sigue:

$$\tau_i = \begin{cases} {}^{i-1}\vec{n}_{i,j-1}^T {}^{i-1}\vec{z}_{i-1} + b_i \dot{\theta}_i \\ {}^{i-1}\vec{f}_{i,j-1}^T {}^{i-1}\vec{z}_{i-1} + b_i \dot{d}_i \end{cases}, \quad (3.90)$$

donde b_i es el coeficiente de amortiguamiento para la articulación i .

En resumen, dadas las velocidades y aceleraciones articulares deseadas, se calculan las velocidades y aceleraciones de los eslabones seguidas de las fuerzas de restricción de forma recursiva. Las velocidades y aceleraciones instantáneas del eslabón i son obtenidas a partir de las del eslabón $i-1$ mediante las ecuaciones (3.70), (3.73), (3.78), y (3.79). El proceso empieza con el primer eslabón móvil y termina con el efector final. Una vez encontradas las velocidades y aceleraciones de los eslabones, se calculan las fuerzas de interacción entre dos

eslabones adyacentes mediante una iteración hacia atrás. Las fuerzas de interacción en la articulación i son determinadas a partir de la articulación $i+1$ mediante las ecuaciones (3.85) y (3.86); el proceso empieza con el efector final, y termina en el primer eslabón móvil.

3.9. Análisis dinámico de un manipulador serial plano 2-GDL

Para realizar el análisis dinámico se empleará el modelo que se muestra en las Figuras 3.11 y 3.12, las cuales son idénticas a las Figuras 3.3 y 3.4, con la diferencia de que ahora se muestran los pares motrices aplicados en los eslabones, así como la ubicación de los centros de masa.

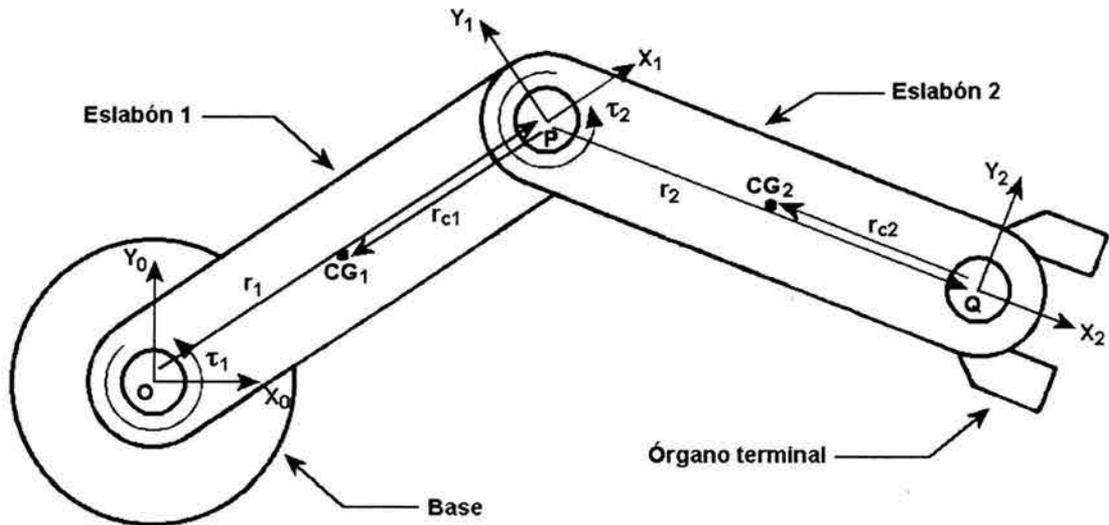


Figura 3.11. Manipulador serial 2-GDL (vista superior)

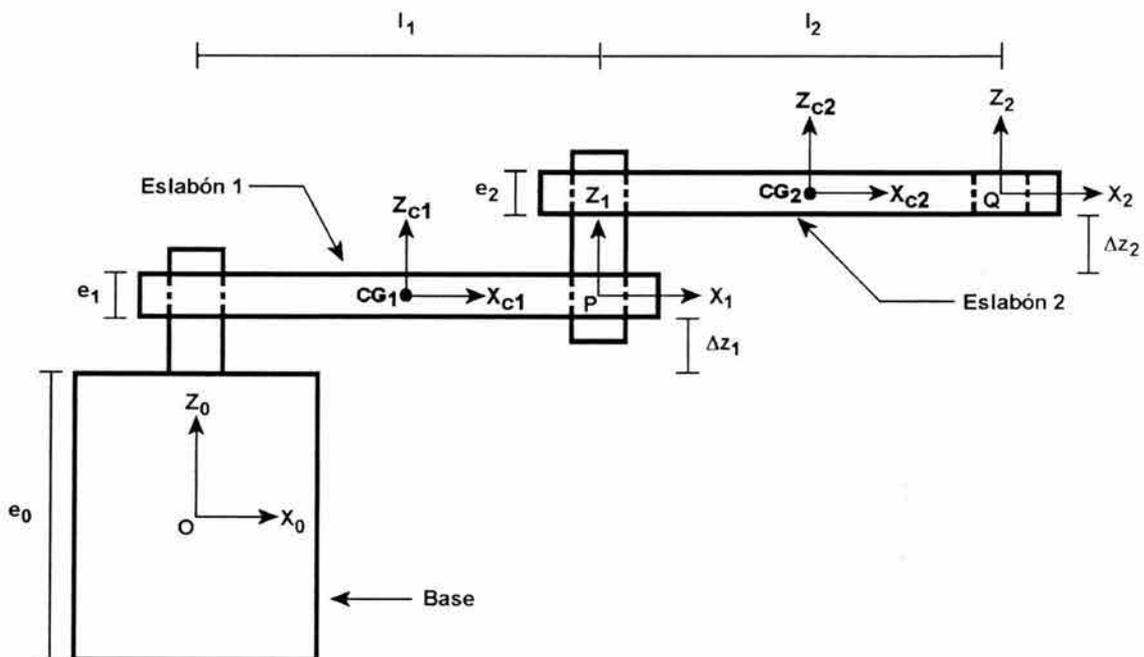


Figura 3.12. Manipulador serial 2-GDL (vista lateral)

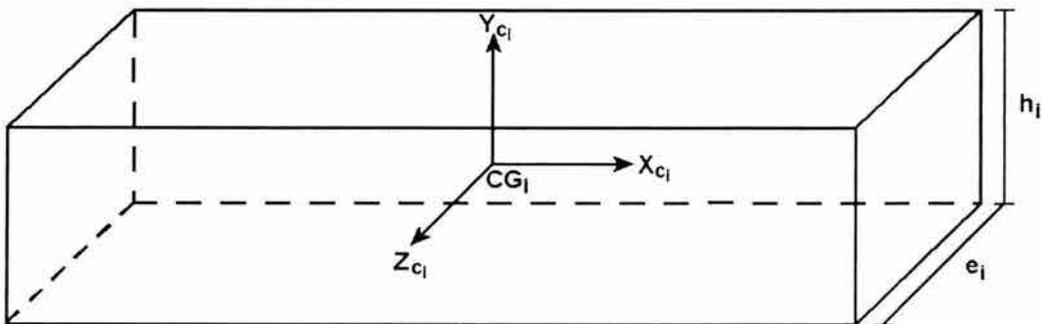
Para efectos prácticos, y con el fin de simplificar el análisis dinámico del manipulador, se considerará en el desarrollo de esta tesis que los eslabones son homogéneos, es decir, que no presentan una densidad variable. Por lo anterior, la ecuación (3.76), es decir, el vector ${}^i\vec{r}_i$ se redefine como

$${}^i\vec{r}_i = \begin{bmatrix} a_i \\ 0 \\ cmpz \end{bmatrix}, \text{ donde } cmpz = \begin{cases} \left(\frac{e_0}{2} + \Delta z_1 + \frac{e_1}{2}\right), i=1 \\ \left(\frac{e_1}{2} + \Delta z_2 + \frac{e_2}{2}\right), i=2 \end{cases},$$

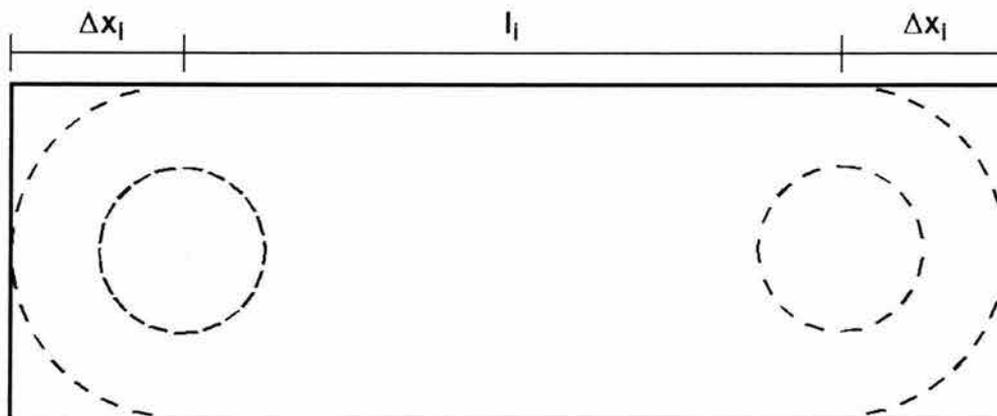
y el vector ${}^i\vec{r}_{ci}$ se define como

$${}^i\vec{r}_{ci} = \begin{bmatrix} -\frac{a_i}{2} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \quad (3.91)$$

donde $i=1,2$.



Ubicación del centro de masa del eslabón



Vista superior del eslabón

Figura 3.12. Geometría del eslabón

En la Figura 3.12 se muestra la geometría simplificada de los eslabones, la cual para efectos prácticos es la de un paralelepípedo rectangular, para el cual su tensor de inercia, ${}^i I_i$, queda representado como

$${}^i I_i = \begin{bmatrix} I_{xx_i} & -I_{xy_i} & -I_{xz_i} \\ -I_{yx_i} & I_{yy_i} & -I_{yz_i} \\ -I_{zx_i} & -I_{zy_i} & I_{zz_i} \end{bmatrix}. \quad (3.92)$$

Sin embargo, en virtud de que el sistema de referencia seleccionado para calcular dicho tensor se encuentra formado por ejes principales de inercia con origen en el centro de masa, los productos de inercia desaparecen quedando únicamente los momentos principales de inercia como se muestra en la siguiente ecuación [11]:

$${}^i I_i = \begin{bmatrix} I_{xx_i} & 0 & 0 \\ 0 & I_{yy_i} & 0 \\ 0 & 0 & I_{zz_i} \end{bmatrix}.$$

En particular, para la geometría del eslabón mostrada en la Figura 3.12, se tiene que

$$I_{xx_i} = \frac{m_i (e_i^2 + h_i^2)}{12},$$

$$I_{yy_i} = \frac{m_i [(a_i + 2\Delta x_i)^2 + e_i^2]}{12}, \text{ y}$$

$$I_{zz_i} = \frac{m_i [(a_i + 2\Delta x_i)^2 + h_i^2]}{12},$$

para $i = 1, 2$.

Asumiendo que la aceleración de la gravedad apunta en la dirección $-\hat{z}_0$, el vector gravitacional queda definido como

$${}^0 \vec{g} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ -g_c \end{bmatrix}.$$

A continuación se aplica el método de Newton-Euler de forma recursiva para calcular las velocidades y aceleraciones de los eslabones, y posteriormente las fuerzas y momentos ejercidos en los mismos.

3.9.1. Iteración hacia delante

Primero se calculan las velocidades y aceleraciones del eslabón 1. Substituyendo ${}^0\vec{\omega}_0 = {}^0\vec{v}_0 = {}^0\dot{\vec{\omega}}_0 = {}^0\dot{\vec{v}}_0 = 0$ en las ecuaciones (3.70), (3.73), (3.78), y (3.79), se obtiene

$${}^1\vec{\omega}_1 = {}^1R_0 \left({}^0\vec{\omega}_0 + {}^0\hat{z}_0\dot{\theta}_1 \right) = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ \dot{\theta}_1 \end{bmatrix},$$

$${}^1\dot{\vec{\omega}}_1 = {}^1R_0 \left({}^0\dot{\vec{\omega}}_0 + {}^0\hat{z}_0\ddot{\theta}_1 + {}^0\vec{\omega}_0 \times {}^0\hat{z}_0\dot{\theta}_1 \right) = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ \ddot{\theta}_1 \end{bmatrix},$$

$${}^1\dot{\vec{v}}_1 = {}^1R_0 {}^0\dot{\vec{v}}_0 + {}^1\dot{\vec{\omega}}_1 \times {}^1\vec{r}_1 + {}^1\vec{\omega}_1 \times \left({}^1\vec{\omega}_1 \times {}^1\vec{r}_1 \right) = l_1 \begin{bmatrix} -\dot{\theta}_1^2 \\ \ddot{\theta}_1 \\ 0 \end{bmatrix}, \text{ y}$$

$${}^1\dot{\vec{v}}_{c1} = {}^1\dot{\vec{v}}_1 + {}^1\dot{\vec{\omega}}_1 \times {}^1\vec{r}_{c1} + {}^1\vec{\omega}_1 \times \left({}^1\vec{\omega}_1 \times {}^1\vec{r}_{c1} \right) = \frac{l_1}{2} \begin{bmatrix} -\dot{\theta}_1^2 \\ \ddot{\theta}_1 \\ 0 \end{bmatrix}.$$

La aceleración de la gravedad expresada en el marco de referencia del eslabón 1 queda representada como

$${}^1\vec{g} = {}^1R_0 {}^0\vec{g} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ -g_c \end{bmatrix}.$$

Como era de esperarse, el vector gravitacional no sufre cambio alguno al pasar del marco de referencia base al marco de referencia del eslabón 1, debido a la disposición de dichos sistemas.

A continuación, se calculan las velocidades y aceleraciones del eslabón 2. Substituyendo las velocidades y aceleraciones del eslabón 1 en las ecuaciones (3.70), (3.73), (3.78), y (3.79), se obtiene

$${}^2\vec{\omega}_2 = {}^2R_1 \left({}^1\vec{\omega}_1 + {}^1\hat{z}_1\dot{\theta}_2 \right) = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ \dot{\theta}_1 + \dot{\theta}_2 \end{bmatrix},$$

$${}^2\dot{\vec{\omega}}_2 = {}^2R_1 \left({}^1\dot{\vec{\omega}}_1 + {}^1\hat{z}_1\ddot{\theta}_2 + {}^1\vec{\omega}_1 \times {}^1\hat{z}_1\dot{\theta}_2 \right) = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ \ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2 \end{bmatrix},$$

$${}^2\dot{\vec{v}}_2 = {}^2R_1 {}^1\dot{\vec{v}}_1 + {}^2\dot{\vec{\omega}}_2 \times {}^2\vec{r}_2 + {}^2\vec{\omega}_2 \times ({}^2\vec{\omega}_2 \times {}^2\vec{r}_2) = \begin{bmatrix} l_1(\ddot{\theta}_1 \sin \theta_2 - \dot{\theta}_1^2 \cos \theta_2) - l_2(\dot{\theta}_1 + \dot{\theta}_2)^2 \\ l_1(\ddot{\theta}_1 \cos \theta_2 + \dot{\theta}_1^2 \sin \theta_2) + l_2(\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \\ 0 \end{bmatrix}, \text{ y}$$

$${}^2\dot{\vec{v}}_{c2} = {}^2\dot{\vec{v}}_2 + {}^2\dot{\vec{\omega}}_2 \times {}^2\vec{r}_{c2} + {}^2\vec{\omega}_2 \times ({}^2\vec{\omega}_2 \times {}^2\vec{r}_{c2}) = \begin{bmatrix} l_1(\ddot{\theta}_1 \sin \theta_2 - \dot{\theta}_1^2 \cos \theta_2) - \frac{1}{2}l_2(\dot{\theta}_1 + \dot{\theta}_2)^2 \\ l_1(\ddot{\theta}_1 \cos \theta_2 + \dot{\theta}_1^2 \sin \theta_2) + \frac{1}{2}l_2(\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \\ 0 \end{bmatrix}.$$

Nuevamente, y como era de esperarse, la aceleración de la gravedad expresada en el sistema de referencia del eslabón 2 no sufre cambios, y queda representada mediante el siguiente vector:

$${}^2\vec{g} = {}^2R_1 {}^1\vec{g} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ -g_c \end{bmatrix}.$$

3.9.2. Iteración hacia atrás

El primer paso consiste en calcular las fuerzas ejercidas en el eslabón 2, para posteriormente determinar aquellas que se ejercen en el eslabón 1. En el desarrollo de esta tesis se considerará, con el fin de simplificar el análisis, que no existen fuerzas externas aplicadas en ninguna parte del manipulador, es decir, el manipulador no se encuentra sosteniendo ningún objeto, ni existen fuerzas y/o momentos que restrinjan o impulsen el movimiento del manipulador en alguna dirección particular. Lo anterior trae como consecuencia que ${}^2\vec{f}_{3,2} = {}^2\vec{n}_{3,2} = 0$, es decir, no hay fuerzas ni momentos externos presentes en el órgano terminal. Substituyendo esta ecuación, junto con las velocidades y aceleraciones del eslabón 2 obtenidas durante la iteración hacia fuera, en las ecuaciones (3.81), (3.82), (3.85), y (3.86) para $i = 2$, se obtienen las siguientes expresiones de fuerza y momento:

$${}^2\vec{f}_2^* = -m_2 {}^2\dot{\vec{v}}_{c2} = -m_2 \begin{bmatrix} l_1(\ddot{\theta}_1 \sin \theta_2 - \dot{\theta}_1^2 \cos \theta_2) - \frac{1}{2}l_2(\dot{\theta}_1 + \dot{\theta}_2)^2 \\ l_1(\ddot{\theta}_1 \cos \theta_2 + \dot{\theta}_1^2 \sin \theta_2) + \frac{1}{2}l_2(\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \\ 0 \end{bmatrix},$$

$${}^2\vec{n}_2^* = -{}^2I_2 {}^2\dot{\vec{\omega}}_2 - {}^2\vec{\omega}_2 \times ({}^2I_2 {}^2\vec{\omega}_2) = -\frac{m_2[(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2]}{12} \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ \ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2 \end{bmatrix},$$

$${}^2\vec{f}_{2,1} = {}^2\vec{f}_{3,2} - m_2 {}^2\vec{g} - {}^2\vec{f}_2^* = m_2 \begin{bmatrix} l_1(\ddot{\theta}_1 \sin \theta_2 - \dot{\theta}_1^2 \cos \theta_2) - \frac{1}{2}l_2(\dot{\theta}_1 + \dot{\theta}_2)^2 \\ l_1(\ddot{\theta}_1 \cos \theta_2 + \dot{\theta}_1^2 \sin \theta_2) + \frac{1}{2}l_2(\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \\ g_c \end{bmatrix}, \text{ y}$$

$$\begin{aligned} {}^2\vec{n}_{2,1} &= {}^2\vec{n}_{3,2} + ({}^2\vec{r}_2 + {}^2\vec{r}_{c2}) \times {}^2\vec{f}_{2,1} - {}^2\vec{r}_{c2} \times {}^2\vec{f}_{3,2} - {}^2\vec{n}_2^* \\ &= \begin{bmatrix} -m_2 \left[l_1(\ddot{\theta}_1 \cos \theta_2 + \dot{\theta}_1^2 \sin \theta_2) + \frac{1}{2}l_2(\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \right] \left(\frac{e_1}{2} + \Delta z_2 + \frac{e_2}{2} \right) \\ m_2 \left[\left[l_1(\ddot{\theta}_1 \sin \theta_2 - \dot{\theta}_1^2 \cos \theta_2) - \frac{1}{2}l_2(\dot{\theta}_1 + \dot{\theta}_2)^2 \right] \left(\frac{e_1}{2} + \Delta z_2 + \frac{e_2}{2} \right) - \frac{1}{2}l_2 g_c \right] \\ \frac{1}{2}m_2 l_1 l_2 (\ddot{\theta}_1 \cos \theta_2 + \dot{\theta}_1^2 \sin \theta_2) + m_2 (\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \left[\frac{1}{4}l_2^2 + \frac{(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2}{12} \right] \end{bmatrix}. \end{aligned}$$

Las ecuaciones anteriores representan las fuerzas y momentos que se ejercen en el eslabón 2. Al sustituir estas expresiones, junto con las expresiones de las velocidades y aceleraciones obtenidas para el eslabón 1, en las ecuaciones (3.81), (3.82), (3.85), y (3.86) para $i=1$, y empleando las ecuaciones (3.87) y (3.88), se obtiene

$${}^1\vec{f}_1^* = -m_1 {}^1\dot{\vec{v}}_{c1} = -\frac{1}{2}m_1 l_1 \begin{bmatrix} -\dot{\theta}_1^2 \\ \ddot{\theta}_1 \\ 0 \end{bmatrix},$$

$${}^1\vec{n}_1^* = -{}^1I_1 {}^1\dot{\vec{\omega}}_1 - {}^1\vec{\omega}_1 \times ({}^1I_1 {}^1\vec{\omega}_1) = -\frac{m_1[(l_1 + 2\Delta x_1)^2 + h_1^2]}{12} \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ \ddot{\theta}_1 \end{bmatrix},$$

$${}^1\vec{f}_{1,0} = {}^1\vec{f}_{2,1} - m_1 {}^1\vec{g} - {}^1\vec{f}_1^* = \begin{bmatrix} m_2 \left[-l_1 \dot{\theta}_1^2 - \frac{1}{2} l_2 \cos \theta_2 (\dot{\theta}_1 + \dot{\theta}_2)^2 - \frac{1}{2} l_2 \sin \theta_2 (\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \right] + m_1 \left(-\frac{1}{2} l_1 \dot{\theta}_1^2 \right) \\ m_2 \left[l_1 \ddot{\theta}_1 - \frac{1}{2} l_2 \sin \theta_2 (\dot{\theta}_1 + \dot{\theta}_2)^2 + \frac{1}{2} l_2 \cos \theta_2 (\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \right] + m_1 \left(\frac{1}{2} l_1 \ddot{\theta}_1 \right) \\ (m_1 + m_2) g_c \end{bmatrix}, y$$

$${}^1\vec{n}_{1,0} = {}^1\vec{n}_{2,1} + ({}^1\vec{r}_1 + {}^1\vec{r}_{c1}) \times {}^1\vec{f}_{1,0} - {}^1\vec{r}_{c1} \times {}^1\vec{f}_{2,1} - {}^1\vec{n}_1^*$$

$$= \begin{bmatrix} A \\ B \\ \left[m_2 l_1 l_2 \cos \theta_2 + m_2 l_1^2 + \left(\frac{1}{4} m_1 l_1^2 + \frac{m_1 \left[(l_1 + 2\Delta x_1)^2 + h_1^2 \right]}{12} \right) + \left(\frac{1}{4} m_2 l_2^2 + \frac{m_2 \left[(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2 \right]}{12} \right) \right] \ddot{\theta}_1 + \dots \\ \dots + \left[m_2 \left[\frac{1}{4} l_2^2 + \frac{(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2}{12} \right] + \frac{1}{2} m_2 l_1 l_2 \cos \theta_2 \right] \ddot{\theta}_2 - m_2 l_1 l_2 \sin \theta_2 (\dot{\theta}_1 \dot{\theta}_2 + \frac{1}{2} \dot{\theta}_2^2) \end{bmatrix}$$

Como puede observarse, en el vector del par ${}^1\vec{n}_{1,0}$ se sustituyeron las expresiones de las componentes² en x y en y por las letras A y B respectivamente, en virtud de que debido a la complejidad de los cálculos, estas expresiones resultaron ser demasiado extensas.

3.9.3. Cálculo de los pares motrices

Finalmente, se aplica la ecuación (3.89) para calcular los torques articulares. Esto resulta en dos ecuaciones dinámicas:

$$\tau_2 = {}^1n_{2,1}^T {}^1\hat{z}_1 = \frac{1}{2} m_2 l_1 l_2 (\ddot{\theta}_1 \cos \theta_2 + \dot{\theta}_1^2 \sin \theta_2) + m_2 (\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2) \left[\frac{1}{4} l_2^2 + \frac{(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2}{12} \right], y$$

² Es importante señalar que para el cumplimiento del objetivo de este trabajo no es necesario conocer el vector ${}^1\vec{n}_{1,0}$ en su totalidad; únicamente se muestra la componente en z , siendo ésta la única necesaria para el cálculo del par motriz del primer eslabón. De acuerdo a la configuración de los sistemas de referencia del manipulador, esta componente representa precisamente el valor de dicho par. Lo anterior también es válido para el vector ${}^2\vec{n}_{2,1}$.

$$\tau_1 = {}^0n_{1,0}^T {}^0\hat{z}_0 = \begin{bmatrix} m_2 l_1 l_2 \cos \theta_2 + m_2 l_1^2 + \left(\frac{1}{4} m_1 l_1^2 + \frac{m_1 [(l_1 + 2\Delta x_1)^2 + h_1^2]}{12} \right) + \dots \\ \dots + \left(\frac{1}{4} m_2 l_2^2 + \frac{m_2 [(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2]}{12} \right) \\ \dots + \left[m_2 \left[\frac{1}{4} l_2^2 + \frac{(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2}{12} \right] + \frac{1}{2} m_2 l_1 l_2 \cos \theta_2 \right] \ddot{\theta}_2 - m_2 l_1 l_2 \sin \theta_2 \left(\dot{\theta}_1 \dot{\theta}_2 + \frac{1}{2} \dot{\theta}_2^2 \right) \end{bmatrix} \ddot{\theta}_1 + \dots$$

Como era de esperarse, la ecuación dinámica para la segunda articulación es más sencilla que la ecuación para la primera. Pueden observarse claramente los diversos efectos dinámicos; en particular, los términos en $\dot{\theta}_i^2$ corresponden a las fuerzas centrífugas de las articulaciones, y los términos en $\dot{\theta}_i \dot{\theta}_j$ a las fuerzas de Coriolis.

4 Trayectoria del manipulador

4.1. Trayectorias

El requerimiento mínimo para un manipulador es tener la capacidad para moverse desde una posición inicial hasta una posición final. La transición debe estar caracterizada por leyes de movimiento que contemplen, por un lado, las fuerzas generalizadas ejercidas por los actuadores sobre las articulaciones, de tal manera que no se traspasen los límites de saturación magnética de los mismos, y que no se exciten los modos resonantes típicos de la estructura. Por otro lado, se debe contemplar el transporte adecuado del objeto de trabajo, de manera tal que la fuerza debida a la aceleración (inercia) no sea capaz de arrancarlo del órgano terminal que lo sostiene. Este último hecho es de suma importancia si se tratara de un objeto de trabajo muy delicado como una sustancia radioactiva, etc. Además, hay que tener presente que la productividad en la manipulación es un factor muy importante. Para alcanzar esa productividad es importante el empleo de un mecanismo de baja inercia, y por lo tanto es importante entender su comportamiento vibratorio unido a las trayectorias generadas. Es entonces necesario desarrollar algoritmos generadores de trayectoria que permitan movimientos suaves tanto en el espacio cartesiano como de articulaciones.

Es importante definir el término *trayectoria*. La trayectoria se divide en dos aspectos importantes: *perfil de trayectoria*, que se entiende como la evolución en el tiempo de la posición, velocidad, y aceleración con que viajará el órgano terminal o el objeto de trabajo, y *lugar geométrico de la trayectoria*, que representa los puntos cartesianos por donde pasará el órgano terminal o el objeto manipulado. A su vez, una trayectoria en el espacio cartesiano corresponde a una o más trayectorias en el espacio de articulaciones (unicidad de solución) relacionadas por una ley matemática [5].

Como se mencionó al inicio de este capítulo, las trayectorias generadas deben tener buenas propiedades con vistas a su ejecución por el robot manipulador. Por consiguiente, es necesario tener en cuenta, directa o indirectamente, las restricciones cinemáticas y dinámicas involucradas. La especificación del movimiento puede involucrar o no restricciones temporales. En los robots manipuladores esta especificación temporal es muy usual, dando lugar a condiciones sobre la velocidad y aceleración con las que deben ejecutarse los movimientos. En general, las trayectorias deben ser "suaves", lo que implica restricciones sobre las derivadas. Normalmente se emplean funciones de clase

C^1 , es decir, las funciones son continuamente diferenciables, pudiendo exigirse también la continuidad en derivadas de orden superior. Cabe mencionar que todo lo anterior también es válido para la generación de perfiles de trayectoria [5].

4.1.1. Lugar geométrico de la trayectoria

Durante la realización de una tarea, el manipulador puede desplazarse siguiendo diversas trayectorias, como pueden ser una recta, un arco, o una circunferencia. En general, interesará emplear una definición paramétrica de la curva que permita contemplar fácilmente la generación de movimientos tanto en el espacio de trabajo como en el espacio de las variables articulares. Las *curvas paramétricas* se caracterizan por la representación funcional de cada una de sus dimensiones. Así, las coordenadas de un punto de una curva en el plano se expresan de forma general mediante el siguiente vector [7]:

$$\sigma(t) = [x(t), y(t)].$$

En esta tesis se considerará que el manipulador únicamente puede desplazarse dentro de su espacio de trabajo siguiendo una línea recta, por lo que las trayectorias que seguirá el órgano terminal del manipulador quedarán definidas mediante la ecuación vectorial de la recta en forma paramétrica, la cual puede expresarse como

$$\sigma(t) = (x_1, y_1) + t \cdot \vec{u}, \quad \forall t \in \mathbb{R}.$$

A menudo se considera al parámetro t como el tiempo y a $\sigma(t)$ como la posición de una partícula en movimiento en el tiempo t , que va trazando una curva en \mathbb{R}^2 conforme t va variando. Para el caso de la ecuación paramétrica de la recta mostrada anteriormente, puede observarse que el parámetro t varía en forma lineal, sin embargo no necesariamente tiene que ser así. Es importante resaltar que normalmente se emplea una función que involucra a su vez a la variable t como parámetro, en lugar de emplear dicha variable por sí sola, y es precisamente esta función-parámetro la que relaciona el lugar geométrico con el perfil de trayectoria. Por lo anterior, puede redefinirse la ecuación paramétrica de la recta de la siguiente forma:

$$\sigma(t) = (x_1, y_1) + \pi(t) \cdot \vec{u}, \quad \forall t \in \mathbb{R}.$$

La expresión anterior define a una recta que pasa por el punto $P_1(x_1, y_1)$, medido respecto a un sistema inercial, en la dirección del vector \vec{u} , como se muestra en la Figura 4.1. Es importante señalar que el movimiento se efectúa con ciertas restricciones en las velocidades y aceleraciones, las cuales se encuentran definidas por el parámetro $\pi(t)$, en un tiempo total de recorrido t_f .

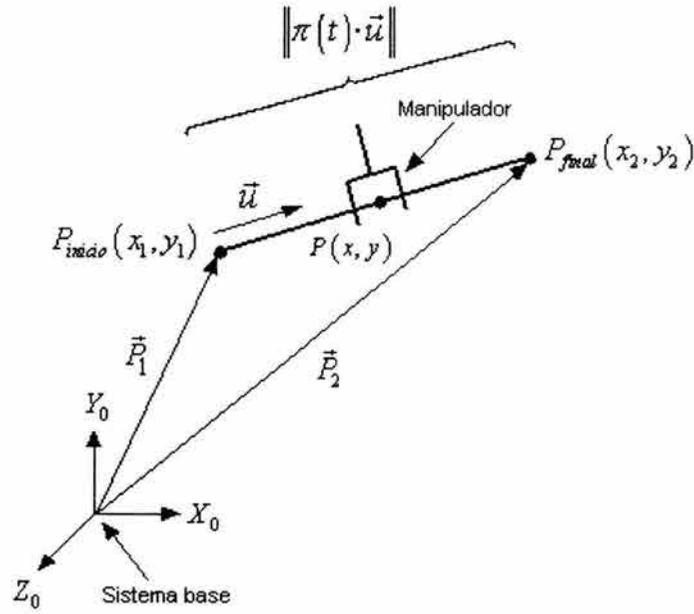


Figura 4.1. Lugar geométrico de la trayectoria

De la Figura 4.1, y empleando la notación matricial, la ecuación de la recta queda representada de la siguiente forma:

$$\begin{bmatrix} x(t) \\ y(t) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 \\ y_1 \end{bmatrix} + \pi(t) \begin{bmatrix} u_x \\ u_y \end{bmatrix}, \quad \forall t \in \mathbb{R}, \quad (4.1)$$

donde

$$u_x = \frac{(x_2 - x_1)}{\|P_{final} - P_{inicio}\|},$$

$$u_y = \frac{(y_2 - y_1)}{\|P_{final} - P_{inicio}\|}, \text{ y}$$

$$\|P_{final} - P_{inicio}\| = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2}.$$

Derivando la ecuación (4.1) respecto al tiempo se obtiene el vector de velocidad del órgano terminal, el cual es función, a su vez, de la ecuación de velocidad escalar del perfil de trayectoria, como se muestra a continuación:

$$\begin{bmatrix} \dot{x}(t) \\ \dot{y}(t) \end{bmatrix} = \frac{d}{dt} \begin{bmatrix} x(t) \\ y(t) \end{bmatrix} = \dot{\pi}(t) \begin{bmatrix} u_x \\ u_y \end{bmatrix}. \quad (4.2)$$

De forma análoga, para relacionar el perfil de aceleración de la trayectoria con la aceleración vectorial a la que está sujeto el movimiento, se calcula la derivada de la ecuación (4.2), obteniéndose la siguiente expresión:

$$\begin{bmatrix} \ddot{x}(t) \\ \ddot{y}(t) \end{bmatrix} = \frac{d}{dt} \begin{bmatrix} \dot{x}(t) \\ \dot{y}(t) \end{bmatrix} = \ddot{\pi}(t) \begin{bmatrix} u_x \\ u_y \end{bmatrix}. \quad (4.3)$$

Las ecuaciones obtenidas anteriormente serán utilizadas para definir cualquier trayectoria recta sobre la superficie de trabajo del manipulador serial plano 2-GDL considerado en esta tesis, así como las condiciones de velocidad y aceleración del efector final a lo largo de dicha trayectoria.

4.1.2. Perfil de trayectoria

El órgano terminal ejerce una fuerza que sujeta al objeto, pero esta fuerza es finita con una magnitud determinada. El objeto que está siendo manipulado debe partir de una posición inicial y , evidentemente, llegar a la posición final. En ambas posiciones el estado del objeto se considerará estático, es decir, no habrá velocidades ni aceleraciones presentes. Para alcanzar el último punto a partir del primero, se empleará un tiempo total de recorrido t_f . Ahora bien, si la aceleración a lo largo del recorrido, incrementada por la masa del objeto, es mayor a esa fuerza de sujeción, entonces el objeto experimentará un movimiento relativo al órgano terminal que posiblemente lo dañe, o modifique la posición adecuada. Por lo tanto, es de suma importancia manejar un perfil de movimiento con pendientes "suavizadas", de forma tal que la transición del primer estado estático al último se presente en condiciones no severas de los transitorios¹ que generan su movimiento [5].

Al igual que para el lugar geométrico de la trayectoria, la generación del perfil de trayectoria hace necesario considerar, al menos, la continuidad de la primera derivada; para garantizar dicha condición se emplean normalmente las siguientes restricciones [10]:

$$\pi(t_0) = \pi_0, \quad (4.4)$$

$$\pi(t_f) = \pi_f, \quad (4.5)$$

$$\dot{\pi}(t_0) = \dot{\pi}_0, \text{ y} \quad (4.6)$$

$$\dot{\pi}(t_f) = \dot{\pi}_f. \quad (4.7)$$

¹ Un *transitorio* puede considerarse como una condición que permite ir de un estado a otro a lo largo del recorrido de una trayectoria.

Para que se cumplan estas restricciones, se emplea generalmente un polinomio de grado tres (cúbico). En consecuencia se tiene que

$$\pi(t) = a_0 + a_1 t + a_2 t^2 + a_3 t^3, \quad (4.8)$$

$$\dot{\pi}(t) = a_1 + 2a_2 t + 3a_3 t^2, \text{ y} \quad (4.9)$$

$$\ddot{\pi}(t) = 2a_2 + 6a_3 t. \quad (4.10)$$

En ocasiones se desean tener en cuenta restricciones en derivadas de orden superior a uno, y cuando esto ocurre, tiene que incrementarse el orden del polinomio; al hacerlo se eleva el número de incógnitas (coeficientes del polinomio), por lo que se vuelve necesario emplear más ecuaciones (restricciones) para poder formar un sistema lineal. En particular se emplean polinomios quinticos (grado cinco) para especificar también la segunda derivada. También pueden emplearse las ecuaciones (4.8), (4.9), y (4.10) de forma recurrente para definir un perfil de trayectoria (o lugar geométrico) por tramos considerando puntos de paso, como se muestra en la Figura 4.2. Al definir un perfil de esta forma se tienen que considerar las mismas condiciones cinemáticas y dinámicas entre los transitorios, por lo que se tienen que tomar en cuenta, al menos, restricciones en la primera y segunda derivadas. Lo anterior trae consigo también un incremento en el número de ecuaciones e incógnitas del sistema lineal resultante. Es importante señalar también que, cuando se genera un perfil de trayectoria por tramos, en particular cuando se trata del perfil de posición, suelen emplearse polinomios de grado menor a tres (dos o inclusive uno), como es el caso del perfil de trayectoria *trapezoidal* que emplea dos transitorios de grado dos al inicio y al final del recorrido, y un período estacionario de grado uno intermedio, para definir el perfil de posición. Asimismo, es importante resaltar que cada tipo de perfil tiene ventajas y desventajas respecto del otro, y su uso depende de la tarea asignada, de los puntos de inicio y partida de la trayectoria, y del lugar geométrico del recorrido.

En esta tesis se plantea un perfil de trayectoria (posición) definido por tramos (ver Figura 4.2), siendo éstos cuatro en total, empleando para ello polinomios de tercer grado de manera que dicho perfil sea lo suficientemente "deformable" como para obtener muy diversas configuraciones del mismo; esto implica que el recorrido de la trayectoria se habrá de llevar a cabo en diferentes intervalos de tiempo para cada tramo, dependiendo de la forma (configuración) que tenga el perfil de trayectoria, lo cual a su vez trae como consecuencia variaciones en las velocidades y aceleraciones del manipulador, y es precisamente el hecho de poder obtener muy diversos perfiles de trayectoria lo que justifica el empleo de un método de optimización para encontrar el perfil más adecuado a las características cinemáticas y dinámicas del robot. Todos los factores mencionados anteriormente se verán reflejados consecuentemente en los pares motrices que se necesitarán ejercer para mover el manipulador.

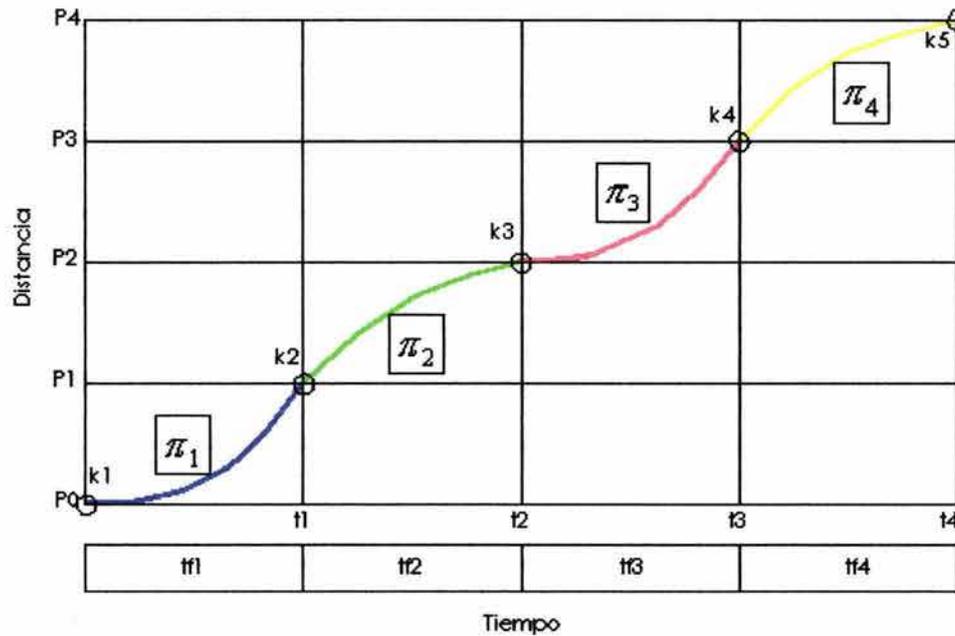


Figura 4.2. Perfil de trayectoria por tramos

La Figura 4.2 muestra la relación de la distancia recorrida por el manipulador versus el tiempo de recorrido, es decir, el perfil de posición. El intervalo de tiempo para el recorrido total se ha dividido en cuatro intervalos más pequeños, t_{fi} , $\forall i=1,2,3,4$ delimitados por los puntos t_i , $\forall i=1,2,3,4$. Se asigna a cada intervalo un polinomio cúbico; estos polinomios se denotan como π_i , $\forall i=1,2,3,4$. Asimismo, se encuentra una serie de puntos en el eje de la distancia recorrida denotados como P_i , $\forall i=0,1,2,3,4$. De la gráfica queda claro que el punto P_0 así como el P_4 corresponden al inicio y al final (distancia total) del recorrido respectivamente. El punto P_2 corresponde a un punto intermedio entre el inicio y el final del recorrido, es decir $P_0 < P_2 < P_4$, sin embargo, en este trabajo se considerará para efectos prácticos que P_2 corresponde exactamente a la mitad de la distancia del recorrido. Los puntos restantes, P_1 y P_3 , son puntos arbitrarios donde $P_0 < P_1 < P_2$, y $P_2 < P_3 < P_4$. También se muestran una serie de puntos k_i , $\forall i=1,2,3,4,5$. Estos puntos se encuentran definidos sobre el perfil de la trayectoria. Puede observarse que k_1 corresponde al origen del recorrido (P_0, t_0), k_3 corresponde a la mitad del recorrido (P_2, t_2), y k_5 corresponde al final del recorrido (P_4, t_4). Debido a que los puntos anteriores poseen una referencia física (la distancia recorrida en dichos puntos es conocida), éstos se denominarán como *puntos reales*. Los puntos k_2 y k_4 se encuentran asociados a los puntos P_1 y P_3 respectivamente, sin embargo, la distancia recorrida para dichos puntos es variable en virtud de que no se ha definido hasta el momento algún tipo de restricción de posición para los mismos (como se hizo para el punto P_2). Debido a

que no se tiene una referencia física para estos puntos, éstos se considerarán como *puntos virtuales*. Por esta razón, la técnica descrita anteriormente recibe el nombre de *polinomio cúbico con dos puntos virtuales*.

De manera formal, las restricciones para el perfil de posición mostrado en la Figura 4.2 quedarán definidas como se muestra a continuación:

- Para el punto real intermedio k_3 :

$$\pi_2(t_2) = P_2 \quad (4.11)$$

$$\pi_2(t_2) = \pi_3(t_2) \quad (4.12)$$

$$\dot{\pi}_2(t_2) = \dot{\pi}_3(t_2) \quad (4.13)$$

$$\ddot{\pi}_2(t_2) = \ddot{\pi}_3(t_2) \quad (4.14)$$

- Para el punto real inicial k_1 :

$$\pi_1(0) = 0 \quad (4.15)$$

$$\dot{\pi}_1(0) = 0 \quad (4.16)$$

$$\ddot{\pi}_1(0) = 0 \quad (4.17)$$

- Para el punto real final k_5 :

$$\pi_4(t_4) = P_4 \quad (4.18)$$

$$\dot{\pi}_4(t_4) = 0 \quad (4.19)$$

$$\ddot{\pi}_4(t_4) = 0 \quad (4.20)$$

- Para el punto virtual inicial k_2 :

$$\pi_1(t_1) = \pi_2(t_1) \quad (4.21)$$

$$\dot{\pi}_1(t_1) = \dot{\pi}_2(t_1) \quad (4.22)$$

$$\ddot{\pi}_1(t_1) = \ddot{\pi}_2(t_1) \quad (4.23)$$

- Para el punto virtual final k_4 :

$$\pi_3(t_3) = \pi_4(t_3) \quad (4.24)$$

$$\dot{\pi}_3(t_3) = \dot{\pi}_4(t_3) \quad (4.25)$$

$$\ddot{\pi}_3(t_3) = \ddot{\pi}_4(t_3) \quad (4.26)$$

En el caso particular de esta tesis es de suma importancia mantener las mismas condiciones cinemáticas y dinámicas entre cada uno de los transitorios, de ahí que sea necesario considerar no sólo la continuidad de la primera derivada, sino también la de la segunda derivada.

Como se mencionó anteriormente, se utilizarán polinomios cúbicos para representar el perfil de trayectoria del manipulador considerado en esta tesis. A partir de la ecuación (4.8), puede redefinirse la expresión que representará a los polinomios cúbicos de la siguiente forma: $\pi_i(t) = a_{ij} + a_{ij}t + a_{ij}t^2 + a_{ij}t^3$, $\forall i = 1, 2, 3, 4$, y $\forall j = 0, 1, 2, 3$. Se empleará esta nueva expresión para definir, a su vez, los perfiles de posición, velocidad, y aceleración para cada tramo de la trayectoria, como se muestra a continuación:

- Perfil de posición

$$\pi_1(t) = a_{10} + a_{11}t + a_{12}t^2 + a_{13}t^3,$$

$$\pi_2(t) = a_{20} + a_{21}t + a_{22}t^2 + a_{23}t^3,$$

$$\pi_3(t) = a_{30} + a_{31}t + a_{32}t^2 + a_{33}t^3, \text{ y}$$

$$\pi_4(t) = a_{40} + a_{41}t + a_{42}t^2 + a_{43}t^3.$$

- Perfil de velocidad

$$\dot{\pi}_1(t) = a_{11} + 2a_{12}t + 3a_{13}t^2,$$

$$\dot{\pi}_2(t) = a_{21} + 2a_{22}t + 3a_{23}t^2,$$

$$\dot{\pi}_3(t) = a_{31} + 2a_{32}t + 3a_{33}t^2, \text{ y}$$

$$\dot{\pi}_4(t) = a_{41} + 2a_{42}t + 3a_{43}t^2.$$

- Perfil de aceleración

$$\ddot{\pi}_1(t) = 2a_{12} + 6a_{13}t,$$

$$\ddot{\pi}_2(t) = 2a_{22} + 6a_{23}t,$$

$$\ddot{\pi}_3(t) = 2a_{32} + 6a_{33}t, \text{ y}$$

$$\ddot{\pi}_4(t) = 2a_{42} + 6a_{43}t.$$

Una vez determinadas las ecuaciones de los perfiles de posición, velocidad, y aceleración para cada tramo, resta definir el dominio de aplicación de cada una de dichas ecuaciones, es decir, tiene que definirse la magnitud del intervalo de tiempo correspondiente a cada tramo, para así determinar en qué punto se pasa de un transitorio a otro. Para llevar a cabo lo anterior, se ha considerado el enfoque de *tiempo relativo*; esto significa que los dominios para la variable t quedarán definidos para cada transitorio respectivamente de la siguiente forma:

$$0 < t < t_{f_1},$$

$$0 < t < t_{f_2},$$

$$0 < t < t_{f_3}, \text{ y}$$

$$0 < t < t_{f_4}.$$

Como puede observarse, se ha considerado que cada intervalo de tiempo comienza a partir de cero, y no se toma en cuenta el tiempo que pudiera haber transcurrido antes de un determinado transitorio, es decir, únicamente es de interés saber la cantidad de tiempo que representa cada intervalo.

A continuación, se sustituyen las ecuaciones del perfil de trayectoria en las ecuaciones (4.11) a (4.26) con el fin de obtener un sistema de ecuaciones lineales. Las expresiones obtenidas se muestran a continuación:

- De la ecuación (4.11):

$$a_{20} + a_{21}t_{f_2} + a_{22}t_{f_2}^2 + a_{23}t_{f_2}^3 = P_2. \quad (4.27)$$

- De la ecuación (4.12):

$$a_{20} + a_{21}t_{f_2} + a_{22}t_{f_2}^2 + a_{23}t_{f_2}^3 - a_{30} = 0. \quad (4.28)$$

- De la ecuación (4.13):

$$a_{21} + 2a_{22}t_{f_2} + 3a_{23}t_{f_2}^2 - a_{31} = 0. \quad (4.29)$$

- De la ecuación (4.14):

$$2a_{22} + 6a_{23}t_{f_2} - 2a_{32} = 0. \quad (4.30)$$

- De la ecuación (4.15):

$$a_{10} = 0. \quad (4.31)$$

- De la ecuación (4.16):

$$a_{11} = 0. \quad (4.32)$$

- De la ecuación (4.17):

$$a_{12} = 0. \quad (4.33)$$

- De la ecuación (4.18):

$$a_{40} + a_{41}t_{f_4} + a_{42}t_{f_4}^2 + a_{43}t_{f_4}^3 = P_4. \quad (4.34)$$

- De la ecuación (4.19):

$$a_{41} + 2a_{42}t_{f_4} + 3a_{43}t_{f_4}^2 = 0. \quad (4.35)$$

- De la ecuación (4.20):

$$2a_{42} + 6a_{43}t_{f_4} = 0. \quad (4.36)$$

- De la ecuación (4.21):

$$a_{10} + a_{11}t_{f_1} + a_{12}t_{f_1}^2 + a_{13}t_{f_1}^3 - a_{20} = 0. \quad (4.37)$$

- De la ecuación (4.22):

$$a_{11} + 2a_{12}t_{f_1} + 3a_{13}t_{f_1}^2 - a_{21} = 0. \quad (4.38)$$

- De la ecuación (4.23):

$$2a_{12} + 6a_{13}t_{f_1} - 2a_{22} = 0. \quad (4.39)$$

- De la ecuación (4.24):

$$a_{30} + a_{31}t_{f_3} + a_{32}t_{f_3}^2 + a_{33}t_{f_3}^3 - a_{40} = 0. \quad (4.40)$$

- De la ecuación (4.25):

$$a_{31} + 2a_{32}t_{f_3} + 3a_{33}t_{f_3}^2 - a_{41} = 0. \quad (4.41)$$

- De la ecuación (4.26):

$$2a_{32} + 6a_{33}t_{f_3} - 2a_{42} = 0. \quad (4.42)$$

A partir de las ecuaciones (4.27) a (4.42) es posible formar un sistema de ecuaciones lineales 16×16 de la forma $A \cdot x = b$, el cual se representa como

$$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & t_{f_2} & t_{f_2}^2 & t_{f_2}^3 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & t_{f_2} & t_{f_2}^2 & t_{f_2}^3 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 2t_{f_2} & 3t_{f_2}^2 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & 6t_{f_2} & 0 & 0 & -2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & t_{f_4} & t_{f_4}^2 & t_{f_4}^3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 2t_{f_4} & 3t_{f_4}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & 6t_{f_4} & 0 & 0 \\ 1 & t_{f_1} & t_{f_1}^2 & t_{f_1}^3 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 2t_{f_1} & 3t_{f_1}^2 & 0 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 2 & 6t_{f_1} & 0 & 0 & -2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & t_{f_3} & t_{f_3}^2 & t_{f_3}^3 & -1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 2t_{f_3} & 3t_{f_3}^2 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & 6t_{f_3} & 0 & 0 & -2 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a_{10} \\ a_{11} \\ a_{12} \\ a_{13} \\ a_{20} \\ a_{21} \\ a_{22} \\ a_{23} \\ a_{30} \\ a_{31} \\ a_{32} \\ a_{33} \\ a_{40} \\ a_{41} \\ a_{42} \\ a_{43} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} P_2 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ P_4 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}.$$

Con el sistema lineal obtenido anteriormente puede representarse cualquier configuración deseada del perfil de trayectoria por tramos, dependiendo esta configuración del valor del intervalo de tiempo seleccionado para cada tramo. La resolución de dicho sistema permitirá determinar los valores de los coeficientes de los polinomios, los cuales darán forma a cada uno de los transitorios que conforman el perfil de la trayectoria.

5 Adaptación del método de los algoritmos genéticos al modelo matemático del manipulador

5.1. Consideraciones generales

En el Capítulo 4 se determinó el sistema de ecuaciones lineales, $A \cdot x = b$, necesario para generar el perfil de trayectoria del manipulador, y para poder resolver dicho sistema se requiere conocer de antemano los valores de los cuatro intervalos de tiempo correspondientes a los transitorios. Estos valores forman parte de la matriz A de coeficientes del sistema lineal, y de ellos dependen, a su vez, los valores resultantes de los coeficientes a_{ij} de los polinomios. Una vez definido el perfil de trayectoria, es posible desarrollar funciones de posición, velocidad, y aceleración del órgano terminal en función del tiempo, a partir de las cuales se desarrollarán, a su vez, las funciones de fuerza y par ejercidos en los eslabones. Todo lo anterior implica que el problema fundamental de esta tesis se remite finalmente a encontrar el conjunto óptimo de valores (selección óptima) de los intervalos de tiempo de los transitorios, los cuales, al ser incorporados al modelo matemático del manipulador, proporcionarán en consecuencia, los valores óptimos de los pares motrices de los actuadores.

Una vez definido el problema, tiene que pensarse en la forma más adecuada de resolverlo. Resulta obvio que no es posible definir de manera arbitraria los intervalos de tiempo ya que no podría garantizarse que los valores elegidos sean en realidad los valores óptimos. Además, se intuye que podrían probarse una gran cantidad de conjuntos antes de encontrar una solución satisfactoria, y es prácticamente imposible encontrar la solución óptima al problema mediante una simple elección de valores al azar; de ahí que resulte atractivo emplear un algoritmo evolutivo.

Ahora bien, como se mencionó en el Capítulo 2, los algoritmos genéticos son esencialmente una técnica computacional de optimización, y por lo tanto, es necesario desarrollar un programa en computadora para poder resolver el problema planteado en esta tesis. Este programa partirá de una base de soluciones arbitrarias, para luego realizar ensayos con ellas (evaluándolas con el modelo matemático del manipulador), y así determinar “qué tan buenas” soluciones son, y propondrá finalmente nuevas soluciones que sean más

satisfactorias que las anteriores; este proceso se repetirá hasta encontrar la mejor solución posible.

5.2. Desarrollo del software

En la Figura 5.1 se muestra el diagrama de flujo del programa¹ desarrollado para esta tesis, el cual contiene los procesos que se llevarán a cabo para encontrar la solución óptima.

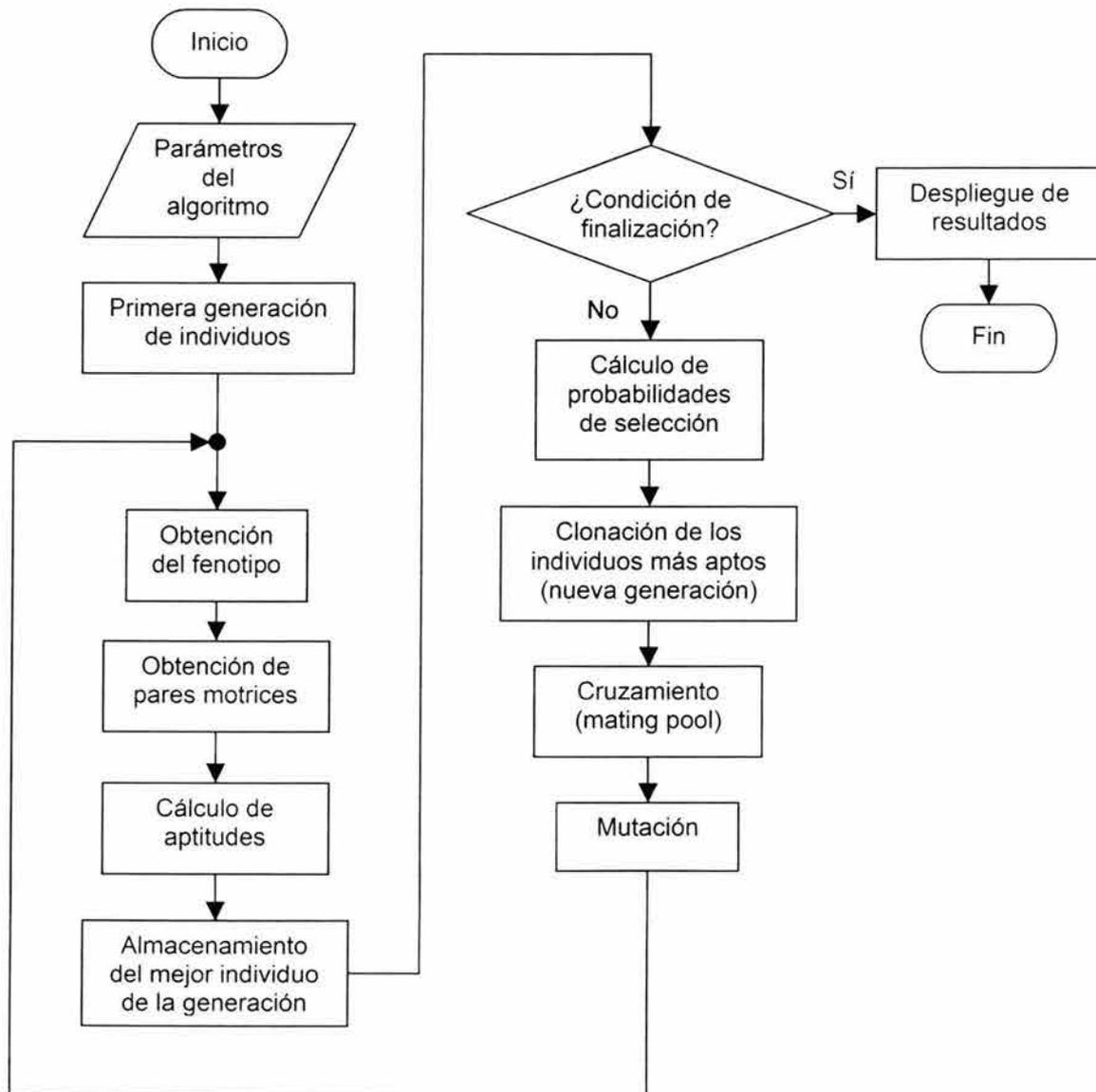


Figura 5.1. Diagrama de flujo del programa principal

¹ El código fuente de este programa fue escrito en lenguaje C, utilizando para ello el compilador *Borland C++ Builder* (versión 6).

Puede observarse que el diagrama es, en términos generales, muy similar al mostrado en la Figura 2.7; la principal diferencia, aparte de ser un diagrama más detallado, radica en el almacenamiento en memoria de las aptitudes de los mejores individuos de cada generación conforme éstas se van generando. Cabe señalar que este almacenamiento es pieza fundamental de la condición de finalización del programa. A continuación se describirán con más detalle cada una de las etapas del programa.

5.2.1. Captura de parámetros del algoritmo genético

Como se aprecia en la Figura 5.1, la primera etapa del programa consiste en capturar un serie de parámetros² relacionados con la trayectoria que recorrerá el órgano terminal, la geometría del manipulador, la capacidad de sus actuadores, así como otros parámetros propios del algoritmo genético, los cuales son necesarios para poder resolver el modelo matemático. Lo anterior no es otra cosa más que la definición del problema, y para ello se emplea una interfaz gráfica, la cual se muestra en la Figura 5.2, que permite al usuario ingresar a la computadora toda la información necesaria para resolver el problema en cuestión.

The screenshot shows a graphical user interface for parameter capture. The window title is "UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO - FACULTAD DE INGENIERIA". The main title is "Tesis: Optimización del perfil de trayectoria de un manipulador serial plano 2-GDL mediante un algoritmo genético simple". The interface contains several input fields for parameters, organized into groups:

- Posición inicial:** X [m] and Y [m].
- Posición final:** X [m] and Y [m].
- Pares motrices:** Motor 1 [N-m] and Motor 2 [N-m].
- Parámetros del algoritmo:** Mutaciones [1:bits] and Cond. Fin.
- Parámetros de los eslabones:**
 - Eslabón 1:** Dist. ejes [m], Ancho [m], Espesor [m], Delta X [m], Densidad [Kg/m³].
 - Eslabón 2:** Dist. ejes [m], Ancho [m], Espesor [m], Delta X [m], Densidad [Kg/m³].
 - Parámetro Delta Z:** Delta Z1 [m] and Delta Z2 [m].
 - Base:** Espesor [m].

On the right side, there are three buttons: "Iniciar", "Salir", and "Ver diagramas".

Figura 5.2. Interfaz para la captura de parámetros del algoritmo genético

Una vez que se han ingresado los datos, mediante el comando *Iniciar* se da comienzo formalmente al proceso iterativo del algoritmo genético.

² Para los distintos parámetros del algoritmo genético, particularmente aquellos relacionados con magnitudes físicas, se consideró el uso de unidades de acuerdo al Sistema Internacional, como se aprecia en la interfaz del programa.

A continuación se presenta una breve descripción de los datos que se tienen que ingresar al programa, entre los cuales están los siguientes:

- Posición inicial

Es la posición de inicio del recorrido del órgano terminal; la ubicación en el plano a partir de la cual se origina la trayectoria del manipulador.

- Posición final

Es la posición de finalización del recorrido del órgano terminal; la ubicación en el plano donde termina la trayectoria del manipulador.

- Pares motrices

Son los valores de par máximo nominal que pueden entregar cada uno de los actuadores en condiciones normales de operación (sin sobrecarga).

- Parámetros del algoritmo

Son parámetros propios del algoritmo genético. La *condición de finalización* es un criterio que limita el número de iteraciones que llevará a cabo el algoritmo genético. Implícitamente, esta condición influye en el tiempo de cálculo que necesitará la computadora para encontrar la solución. Por otra parte, la *tasa de mutación* permite definir cuántas mutaciones tendrán lugar cada cierto número de bits, es decir, el número de bits mutantes que habrá en la población.

- Parámetros de los eslabones

Estos parámetros permiten definir las características físicas de los eslabones, como son el ancho, largo, y espesor de los mismos, entre otras, así como su densidad.

5.2.2. Primera generación de individuos

Para poder aplicar un algoritmo genético a un determinado problema, es necesario, en primera instancia, representar adecuadamente las soluciones propuestas a dicho problema de manera que puedan ser utilizadas por el algoritmo evolutivo, es decir, tienen que *codificarse* las soluciones. Una vez determinada la forma que adoptarán todos los individuos de la población, podrá entonces definirse el procedimiento para obtener la primera generación de individuos. Queda claro que en el caso particular de esta tesis, un individuo de la población representaría, en forma codificada, los intervalos de tiempo correspondientes a los transitorios de un perfil de trayectoria en particular. A continuación se presenta el procedimiento utilizado para llevar a cabo la representación de las soluciones.

5.2.2.1. Codificación de la solución

Según lo presentado en el Capítulo 4, el tiempo total de recorrido t_f no es mas que la suma de los tiempos correspondientes a cada transitorio, es decir,

$$t_f = \sum_{i=1}^4 t_{f_i},$$

sin embargo, no se mencionó nada respecto a cuál es el límite de tiempo máximo a considerar. Queda claro que para poder empezar a hacer cálculos es necesario definir, por principio, el tamaño máximo de los intervalos de tiempo de los transitorios. Las restricciones a contemplar son las siguientes:

$$t_{f_i} \in [0,16] \therefore t_{f_{i\max}} = 16[s] \rightarrow t_{f\max} = 64[s].$$

La expresión anterior indica que cada transitorio puede durar como máximo 16 segundos, lo cual es una cantidad bastante razonable si se considera que el manipulador tardaría como máximo 64 segundos en desplazarse desde la posición inicial hasta la posición final. Podría parecer que un minuto de tiempo de recorrido es demasiado tiempo, más aún cuando se ha considerado en el modelo matemático que el manipulador no se encuentra sujetando algún objeto, sin embargo, el propósito de haber asignado ese valor en particular fue únicamente con el fin de acotar el intervalo de tiempo de cada transitorio para así poder definir la longitud del cromosoma, y se espera que la solución óptima encontrada por el algoritmo genético contemple valores bastante más pequeños.

A continuación se define la longitud mínima del vector binario que habrá de representar los valores en el intervalo $[0,16]$, para lo cual se considerará una precisión de 6 cifras decimales, por lo que el intervalo tendrá que dividirse, a su vez, en al menos 16×10^6 intervalos iguales. De lo anterior se tiene que

$$2^{23} < 16 \times 10^6 < 2^{24},$$

de manera que tiene que considerarse una cadena de al menos 24 bits de longitud; por otro lado, esta cadena representaría tan solo un transitorio, por lo cual es necesario emplear otras tres cadenas adicionales de la misma longitud para poder representar cada uno de los intervalos que conforman el perfil de trayectoria; esto trae como consecuencia que el cromosoma de cada uno de los individuos de la población tendrá una longitud total de 96 bits, y estará dividido en 4 segmentos de 24 localidades (bits) cada uno:

$$cromosoma = \overbrace{b_0 b_1 b_2 \dots b_{23}}^{\text{segmento 1}} \left| \overbrace{b_{24} b_{25} b_{26} \dots b_{47}}^{\text{segmento 2}} \right| \overbrace{b_{48} b_{49} b_{50} \dots b_{71}}^{\text{segmento 3}} \left| \overbrace{b_{72} b_{73} b_{74} \dots b_{95}}^{\text{segmento 4}} \right|.$$

De lo anterior puede concluirse que el espacio muestral para un solo segmento de la cadena está conformado por un total de $2^{24} = 16,777,216$ números distintos, empezando por el número

$$(000000000000000000000000)_{\text{base } 2} = (0.000000)_{\text{base } 10},$$

y terminando con el número

$$(111111111111111111111111)_{\text{base } 2} = (16.000000)_{\text{base } 10},$$

sin embargo, tomando en cuenta que el perfil de trayectoria consta de cuatro intervalos de tiempo, y que se está buscando la selección óptima de dichos intervalos, el algoritmo genético tendrá que buscar la mejor solución en un espacio muestral compuesto por un total de $(2^{24})^4 \cong 7.922816 \times 10^{28}$ configuraciones posibles del perfil de trayectoria (individuos o cromosomas). Si bien es cierto que se trata de una cantidad astronómica de posibles soluciones, en la práctica el algoritmo genético no probará todas ellas, aparte de que sería imposible hacerlo. Una de las cualidades de los algoritmos genéticos es su capacidad de escudriñar el espacio muestral de manera selectiva, enfocándose en aquellas zonas donde se encuentran los individuos más aptos, descartando así automáticamente la posibilidad de buscar en otras zonas donde no tendría sentido hacerlo.

5.2.2.2. Obtención de la primera generación de cromosomas

Como se mencionó anteriormente, los algoritmos genéticos trabajan con poblaciones de individuos; el tamaño de estas poblaciones es asignado de manera arbitraria, y depende del tipo de problema que se trate. Generalmente, durante el proceso evolutivo, las distintas generaciones conservan el mismo número de individuos, es decir, el tamaño de la población se mantiene constante, aunque en determinadas aplicaciones éste puede variar con el tiempo. Actualmente no existe un método para determinar el tamaño óptimo de una población para un determinado problema (aunque se han realizado experimentos en los cuales se emplea un algoritmo genético secundario encargado de optimizar el tamaño de la población que utiliza el algoritmo genético principal), por lo que se utilizan valores que, de manera empírica, han dado buenos resultados en diversas aplicaciones; en el caso particular de esta tesis se considerará una población de 100 individuos en total.

En la Figura 5.3 puede observarse el diagrama de flujo del algoritmo que genera la primera población de cromosomas. En esencia, el algoritmo crea un arreglo o matriz, *Gen*, en la que el número de renglones (100 en total) se encuentra determinado por el tamaño de la población, y el número de columnas (96 en total) corresponde al número de bits que conforman los cromosomas de los individuos de dicha población. Cada elemento de la matriz, $Gen(i, j)$, puede tomar

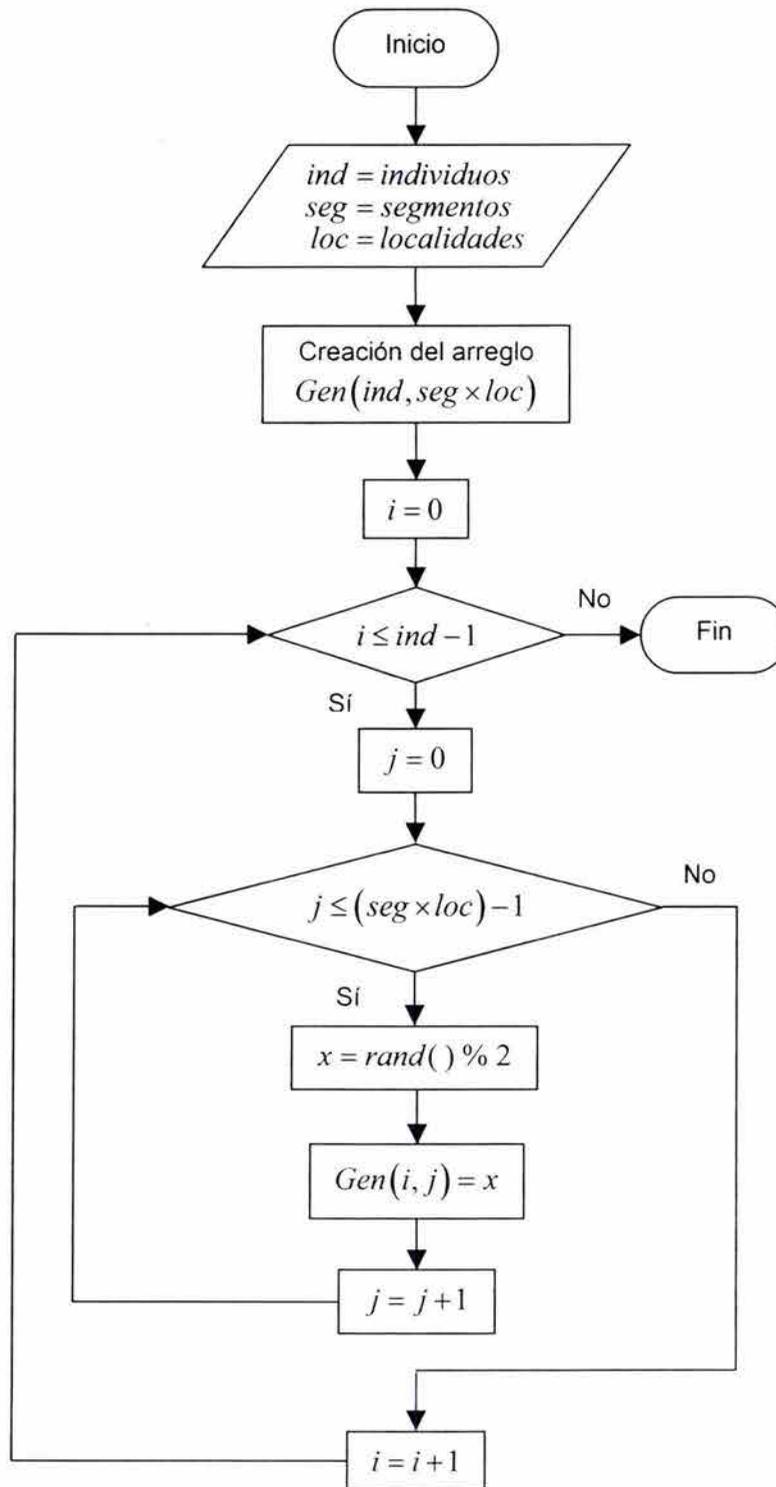


Figura 5.3. Algoritmo para crear la primera generación de individuos

los valores de 0 ó 1, y se asignan de manera aleatoria. Al finalizar el proceso se tiene una matriz de ceros y unos, la cual representa una población de soluciones del espacio muestral, seleccionadas de manera aleatoria. Con base en esta primera generación, el algoritmo genético irá modificando los individuos de la

población mediante la aplicación de los operadores genéticos, lo que implica que la segunda generación estará conformada por cromosomas que serán distintos a los de la primera, y así sucesivamente, de manera que el algoritmo de la Figura 5.3 será utilizado tan sólo en una ocasión.

5.2.3. Obtención del fenotipo

Cada vez que se obtiene una nueva generación de cromosomas en forma binaria, es necesario determinar el fenotipo de cada uno de los individuos de la población, es decir, se necesita decodificar cada uno de los cromosomas, con el fin de poder evaluar las aptitudes de cada uno de los individuos. Para poder decodificar un cromosoma, y transformarlo así en un conjunto de cuatro números reales, se considerará que los primeros 4 bits de cada segmento corresponden a la parte entera del número, y los 20 bits restantes corresponden a la parte decimal, como se muestra en la siguiente expresión:

$$\overbrace{b_0 b_1 b_2 b_3}^{\text{enteros}} \overbrace{b_4 \dots b_{23}}^{\text{decimales}} \mid \overbrace{b_{24} b_{25} b_{26} b_{27}}^{\text{enteros}} \overbrace{b_{28} \dots b_{47}}^{\text{decimales}} \mid \overbrace{b_{48} b_{49} b_{50} b_{51}}^{\text{enteros}} \overbrace{b_{52} \dots b_{71}}^{\text{decimales}} \mid \overbrace{b_{72} b_{73} b_{74} b_{75}}^{\text{enteros}} \overbrace{b_{76} \dots b_{95}}^{\text{decimales}} .$$

Resulta obvio que el valor en base 10 de un segmento corresponderá entonces a la suma de la parte entera más la parte decimal. De manera formal, el procedimiento para llevar a cabo la conversión de los distintos segmentos de base 2 a base 10 puede ser expresado mediante un conjunto de cuatro ecuaciones, las cuales se presentan a continuación:

$$t_{f_1} = (b_0 b_1 b_2 \dots b_{23})_2 = \left(\sum_{i=0}^3 b_i \cdot 2^{3-i} \right)_{10} + \left(\sum_{i=4}^{23} b_i \cdot 2^{23-(20+i)} \right)_{10} , \quad (5.1)$$

$$t_{f_2} = (b_{24} b_{25} b_{26} \dots b_{47})_2 = \left(\sum_{i=24}^{27} b_i \cdot 2^{27-i} \right)_{10} + \left(\sum_{i=28}^{47} b_i \cdot 2^{47-(20+i)} \right)_{10} , \quad (5.2)$$

$$t_{f_3} = (b_{48} b_{49} b_{50} \dots b_{71})_2 = \left(\sum_{i=48}^{51} b_i \cdot 2^{51-i} \right)_{10} + \left(\sum_{i=52}^{71} b_i \cdot 2^{71-(20+i)} \right)_{10} , \quad (5.3)$$

$$t_{f_4} = (b_{72} b_{73} b_{74} \dots b_{95})_2 = \left(\sum_{i=72}^{75} b_i \cdot 2^{75-i} \right)_{10} + \left(\sum_{i=76}^{95} b_i \cdot 2^{95-(20+i)} \right)_{10} . \quad (5.4)$$

En las Figuras 5.4.a y 5.4.b se muestra el diagrama de flujo del algoritmo empleado para obtener los fenotipos en cada generación de cromosomas. Este algoritmo sintetiza las ecuaciones (5.1) a (5.4), empleando para ello enunciados *for* e *if/else*, los cuales son normalmente utilizados en programación estructurada. El algoritmo genera una matriz o arreglo, *Fen*, en el que el número de renglones (100 en total) se encuentra determinado por el tamaño de la población, y el

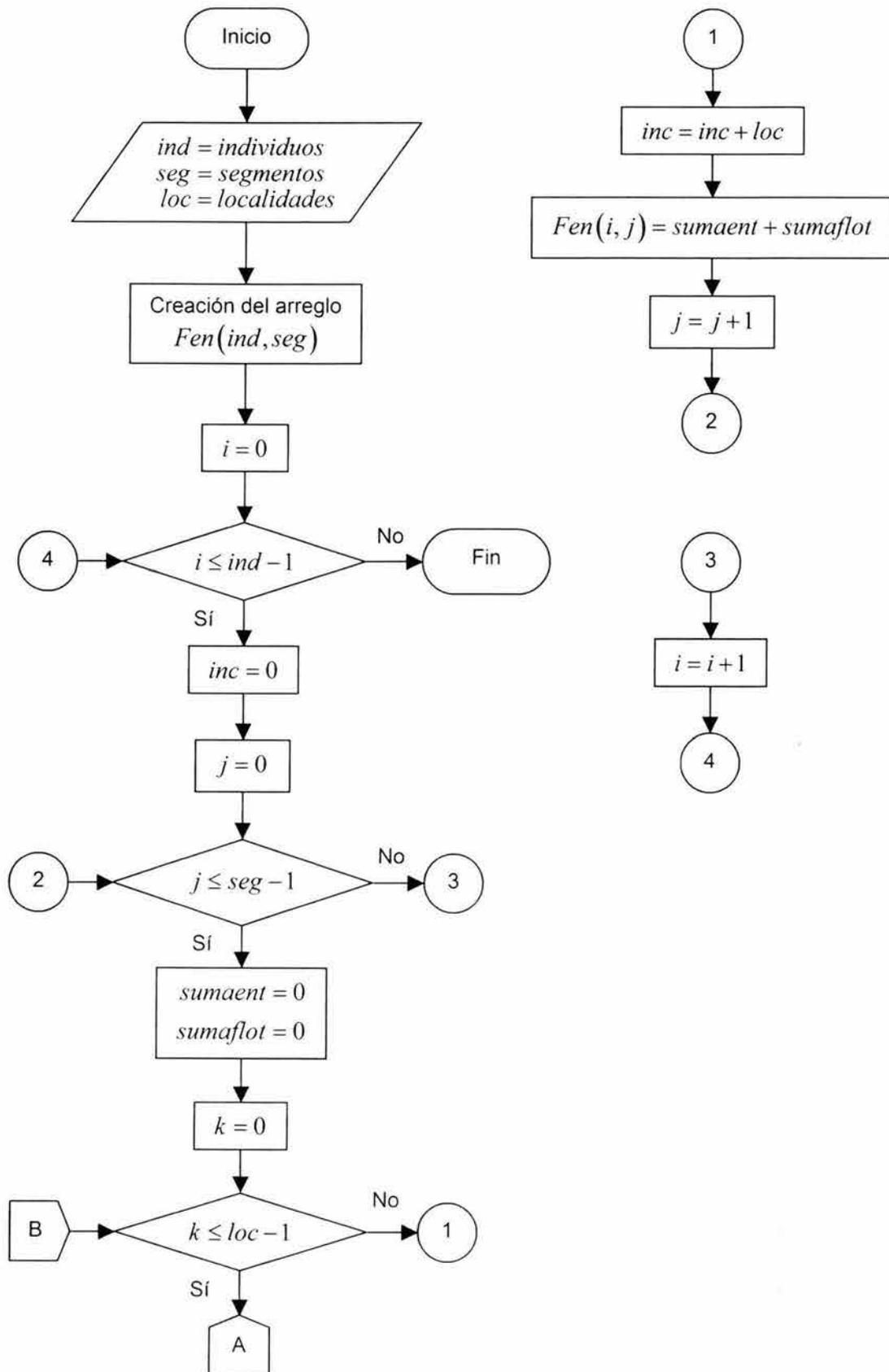


Figura 5.4.a. Algoritmo para obtener el fenotipo de la población (1ª Parte)

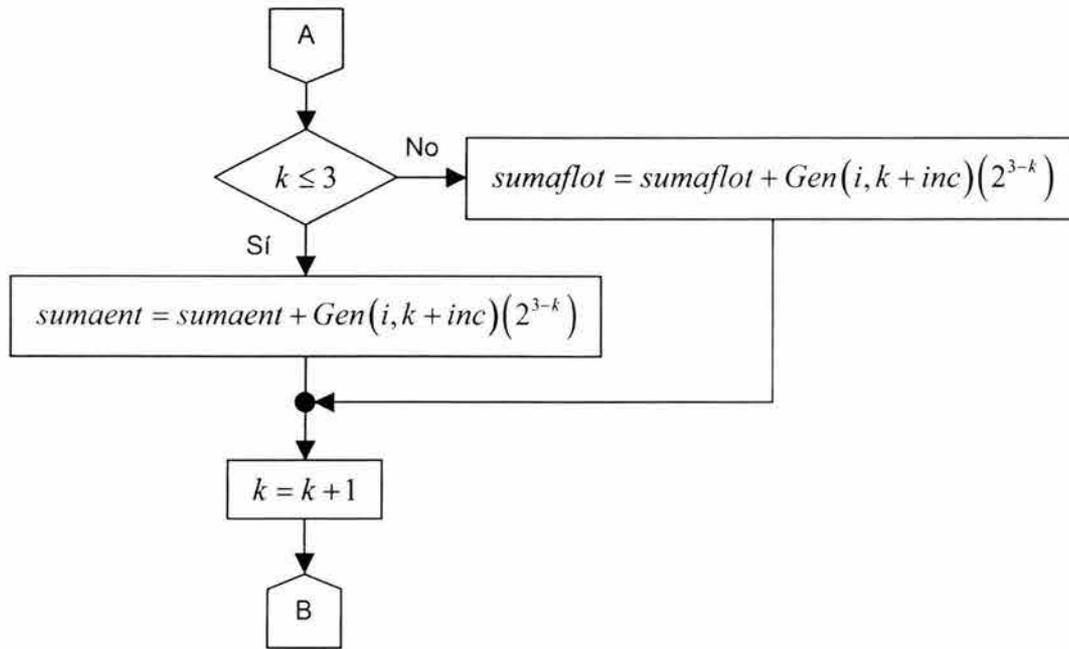


Figura 5.4.b. Algoritmo para obtener el fenotipo de la población (2ª Parte)

número de columnas (4 en total) se encuentra determinado por el número de segmentos que tiene el cromosoma. A partir de la *matriz de genotipos*, Gen , se determina cada uno de los elementos, $Fen(i, j)$, de la *matriz de fenotipos*. Los elementos de la primera columna almacenan los valores correspondientes a el primer transitorio de cada individuo, los elementos de la segunda columna almacenan los valores correspondientes al segundo transitorio de cada individuo, y así sucesivamente.

5.2.4. Obtención de pares motrices

El cálculo de los pares motrices, a partir de los cromosomas de los individuos de la población, constituye en realidad la verdadera adaptación del modelo matemático del manipulador al algoritmo genético. En la Figura 5.5 se muestra el diagrama de flujo del algoritmo empleado para calcular los pares motrices de los actuadores, a partir de la matriz de fenotipos, Fen . Empleando dicha matriz, se toman los valores correspondientes a los intervalos de tiempo de los transitorios del primer individuo de la población, y se asignan a cuatro variables. A continuación, para poder resolver el sistema de ecuaciones lineales es necesario calcular primeramente las distancias P_2 y P_4 del perfil de trayectoria (ver Figura 4.2), empleando para ello las siguientes expresiones:

$$P_4 = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2}, \text{ y}$$

$$P_2 = \frac{P_4}{2}.$$

Asimismo, para resolver las expresiones anteriores tiene que utilizarse la información proporcionada por el usuario (posición inicial y posición final del recorrido, dimensiones de los eslabones, etc.). Con esta información también es posible determinar los parámetros u_x y u_y de la ecuación (4.1) correspondiente a la representación paramétrica de la recta.

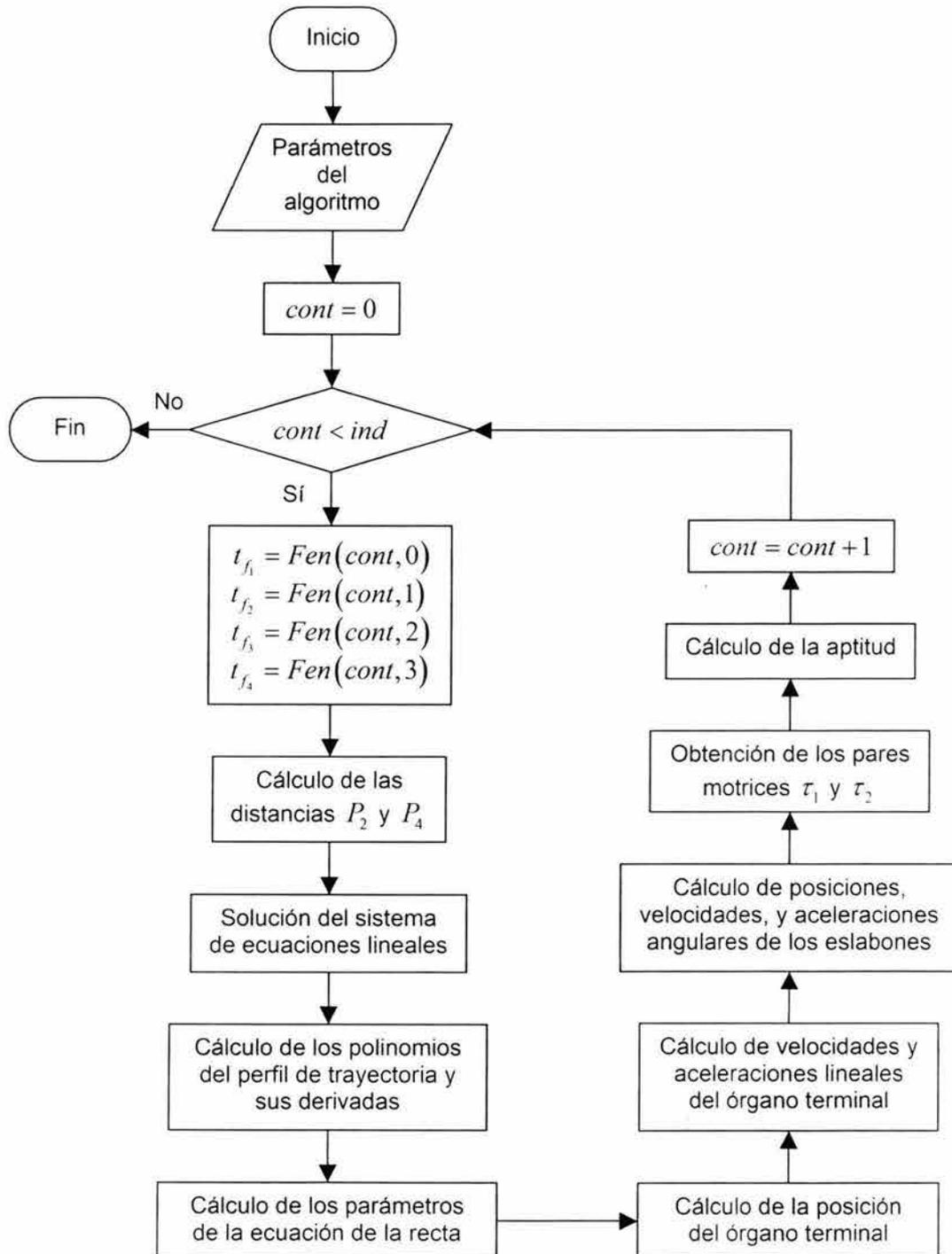


Figura 5.5. Algoritmo para calcular los pares motrices

Ahora bien, el empleo de las distancias P_2 y P_4 en conjunción con las variables de tiempo permite resolver el sistema de ecuaciones lineales, lo que a su vez permite resolver las ecuaciones (4.8) a (4.10), correspondientes a los polinomios del perfil de trayectoria y sus derivadas. Al sustituir todos los datos anteriores en las ecuaciones (4.1), (4.2), y (4.3) pueden determinarse, para cada uno de los transitorios, las distintas posiciones³ $x(t)$ y $y(t)$ que adquiere el órgano terminal, así como también sus velocidades y aceleraciones lineales.

El siguiente paso consiste en determinar las posiciones angulares θ_1 y θ_2 de los eslabones para cada transitorio, para lo cual se utilizan las ecuaciones (3.51) y (3.55) obtenidas anteriormente. Representando dichas ecuaciones en función del tiempo se obtienen las siguientes expresiones:

$$\theta_1 = \arctan \left[\frac{y(t) \left[l_1^2 - l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2 \right] - 2l_1 l_2 x(t) \sqrt{1 - \frac{\left[l_1^2 + l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2 \right]^2}{4l_1^2 l_2^2}}}{x(t) \left[l_1^2 - l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2 \right] + 2l_1 l_2 y(t) \sqrt{1 - \frac{\left[l_1^2 + l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2 \right]^2}{4l_1^2 l_2^2}}} \right] \quad (5.5)$$

$$\theta_2 = \arccos \left[\frac{x(t)^2 + y(t)^2 - l_1^2 - l_2^2}{2l_1 l_2} \right] \quad (5.6)$$

Para el cálculo de las velocidades angulares $\dot{\theta}_1$ y $\dot{\theta}_2$ de los eslabones se emplean las ecuaciones (3.61) y (3.62), que fueron obtenidas en el análisis cinemático del manipulador. Representando dichas ecuaciones en función del tiempo se obtienen las siguientes expresiones:

$$\dot{\theta}_1 = \left[\frac{\left[l_1 l_2 \sqrt{\frac{\left[(l_1 - l_2)^2 - x(t)^2 - y(t)^2 \right] \left[(l_1 + l_2)^2 - x(t)^2 - y(t)^2 \right]}{l_1^2 l_2^2}} \times \dots \right] \dots \times \left[-y(t)x'(t) + x(t)y'(t) \right] - \left[l_1^2 - l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2 \right] \left[x(t)x'(t) + y(t)y'(t) \right]}{\left[l_1 l_2 \left[x(t)^2 + y(t)^2 \right] \sqrt{\frac{l_1^2 + \left[-l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2 \right]^2 - 2l_1^2 \left[l_1^2 - x(t)^2 + y(t)^2 \right]}{l_1^2 l_2^2}}} \right]} \right] \quad (5.7)$$

³ Queda claro que a partir de los cuatro intervalos de tiempo de los transitorios se obtienen cuatro posiciones del órgano terminal muy específicas. En particular, estas posiciones corresponden a los puntos k_2 , k_3 , k_4 , y k_5 del perfil de trayectoria (ver Figura 4.2). Asimismo, resulta evidente que a cada uno de estos puntos del perfil de trayectoria le corresponderán también una velocidad lineal, aceleración lineal, velocidad angular, y aceleración angular del órgano terminal específicas, y por ende torques específicos del manipulador.

$$\dot{\theta}_2 = - \left[\frac{x(t)x'(t) + y(t)y'(t)}{l_1 l_2 \sqrt{1 - \frac{[l_1^2 + l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2]^2}{4l_1^2 l_2^2}}} \right] \quad (5.8)$$

Para obtener las aceleraciones angulares $\ddot{\theta}_1$ y $\ddot{\theta}_2$ es necesario derivar las ecuaciones (5.7) y (5.8), obteniendo las siguientes expresiones:

$$\ddot{\theta}_1 = \left[\frac{\left[\begin{array}{l} 2[x(t)x'(t) + y(t)y'(t)] \times \dots \\ l_1 l_2 \sqrt{\frac{[(l_1 - l_2)^2 - x(t)^2 - y(t)^2][(l_1 + l_2)^2 - x(t)^2 - y(t)^2]}{l_1^2 l_2^2}} \times \dots \\ \dots \times \dots \times [y(t)x'(t) - x(t)y'(t)] + [l_1^2 - l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2] \times \dots \\ \dots \times [x(t)x'(t) + y(t)y'(t)] \end{array} \right]}{l_1^2 l_2^2 [x(t)^2 + y(t)^2]^2 \sqrt{-\frac{l_1^4 + [-l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2]^2 - 2l_1^2 [l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2]}{l_1^2 l_2^2}}} \right] + \dots$$

$$\dots + \left[\frac{\left[\begin{array}{l} 2[l_1^2 + l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2][x(t)x'(t) + y(t)y'(t)] \times \dots \\ l_1 l_2 \sqrt{-\frac{l_1^4 + [-l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2]^2 - 2l_1^2 [l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2]}{l_1^2 l_2^2}} \times \dots \\ \dots \times \dots \times [y(t)x'(t) - x(t)y'(t)] + [l_1^2 - l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2] \times \dots \\ \dots \times [x(t)x'(t) + y(t)y'(t)] \end{array} \right]}{l_1^2 l_2^2 [x(t)^2 + y(t)^2]^2 \sqrt{-\frac{l_1^4 + [-l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2]^2 - 2l_1^2 [l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2]}{l_1^2 l_2^2}}} \right] + \dots$$

$$\dots + \left[\frac{2[l_1^2 + l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2][x(t)x'(t) + y(t)y'(t)]}{l_1^2 l_2^2 \sqrt{\frac{[(l_1 - l_2)^2 - x(t)^2 - y(t)^2][(l_1 + l_2)^2 - x(t)^2 - y(t)^2]}{l_1^2 l_2^2}}} \right] + \dots$$

$$\dots + 2[x(t)x'(t) + y(t)y'(t)]^2 + \dots$$

$$\dots + l_1 l_2 \sqrt{\frac{[(l_1 - l_2)^2 - x(t)^2 - y(t)^2][(l_1 + l_2)^2 - x(t)^2 - y(t)^2]}{l_1^2 l_2^2}} \times \dots$$

$$\dots \times [-y(t)x''(t) + x(t)y''(t)] - [l_1^2 - l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2] \times \dots$$

$$\dots \times [x'(t)^2 + y'(t)^2 + x(t)x''(t) + y(t)y''(t)]$$

$$\dots + \frac{l_1 l_2 [x(t)^2 + y(t)^2]^2 \sqrt{-\frac{l_1^4 + [-l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2]^2 - 2l_1^2 [l_2^2 + x(t)^2 + y(t)^2]}{l_1^2 l_2^2}}}{l_1^2 l_2^2} \quad (5.9)$$

$$\ddot{\theta}_2 = \left[\frac{\left[l_1^2 + l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2 \right] \left[x(t)x'(t) + y(t)y'(t) \right]^2}{2l_1^3 l_2^3 \left[1 - \frac{\left[l_1^2 + l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2 \right]^2}{4l_1^2 l_2^2} \right]^{3/2}} \right] + \dots \quad (5.10)$$

$$\dots + \left[-\frac{x'(t)^2 + y'(t)^2 + x(t)x''(t) + y(t)y''(t)}{l_1 l_2 \sqrt{1 - \frac{\left[l_1^2 + l_2^2 - x(t)^2 - y(t)^2 \right]^2}{4l_1^2 l_2^2}}} \right]$$

Una vez que se han determinado los valores de las posiciones, velocidades, y aceleraciones angulares se tienen todos los datos necesarios para poder calcular los torques de los actuadores, al sustituir dichos valores en las ecuaciones obtenidas en el análisis dinámico del manipulador (ver Capítulo 3), las cuales se muestran a continuación:

$$\tau_2 = \frac{1}{2} m_2 l_1 l_2 \left(\ddot{\theta}_1 \cos \theta_2 + \dot{\theta}_1^2 \sin \theta_2 \right) + m_2 \left(\ddot{\theta}_1 + \ddot{\theta}_2 \right) \left[\frac{1}{4} l_2^2 + \frac{(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2}{12} \right] \quad (5.11)$$

$$\tau_1 = \left[\begin{aligned} & m_2 l_1 l_2 \cos \theta_2 + m_2 l_1^2 + \left(\frac{1}{4} m_1 l_1^2 + \frac{m_1 \left[(l_1 + 2\Delta x_1)^2 + h_1^2 \right]}{12} \right) + \dots \\ & \dots + \left(\frac{1}{4} m_2 l_2^2 + \frac{m_2 \left[(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2 \right]}{12} \right) \end{aligned} \right] \ddot{\theta}_1 + \dots \quad (5.12)$$

$$\dots + \left[m_2 \left[\frac{1}{4} l_2^2 + \frac{(l_2 + 2\Delta x_2)^2 + h_2^2}{12} \right] + \frac{1}{2} m_2 l_1 l_2 \cos \theta_2 \right] \ddot{\theta}_2 - m_2 l_1 l_2 \sin \theta_2 \left(\dot{\theta}_1 \dot{\theta}_2 + \frac{1}{2} \dot{\theta}_2^2 \right)$$

Las ecuaciones dinámicas anteriores se muestran tal cual se obtuvieron en el Capítulo 3 en virtud de la complejidad de las expresiones resultantes si éstas hubieran sido representadas en función del tiempo.

Hasta este punto se ha explicado el procedimiento para obtener los pares ejercidos en los actuadores para cada uno de los puntos k_2 , k_3 , k_4 , y k_5 del perfil de trayectoria para el primero de los individuos de la población. Posteriormente tendrían que evaluarse los torques recién obtenidos junto con el tiempo de proceso mediante la función de aptitud para obtener de esta forma la calificación del desempeño del primer individuo de la población, y luego almacenar este valor en memoria, sin embargo, el procedimiento de esta evaluación se mostrará más adelante en forma más detallada.

Habiéndose determinado los torques de los actuadores, y posteriormente calculado la aptitud del primer cromosoma, se repite el ciclo para cada uno de los individuos de la población, según se aprecia en la Figura 5.5.

5.2.5. Función de aptitud

El algoritmo genético intentará optimizar dos factores críticos del problema planteado en esta tesis: el tiempo de proceso y el par motriz empleado por los actuadores; para ello se tienen que asignar valores de aptitud o calificaciones a los individuos de la población de acuerdo a su desempeño. Ambos factores se encuentran estrechamente relacionados ya que, como es de suponer, entre más pequeño sea el tiempo de proceso los pares motrices tenderán a incrementarse, como se muestra en la Figura 5.6 donde se presentan posibles comportamientos de los actuadores del manipulador y su relación con los tiempos de proceso.

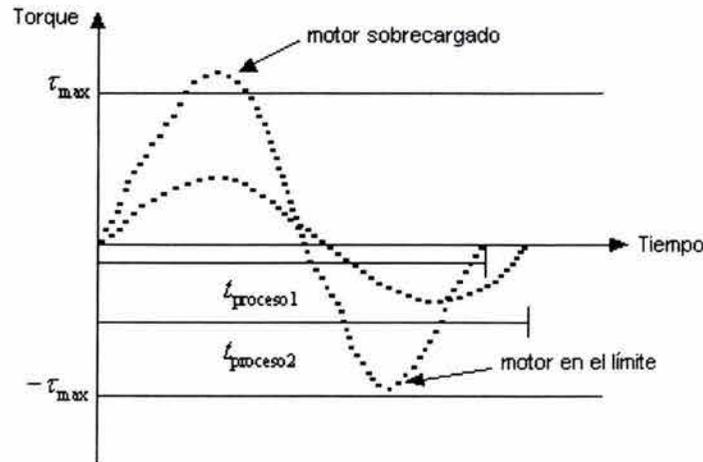


Figura 5.6. Torque vs. Tiempo de proceso

La calificación global de un individuo tendrá que tomar en cuenta los dos aspectos a optimizar mencionados anteriormente, por lo cual se tendrán dos criterios ponderados distintos de calificación: uno para el tiempo de proceso y el otro para los torques de los actuadores; esto trae como consecuencia que la aptitud estará compuesta por dos calificaciones parciales, de cuya suma (cuyo valor se encontrará entre cero y uno) resultará la calificación total, es decir,

$$apt_ind = apt_t_{proceso} + apt_τ_{max}; \quad apt_ind \in [0,1]. \quad (5.13)$$

El primer sumando de la ecuación (5.13) corresponde a la calificación que recibe el individuo (cromosoma) de acuerdo al tiempo de proceso que representa; esto quiere decir que entre más pequeño sea el tiempo de proceso mayor será la calificación que reciba el individuo en este aspecto. Cabe señalar que este criterio es el que recibe la ponderación más alta. De manera formal, lo anterior puede ser expresado como

$$apt_t_{proceso} = 0.8 \left(\frac{\sum_{i=1}^4 apt_t_{f_i}}{4} \right), \quad (5.14)$$

donde $apt_{-t_{f_i}}$ representa la aptitud por segmento del cromosoma, y cuyo valor puede ser calculado mediante la siguiente expresión:

$$apt_{-t_{f_i}} = \left| \left(\frac{t_{f_i}}{16} \right) - 1 \right|.$$

De acuerdo a la ecuación (5.14), la aptitud del tiempo de proceso no es más que el valor correspondiente al 80% del valor promedio de aptitud por segmento, y representa también el 80%⁴ del valor de la aptitud global del individuo. La máxima calificación de acuerdo a este criterio es 0.8, sin embargo, es imposible obtener dicha calificación ya que esto implicaría que el tiempo de proceso sea igual a cero.

El segundo sumando de la ecuación (5.13) corresponde a la calificación que recibe el cromosoma de acuerdo a los torques que representa. Los dos actuadores alcanzarán un valor máximo de par en alguno de los puntos k_2 , k_3 , o k_4 del perfil de trayectoria⁵, por lo que se asignará una aptitud parcial a cada uno de los motores tomando en cuenta las siguientes condiciones:

$$\tau_{\max i} > \tau_{\text{nomi}} \rightarrow apt_{-ind} = 0; \quad \forall i = 1, 2, \quad (5.15)$$

$$\tau_{\max i} \leq \tau_{\text{nomi}} \rightarrow apt_{-\tau_{\max i}} = 0.2 \left(\frac{\tau_{\max i}}{\tau_{\text{nomi}}} \right); \quad \forall i = 1, 2. \quad (5.16)$$

La ecuación (5.15) indica que si alguno de los dos motores se ve forzado a operar más allá de su capacidad nominal (de fábrica) automáticamente le será asignada una calificación de cero a la aptitud general, en virtud de que no tendría sentido considerar la aptitud del tiempo de proceso si alguno de los motores está en riesgo de dañarse o, en el caso más extremo, quemarse. La consideración (5.16) determina que cuando algún motor opera en condiciones por debajo de su par máximo nominal, éste recibirá una calificación correspondiente al 20% de la razón que existe entre el valor máximo de par obtenido para ese motor en todo el perfil de trayectoria y el valor de par máximo nominal de dicho motor. Asimismo,

⁴ Originalmente se había considerado un porcentaje del 50% para darle igual importancia a los dos criterios de calificación, sin embargo, después de haber realizado varios ensayos con el algoritmo genético, se optó por cambiar este valor ya que se observó que las soluciones encontradas representaban tiempos de proceso no satisfactorios. Al incrementar el porcentaje a 80% se "obliga" de alguna forma a que el algoritmo genético genere soluciones que representen tiempos de recorrido pequeños, en virtud de que se le da prioridad a ese criterio de calificación en particular. Por otro lado, es importante señalar que la selección de este porcentaje no afecta el segundo criterio de calificación ya que en ambos casos se obtuvieron buenos valores de aptitud en lo que respecta a los pares motrices.

⁵ Los puntos k_1 y k_5 no se consideran debido a que, como se mencionó con anterioridad, el estado de movimiento del manipulador tanto al principio como al final del recorrido era estático, por lo que teóricamente los torques en estos puntos deben ser igual a cero.

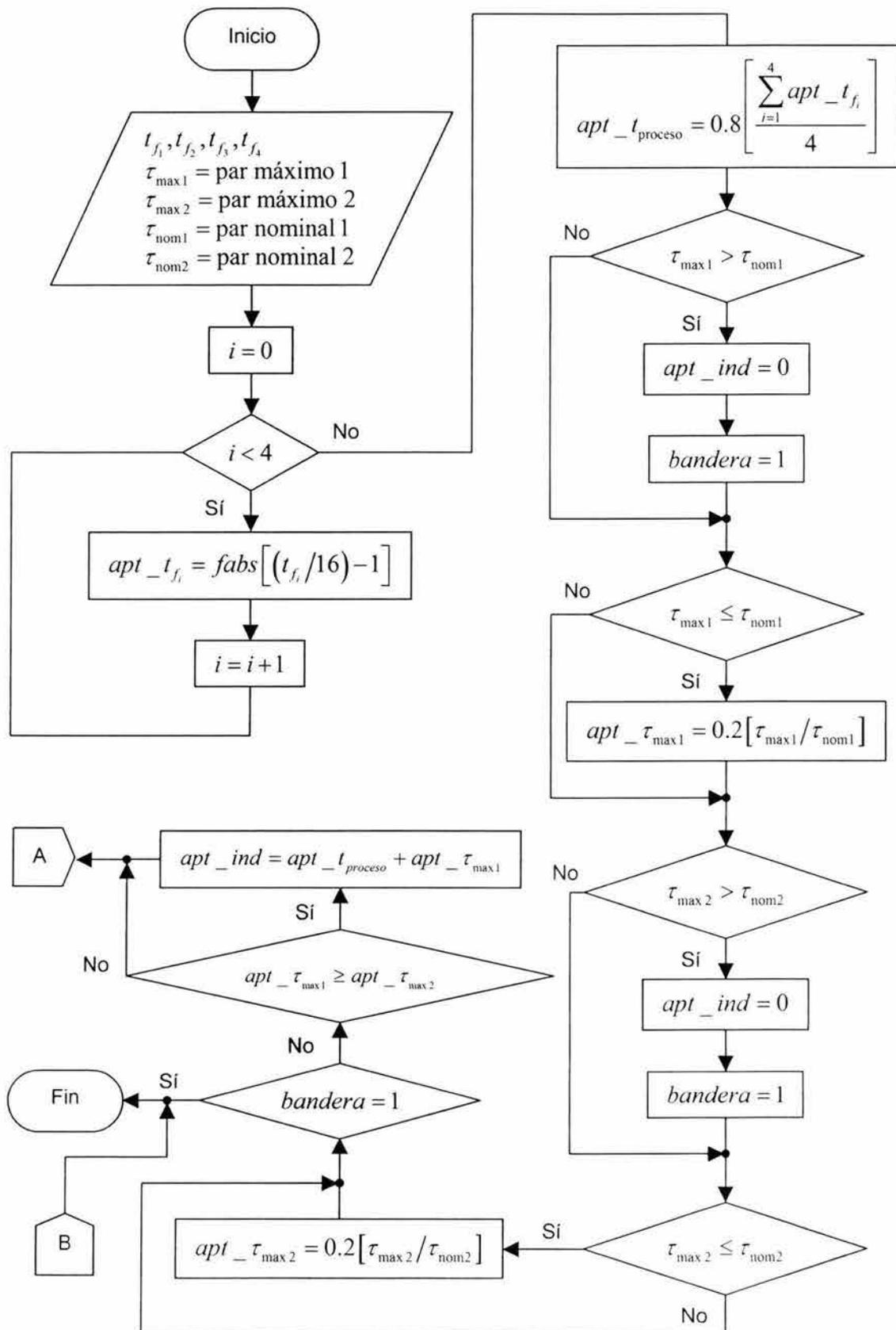


Figura 5.7.a. Diagrama de flujo de la función de aptitud (1ª Parte)

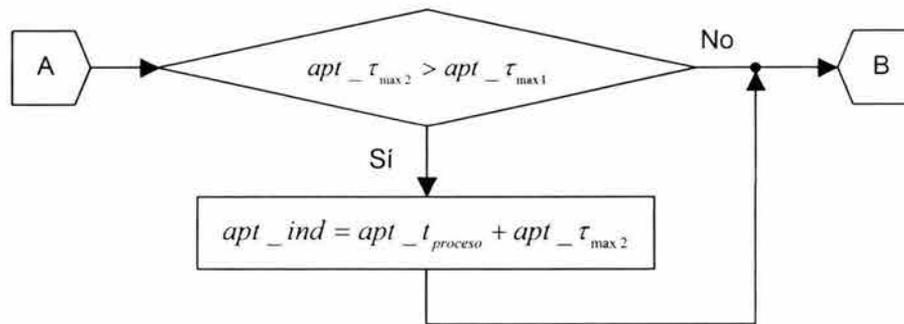


Figura 5.7.b. Diagrama de flujo de la función de aptitud (2ª Parte)

puede observarse que cuando algún actuador se encuentre operando en su límite nominal sin sobrepasarlo, se le asignará una calificación parcial de 0.2 a ese motor en particular, siendo ésta la calificación más alta que se puede obtener en este departamento.

Una vez que se conocen las aptitudes parciales de los actuadores, tiene que determinarse cuál de estas aptitudes será considerada como el valor de la aptitud $apt_{\tau_{max}}$ en la ecuación (5.13); para ello se tomarán en cuenta las siguientes condiciones:

$$apt_{\tau_{max1}} \geq apt_{\tau_{max2}} \rightarrow apt_{\tau_{max}} = apt_{\tau_{max1}},$$

$$apt_{\tau_{max2}} > apt_{\tau_{max1}} \rightarrow apt_{\tau_{max}} = apt_{\tau_{max2}},$$

donde puede verse que la aptitud parcial de mayor valor será la que se tome en consideración.

Finalmente, una vez que se conocen los valores de los sumandos de la ecuación (5.13) no queda más que evaluar la suma para conocer el valor de la aptitud del individuo. En las Figuras 5.7.a y 5.7.b se esquematiza un posible diagrama de flujo para el algoritmo de la función de aptitud basado en los criterios de evaluación mencionados con anterioridad.

5.2.6. Cálculo de la probabilidad de selección y clonación

Una vez que se conocen las aptitudes de todos los individuos de la población, se lleva a cabo una selección de los mejores candidatos para formar parejas de cromosomas, a las cuales se les aplicará el operador genético de cruzamiento con el fin de crear una nueva población de descendientes. Esta selección no es aleatoria sino que se basa precisamente en la aptitud de los individuos. En el mundo animal son los individuos más fuertes los que tienen la mayor probabilidad de aparearse y procrear descendencia. Los individuos más débiles se aparean poco o tal vez nunca, y su material genético tenderá a desaparecer. En un algoritmo genético, los cromosomas con las mejores

aptitudes tienen una mayor probabilidad de “aparearse” un mayor número de ocasiones que aquellos cromosomas con aptitudes poco satisfactorias.

El cálculo de las probabilidades de selección es muy simple, y puede representarse mediante la siguiente expresión:

$$prob_sel = apt_ind / suma_apt, \quad (5.17)$$

es decir, la probabilidad de selección de un individuo en particular es igual a la razón de la aptitud de dicho individuo entre la suma de todas las aptitudes de la población. En otras palabras, la probabilidad de selección de un cromosoma no es más que la proporción que representa dicha aptitud en relación con la suma total de las aptitudes de la población. En la Figura 5.8 se muestra, por medio de un diagrama de flujo, el algoritmo para calcular la probabilidad de selección de cada uno de los individuos de la población.

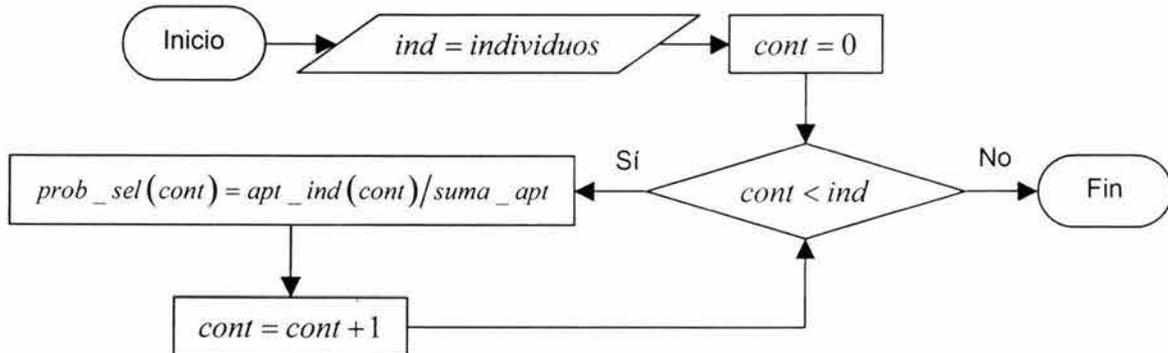


Figura 5.8. Algoritmo para calcular las probabilidades de selección

El siguiente paso consiste en llevar a cabo la selección de los individuos que servirán para construir una nueva población. Como se mencionó con anterioridad, cuando se trata de un algoritmo genético el proceso de selección se asemeja al giro de una ruleta (ver Figura 2.8) sobre la cual se lanza un dardo, y cuyos sectores corresponden a las probabilidades de selección de los individuos. Evidentemente, el sector donde haya caído el dardo corresponde al individuo seleccionado. Una vez que se selecciona un individuo, éste pasa a formar parte a su vez de una nueva generación de individuos. En el caso particular de esta tesis se estableció que el tamaño de la población sería de 100 individuos, y que éste se mantendría constante, por lo que queda claro que la “ruleta” tendrá que hacerse girar y habrá que lanzar el dardo un total de 100 veces. Existe también la posibilidad de que los individuos que tengan un sector de la ruleta (probabilidad de selección) más grande serán seleccionados más de una vez; esto implica que en la nueva población de cromosomas habrá individuos “repetidos”, o mejor dicho, habrá clones de algunos individuos, razón por la cual el proceso de selección recibe también el nombre de *clonación*. En la Figura 5.9 se muestra el diagrama de flujo correspondiente a la implementación algorítmica de la ruleta y del proceso de selección de los cromosomas.

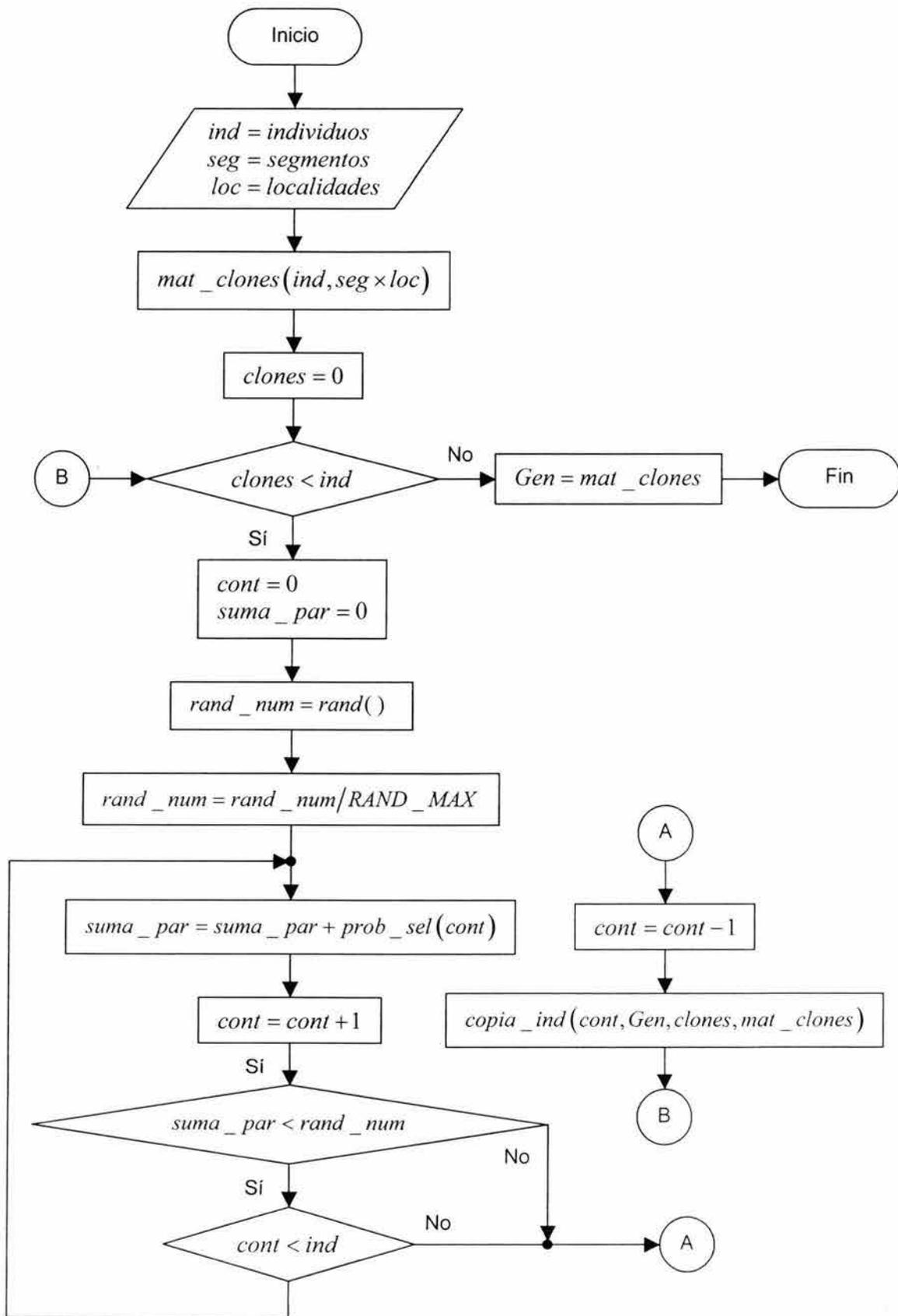


Figura 5.9. Algoritmo para llevar a cabo la clonación de individuos

De acuerdo al procedimiento mostrado en el diagrama de flujo, se crea una matriz temporal de clones, *mat_clones*, en la cual se almacenarán los genotipos de los individuos seleccionados. Posteriormente, para simular el giro de la "ruleta", se genera un número real aleatorio, *rand_num*, el cual tendrá un valor entre 0 y 1. Asimismo, se calcula la suma parcial de las probabilidades de selección de los individuos mediante un proceso iterativo, hasta que dicha suma sobrepase el valor del número aleatorio. Como puede observarse, se selecciona el último individuo para el cual la suma parcial se mantiene inferior al valor del número aleatorio; cabe señalar que la suma total de todas las probabilidades de selección de los individuos de la población debe ser igual a 1. Posteriormente, por medio de la función *copia_ind()* se copia el individuo correspondiente al renglón *cont* de la matriz *Gen* al renglón *clones* de la matriz *mat_clones*; este proceso se repite un total de 100 veces hasta completar la matriz de clones. Finalmente, se substituye la matriz original de genotipos, *Gen*, por la matriz de clones, *mat_clones*, formando así una nueva población compuesta, hasta este momento, de varias copias de algunos individuos de la población anterior. Queda claro que aquellos individuos que no fueron seleccionados se perderán para siempre.

5.2.7. Cruzamiento

En la Naturaleza, el apareamiento tiene como fin el perpetuar aquellos genes que contribuyan a la supervivencia de una determinada especie animal. De manera análoga, en un algoritmo genético, el cruzamiento tiene como finalidad el perpetuar o transmitir aquellos genes o bits que contribuyan a la obtención de mejores soluciones para un determinado problema. Por esta razón, la etapa del cruzamiento de los individuos es una de las más importantes del algoritmo genético, ya podría decirse que en esta etapa se lleva a cabo la evolución de las soluciones.

Durante la etapa de clonación se obtuvo una matriz integrada por aquellos individuos seleccionados para la reproducción. El paso siguiente consiste en formar parejas con dichos individuos, y posteriormente cruzar los cromosomas que conforman dichas parejas. En el diagrama de flujo mostrado en la Figura 5.10 se aprecia que la formación de parejas se lleva a cabo seleccionando individuos de la matriz de clones de manera aleatoria⁶, al igual que el punto de cruce. Posteriormente se intercambian los bits de los cromosomas que conforman la pareja a partir del punto de cruce, como se muestra en la Figura 2.9, y los nuevos descendientes se almacenan en una matriz temporal, *temp*. Cabe señalar que al cruzar dos individuos se obtienen dos nuevos cromosomas o descendientes, por lo que el proceso de formación y cruce de parejas se repite un total de 50 veces para obtener así 100 nuevos individuos. Finalmente, la matriz de clones, *Gen*, se substituye por la matriz *temp*, obteniendo así una nueva generación de individuos integrada por los descendientes de la generación anterior.

⁶ Debido a esto existe la posibilidad de que algunos individuos de la matriz de clones nunca sean seleccionados, o que un individuo se cruce consigo mismo.

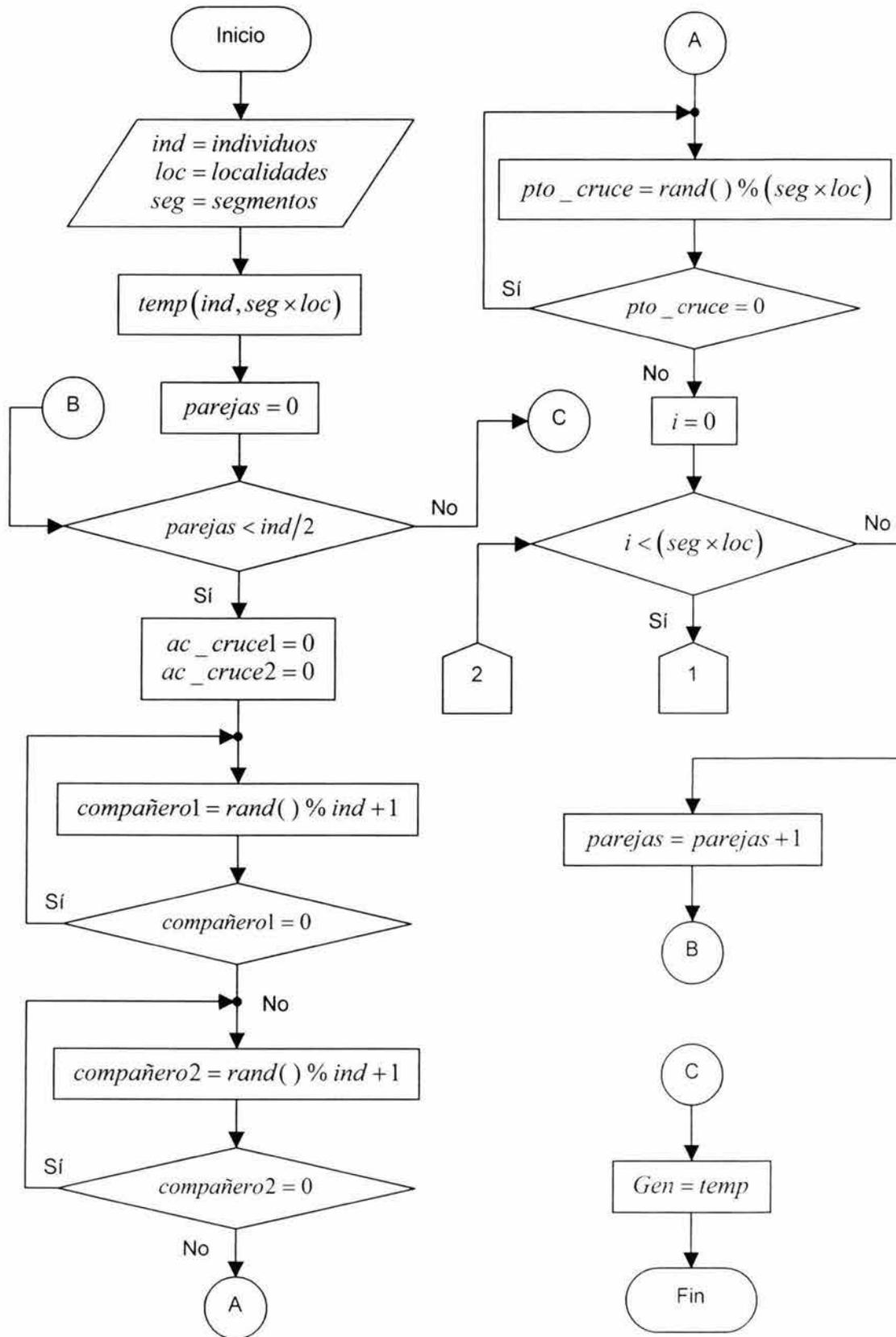


Figura 5.10. Algoritmo para formar y cruzar las parejas de individuos (1ª Parte)

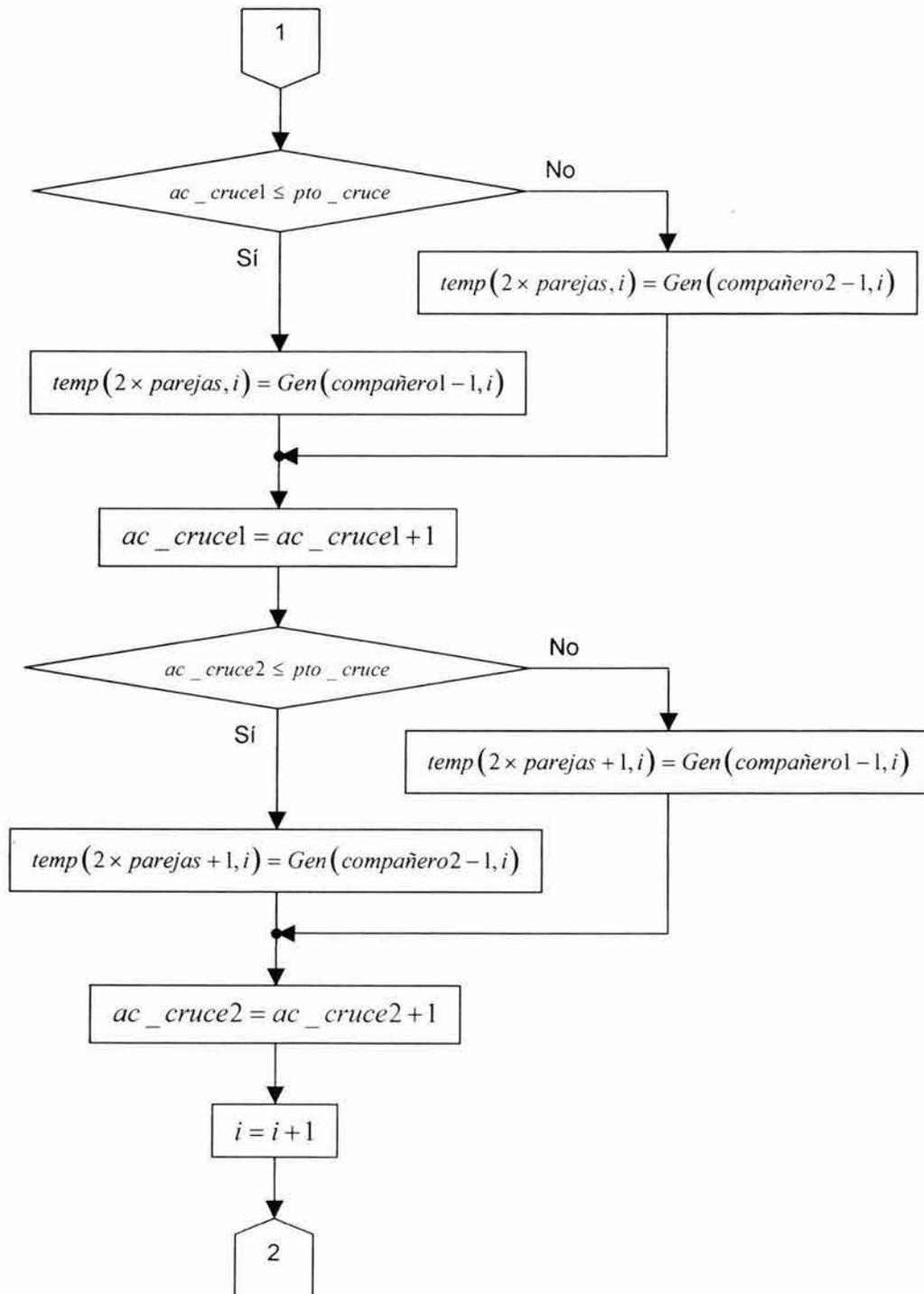


Figura 5.10. Aloritmo para formar y cruzar las parejas de individuos (2ª Parte)

5.2.8. Mutación

Durante la etapa de cruzamiento se obtuvo una nueva generación de individuos, distintos a los de la generación predecesora, sin embargo, conforme avanza el proceso evolutivo las generaciones comienzan a parecerse entre sí, lo cual indica una convergencia hacia un valor en particular, y generalmente se

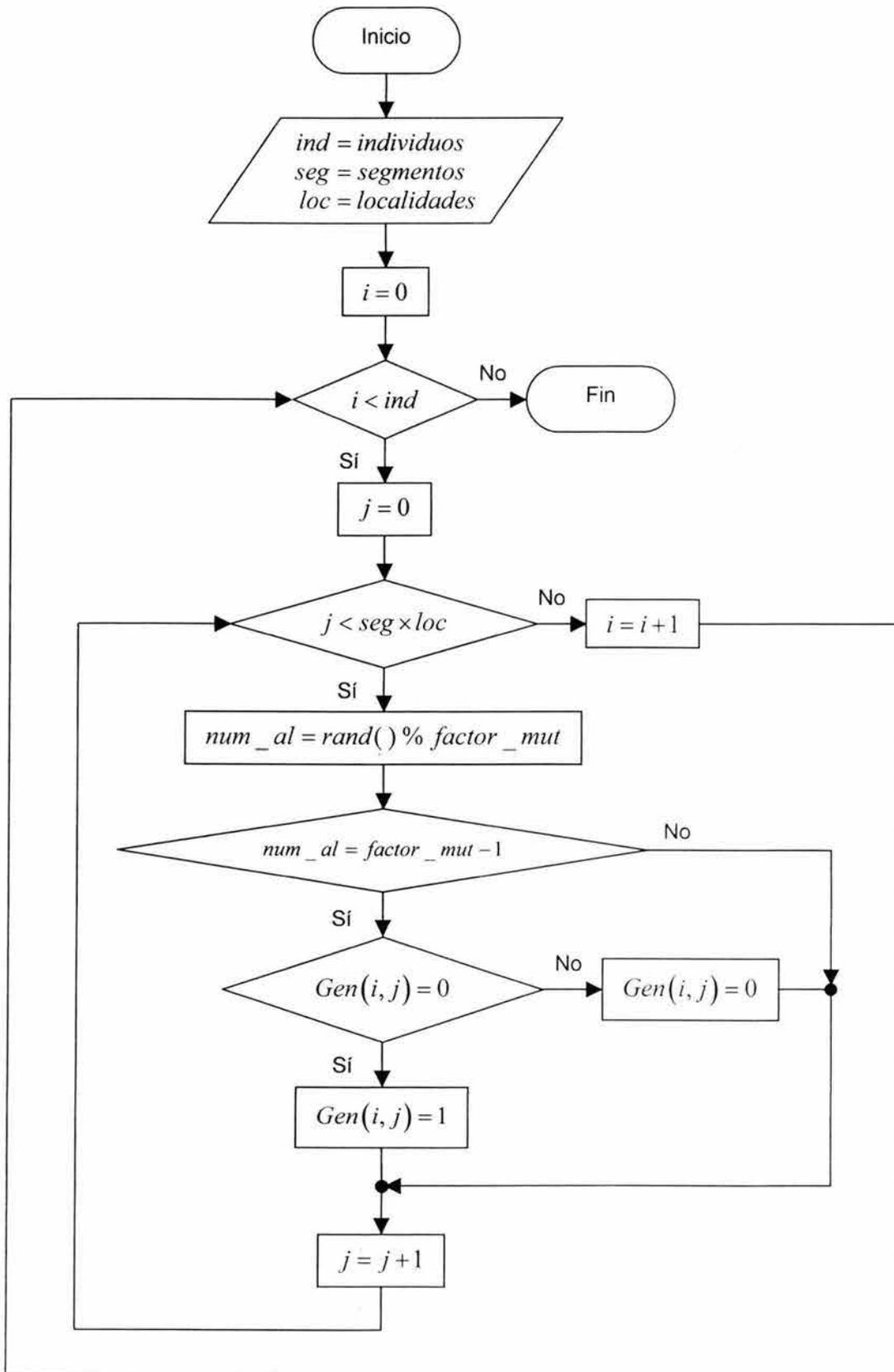


Figura 5.11. Algoritmo del operador de mutación

espera que esta convergencia se de hacia el valor óptimo, aunque en ocasiones no necesariamente resulta así; es aquí donde entra en juego el operador de mutación. Como se muestra en la Figura 2.10, la mutación consiste en alterar el valor de uno o varios bits de un cromosoma en particular de manera aleatoria, de acuerdo a un factor de mutación específico. El propósito de aplicar este operador es evitar una posible convergencia prematura hacia un valor no óptimo, modificando sutilmente los cromosomas de las soluciones, diferenciándolas entre sí. Cada bit tiene la misma probabilidad de mutar, y ésta es especificada por el usuario mediante la interfaz de captura de datos (ver Figura 5.2). Como se mencionó con anterioridad, de manera empírica se ha determinado que un factor de mutación de 1 bit por cada mil proporciona buenos resultados. Lo anterior implica que cada bit de un cromosoma tendría una probabilidad de mutar de 0.001. En la Figura 5.11 se muestra una posible implementación algorítmica del operador de mutación.

Una vez que se ha aplicado el operador de mutación se concluye el proceso de obtención de una nueva generación de individuos. Posteriormente se vuelve a determinar el fenotipo de esta nueva generación, se aplica el modelo matemático del manipulador, y se evalúan las aptitudes de los nuevos cromosomas, repitiendo este proceso hasta encontrar la mejor solución posible.

5.2.9. Finalización de la búsqueda y despliegue de resultados

Como se mencionó anteriormente, el algoritmo genético es un proceso iterativo que pretende converger hacia una solución óptima, sin embargo, ¿en qué momento puede decirse que se ha llegado a dicha solución? ¿Cuál es el criterio para dar por terminada la búsqueda del valor óptimo? Para responder a estas preguntas se ha implementado una condición de finalización del programa, la cual al cumplirse da por terminada la búsqueda.

En primer lugar se ha reservado un espacio en la memoria de la computadora para almacenar la aptitud del mejor individuo de cada generación, así como su genotipo. En total se tienen 50 localidades en memoria o niveles, como se muestra en el ejemplo de la Figura 5.12.

Nivel 1	$Gen_{01} (ind\ 18)$	0.76
Nivel 2	$Gen_{12} (ind\ 30)$	0.92
Nivel 3	$Gen_{25} (ind\ 04)$	0.87
⋮	⋮	⋮
Nivel 50	$Gen_{54} (ind\ 76)$	0.94

Figura 5.12. Almacenamiento de las mejores aptitudes

Cada vez que se almacena un nuevo individuo se lleva a cabo un reordenamiento de las aptitudes en forma descendente, como se muestra en la Figura 5.13. Cabe señalar que para almacenar la aptitud de un nuevo individuo en la lista se compara el valor de la aptitud de dicho individuo contra la aptitud almacenada en el último nivel de la lista después del reordenamiento. Si la aptitud del nuevo individuo es mayor que la aptitud almacenada en el último nivel entonces se desecha la aptitud de dicho nivel, y se almacena el nuevo valor; en caso contrario la lista de almacenamiento de las mejores aptitudes se mantiene igual, y el proceso se repite.

Nivel 1	$Gen_{54} (ind\ 76)$	0.94
Nivel 2	$Gen_{12} (ind\ 30)$	0.92
Nivel 3	$Gen_{25} (ind\ 04)$	0.87
⋮	⋮	⋮
Nivel 50	$Gen_{01} (ind\ 18)$	0.76

Figura 5.13. Reordenamiento de las aptitudes

Resultados del análisis [X]

Solución óptima

Intervalos de tiempo

tf1 [s]

tf2 [s]

tf3 [s]

tf4 [s]

Tiempo de proceso [s]

Torques en los actuadores

	Motor 1 [N-m]	Motor 2 [N-m]
Spline 1	<input type="text"/>	<input type="text"/>
Spline 2	<input type="text"/>	<input type="text"/>
Spline 3	<input type="text"/>	<input type="text"/>
Spline 4	<input type="text"/>	<input type="text"/>

Cromosoma del mejor individuo

Segmento 1
XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

Segmento 2
XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

Segmento 3
XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

Segmento 4
XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

Características de la solución

Aptitud

Cond. Fin.

Generaciones

Tiempo de cálculo [s]

Masa de los eslabones

Eslabón 1 [Kg]

Eslabón 2 [Kg]

Aptitud promedio por generación

Figura 5.14. Ventana de despliegue de resultados

A continuación se calcula la diferencia entre la aptitud del primer nivel y la aptitud del último nivel, y se compara contra el valor de la condición de finalización proporcionado por el usuario en la interfaz de captura de datos (ver Figura 5.2). Si la diferencia es más pequeña o igual que la condición de finalización entonces se da por terminada la búsqueda del valor óptimo; en caso contrario continúa el

proceso iterativo. Cabe señalar que, conforme se incrementa el número de iteraciones, se espera que el algoritmo genético converja hacia un valor en particular, lo que implica que las soluciones encontradas por el algoritmo genético en cada iteración comenzarán a parecerse entre sí, lo que a su vez implica que la diferencia entre los valores de las aptitudes del primer y último nivel comenzará a hacerse cada vez más pequeña; dicho en forma coloquial, lo anterior significa que el proceso iterativo se detendrá cuando los individuos de la población alcancen un cierto “grado de similitud” entre sí, indicando esto que el proceso evolutivo ha llegado a un límite que se espera sea el valor óptimo. Entre más pequeño sea el valor de la condición de finalización proporcionado por el usuario (en este trabajo se emplearán valores de 0.1, 0.01, y 0.001), mayor será la “similitud” entre los individuos; esto se verá reflejado implícitamente en el tiempo de cálculo y número de iteraciones que le tome a la computadora encontrar la solución óptima.

Una vez que termina la búsqueda del óptimo es necesario desplegar los resultados obtenidos, y para ello se emplea una ventana, la cual se muestra en la Figura 5.14. En dicha ventana aparece la información correspondiente al mejor individuo encontrado de entre todas las iteraciones que haya realizado el algoritmo genético, es decir, aquel individuo con la mejor aptitud en la lista de aptitudes de las Figuras 5.12 y 5.13. Entre la información que se reporta al usuario se encuentra el genotipo de la mejor solución, su fenotipo, su aptitud, los torques que representa, el tiempo de cálculo, la diferencia entre la aptitud del primer nivel y la aptitud del último nivel para la última iteración, el número de generaciones (iteraciones) que realizó el algoritmo genético, así como la aptitud promedio de la última generación de individuos.

6 Resultados

6.1. Desarrollo de pruebas

Como se mencionó al inicio de esta tesis, gran parte de los conocimientos que se tienen acerca de los algoritmos evolutivos se han obtenido de forma empírica, aplicando dichos algoritmos a diversos problemas científicos, y observando su comportamiento y los resultados obtenidos; por lo anterior, la etapa del desarrollo de pruebas con el algoritmo genético es una de las más importantes de todo este trabajo, en virtud de que finalmente se podrá determinar si el objetivo de esta tesis ha sido cumplido o no.

Podrían realizarse una gran cantidad de experimentos, de muy diversas formas, sin embargo, sólo se consideraron unas cuantas pruebas con el fin de tener una idea general del comportamiento del algoritmo genético, así como del tipo de soluciones que genera. Cabe señalar que se utilizó una misma geometría del manipulador para todos los ensayos, la cual se muestra en la Figura 6.1. De igual forma, en cada uno de los experimentos se consideró un torque nominal $\tau_{1,2} = 0.05 [N - m]$ para cada actuador, así como una densidad $\rho_{1,2} = 2700 [Kg/cm^3]$ (correspondiente al aluminio) para cada uno de los eslabones del manipulador, lo que implica una masa $m_{1,2} = 0.1782 [Kg]$ para los eslabones 1 y 2 respectivamente.

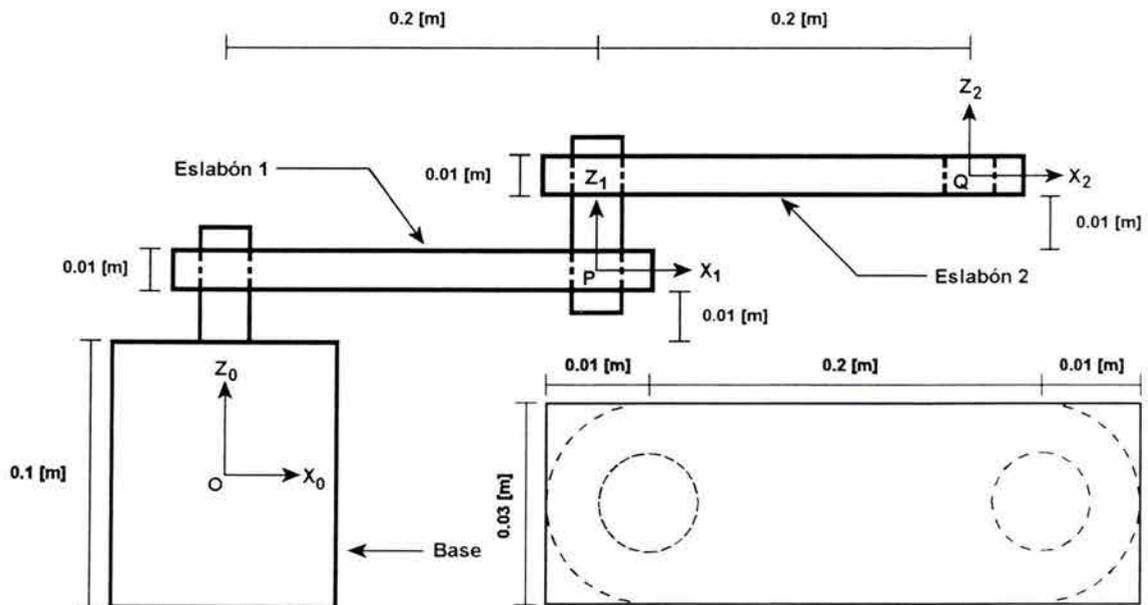


Figura 6.1. Geometría del manipulador

6.1.1. Experimento 1

Para llevar a cabo el primer experimento se corrió el programa en cinco ocasiones, considerando en cada una de ellas al punto $(0,0)[m]$ como la posición inicial de la trayectoria, y al punto $(0.2,0)[m]$ como la posición final del recorrido. En la figura 6.2 puede apreciarse el lugar geométrico de la trayectoria¹, que en este caso se encuentra ubicada sobre el eje de las abscisas. El manipulador parte de una configuración singular totalmente replegada, para luego

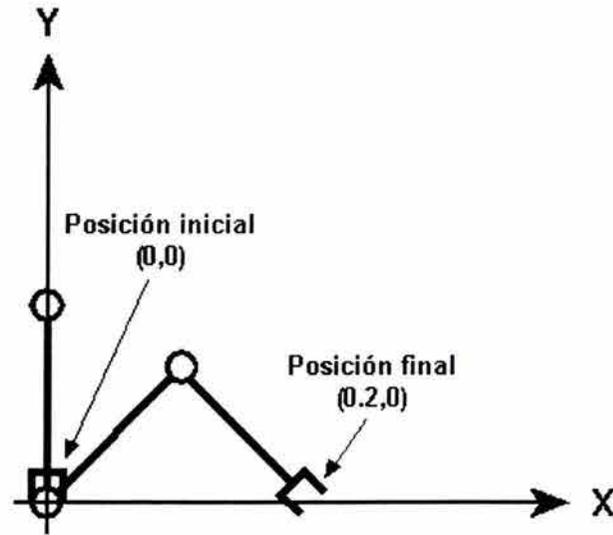


Figura 6.2. Trayectoria (experimentos 1-3)

irse extendiendo poco a poco sobre el eje, hasta terminar en una configuración no singular. Por otro lado, como parte de los parámetros del algoritmo genético, se consideró un valor para la condición de finalización de 0.1, así como un factor de mutación de 1,000, es decir, uno de cada mil bits de la generación de individuos sufrirá una mutación. Los resultados obtenidos se muestran en las tablas 6.1.a a 6.1.d.

Muestra	Intervalos de tiempo [s]				
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4	T. de proceso
1	0.4956045150	0.0284271240	1.1984062194	0.0901508331	1.8125886917
2	0.5301065444	1.9036779403	0.3355560302	0.0762767791	2.8456172943
3	0.8143501281	0.6531744003	0.2122449874	0.1998939514	1.8796634674
4	0.4805212020	0.0098714828	0.5078296661	0.0111455917	1.0093679428
5	3.0880451202	1.2945442199	0.6872014999	0.1988496780	5.2686405181

Tabla 6.1.a. Intervalos de tiempo de los transitorios

Muestra	Torque del actuador 1 [N-m]			
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4
1	0.04054651124403460	0.02061035147574880	0.00819019432108741	4.80766962101369E-19
2	0.00223206609411530	0.01128279286861950	0.04372661829658840	1.74459287407550E-18
3	0.00063826242744809	0.02304103623395490	0.04889439677706630	2.74851460468161E-18
4	0.04880672667138140	0.03824853594825930	0.00017369012930521	6.37908599655964E-21
5	0.00019174782772718	0.00394404933946291	0.01010647669726620	1.01507641650173E-19

Tabla 6.1.b. Torques del actuador del primer eslabón

¹ Esta misma trayectoria fue considerada en los experimentos 2 y 3.

Muestra	Torque del actuador 2 [N-m]			
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4
1	0.02601533024440580	0.01734546883474880	0.00407579600472087	2.40383481050685E-19
2	0.00167285057225153	0.00632865384082045	0.02225881865063030	8.72296437037751E-19
3	0.00047854060071490	0.01399788435787600	0.02789091407818200	1.37425730234080E-18
4	0.03017243319635840	0.03027979203495130	8.68451974551524E-05	3.18954299827982E-21
5	0.00014294238131909	0.00244505181922717	0.00519708191807304	5.07538208250865E-20

Tabla 6.1.c. Torques del actuador del segundo eslabón

Muestra	Características de la solución			
	Aptitud	Precisión	Generaciones	T. de cálculo [s]
1	0.9395286863	0.0835474745	139	34.614
2	0.9393362570	0.0945899692	53	13.405
3	0.9720817937	0.0993840098	759	190.158
4	0.9826098074	0.0838042930	81	20.502
5	0.7745679003	0.0990621910	53	13.652

Tabla 6.1.d. Características de las soluciones obtenidas

6.1.2. Experimento 2

Se realizaron cinco ensayos. En esta ocasión se consideró un valor para la condición de finalización del algoritmo de 0.01, así como un factor de mutación de 1,000. Los resultados obtenidos se muestran en las tablas 6.2.a a 6.2.d.

Muestra	Intervalos de tiempo [s]				
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4	T. de proceso
1	0.3939981460	0.0636186599	0.2372064590	0.9507246017	1.6455478668
2	0.6859741210	0.3535242080	0.2726802825	0.1349058151	1.4470844268
3	0.0014495849	0.5160083770	0.1602191925	0.2546119689	0.9322891235
4	2.3275423049	0.3385972976	0.0340185165	0.5030307769	3.2031888961
5	0.1201696395	0.2479238510	0.3744430541	0.0018396377	0.7443761825

Tabla 6.2.a. Intervalos de tiempo de los transitorios

Muestra	Torque del actuador 1 [N-m]			
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4
1	0.04830391233254490	0.04998153727518010	0.00468280637219862	3.59180885839074E-19
2	0.00580542382431522	0.02098664699213170	0.04888851827135780	3.29732515074628E-18
3	0.00901208649702859	0.02526484243501410	0.04929021892175260	4.22985689162040E-18
4	0.00069210075904463	0.04999126715113500	0.03299218089531720	1.03738578829298E-18
5	0.04969471795787080	0.00711064274645959	0.03838987916654400	1.60627476896977E-18

Tabla 6.2.b. Torques del actuador del primer eslabón

Muestra	Torque del actuador 2 [N-m]			
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4
1	0.03298695371602810	0.03718246736308780	0.00304954832650231	1.79590442919537E-19
2	0.00429600714462580	0.01298109199158750	0.02600153633666480	1.64866257537314E-18
3	0.00675913969404529	0.01503851374831750	0.03032034013674070	2.11492844581020E-18
4	0.00050625529729427	0.03167012449722110	0.02525194008593790	5.18692894146489E-19
5	0.03723610728297570	0.00720185985062542	0.01919511632887550	8.03137384484886E-19

Tabla 6.2.c. Torques del actuador del segundo eslabón

Muestra	Características de la solución			
	Aptitud	Precisión	Generaciones	T. de cálculo [s]
1	0.9793568007	0.0069731480	130	33.658
2	0.9774655177	0.0099654746	997	253.003
3	0.9855072616	0.0089829731	1637	440.881
4	0.9599252074	0.0015463757	1172	293.979
5	0.9894741695	0.0098039555	4555	1146.486

Tabla 6.2.d. Características de las soluciones obtenidas

6.1.3. Experimento 3

Al igual que en los experimentos anteriores, para el tercer experimento se tomaron cinco muestras con un factor de mutación de 1,000, sin embargo, el valor para la condición de finalización del algoritmo considerado en este caso fue de 0.001. Los resultados obtenidos se muestran en las tablas 6.3.a a 6.3.d.

Muestra	Intervalos de tiempo [s]				
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4	T. de proceso
1	0.0371189117	0.3317146301	0.5545301437	0.4255151748	1.3488788604
2	0.3710355758	0.0722923278	2.1317949295	0.1036491394	2.6787719726
3	0.4559583663	0.0202589035	0.2339944839	0.2936697006	1.0038814544
4	0.1471815109	0.2246141433	0.3272199630	0.0291175842	0.7281332015
5	0.1967325210	0.2352285385	0.1238346099	0.2901201248	0.8459157943

Tabla 6.3.a. Intervalos de tiempo de los transitorios

Muestra	Torque del actuador 1 [N-m]			
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4
1	0.04806042756852320	0.01468622738067520	0.00438784671717932	1.69830092760866E-19
2	0.04937420998311850	0.01260833620096460	0.00727759881730653	1.47799588117010E-19
3	0.04998238212251660	0.03850447754930420	0.02272634504910120	2.20862780733344E-18
4	0.04995608977291190	0.00484202130623157	0.04688839732925040	4.40833186595037E-18
5	0.03417452602686430	0.01935240659534040	0.04991263747335980	3.44010513021026E-18

Tabla 6.3.b. Torques del actuador del primer eslabón

Muestra	Torque del actuador 2 [N-m]			
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4
1	0.03604503264438870	0.01151690397991740	0.00231861179576720	8.49150463804333E-20
2	0.03424716515202490	0.01220077756280720	0.00361865783666945	7.38997940585051E-20
3	0.03168714861149520	0.03036459713776400	0.01296899235864960	1.10431390366672E-18
4	0.03738735578193920	0.00591437091942246	0.02351028669357980	2.20416593297519E-18
5	0.02554955790155460	0.01023983813336650	0.03245078578849170	1.72005256510513E-18

Tabla 6.3.c. Torques del actuador del segundo eslabón

Muestra	Características de la solución			
	Aptitud	Precisión	Generaciones	T. de cálculo [s]
1	0.9753807245	0.0008925149	442	114.33
2	0.9640121902	0.0009466893	1250	340.193
3	0.9873810103	0.0009743483	3544	930.15
4	0.9907226940	0.0009865669	6768	1759.458
5	0.9890766024	0.0003245847	1238	324.285

Tabla 6.3.d. Características de las soluciones obtenidas

6.1.4. Experimento 4

Se tomaron únicamente dos muestras, con un valor para la condición de finalización de 0.001, así como un factor de mutación de 1,000, sin embargo, para la primera de ellas se consideró al punto $(0,0)[m]$ como la posición inicial del recorrido, y al punto $(0.4,0)[m]$ como la posición final del mismo; en cambio, para la segunda muestra, se consideró al punto $(0.4,0)[m]$ como la posición inicial de la trayectoria, y al punto $(0,0.4)[m]$ como la posición final de la misma. En las figuras 6.3 y 6.4 pueden apreciarse los lugares geométricos de las trayectorias.

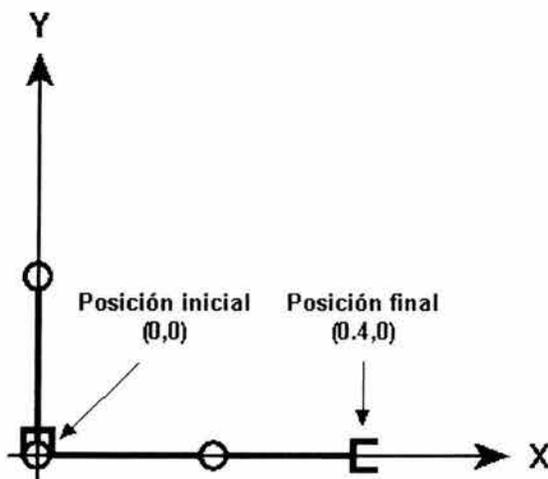


Figura 6.3. Trayectoria (experimento 4-1)

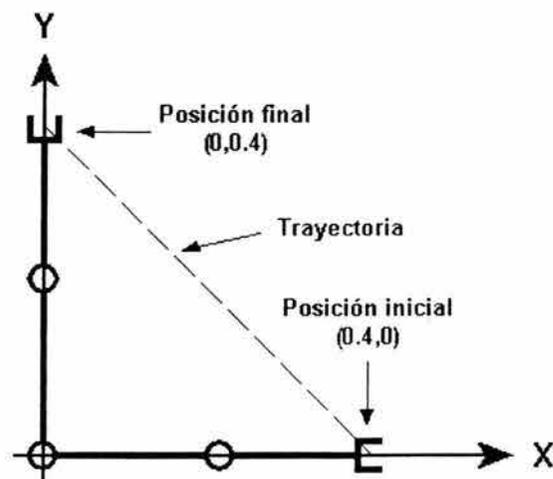


Figura 6.4. Trayectoria (experimento 4-2)

Tomando en cuenta la geometría y dimensiones del robot puede observarse que, en ambos ensayos, las posiciones de inicio y fin de la trayectoria corresponden a configuraciones singulares del manipulador. Para el primer ensayo, el lugar geométrico de la trayectoria se encuentra sobre el eje de las abscisas. En el segundo ensayo, el lugar geométrico de la trayectoria se encuentra representado por una línea diagonal que une los puntos inicial y final. Los resultados obtenidos se muestran en las tablas 6.4.a a 6.4.d..

Muestra	Intervalos de tiempo [s]				T. de proceso
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4	
1	0.3602581024	0.2560338973	0.0095005035	1.3875141143	2.0133066177
2	0.3326311111	0.5869455337	1.6866836547	5.0685071945	7.6747674942

Tabla 6.4.a. Intervalos de tiempo de los transitorios

Muestra	Torque del actuador 1 [N-m]			
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4
1	0.04754937062538840	0.04986041917514230	0.006240048384070260	1.01564502455113E-10
2	0.03336664257394520	0.00111974391681224	0.000126601466868749	1.55325015163575E-11

Tabla 6.4.b. Torques del actuador del primer eslabón

Muestra	Torque del actuador 2 [N-m]			
	Transitorio 1	Transitorio 2	Transitorio 3	Transitorio 4
1	0.03341094732076510	0.02989933990738200	0.007797868347571100	2.89722997858486E-11
2	0.01370979470788160	0.00142695872108851	2.78070397013452E-05	3.46312310755874E-12

Tabla 6.4.c. Torques del actuador del segundo eslabón

Muestra	Características de la solución			
	Aptitud	Precisión	Generaciones	T. de cálculo [s]
1	0.9742753439	0.0009854513	23445	6658.784
2	0.8375319766	0.0000000000	1437	369.815

Tabla 6.4.d. Características de las soluciones obtenidas

6.2. Análisis de resultados

Los datos que arrojaron los experimentos representan una gran cantidad de información, la cual aparentemente no dice mucho acerca del funcionamiento del algoritmo genético, además de que resulta ser un poco confusa debido a que pareciera no existir algún tipo de relación entre los datos que salte a la vista, salvo el hecho de que se encuentran agrupados de acuerdo al experimento al que pertenecen. Para facilitar la comprensión de los datos, a continuación se presenta

un análisis comparativo de los resultados mostrados en tablas 6.1.d, 6.2.d, y 6.3.d, el cual permitirá observar el comportamiento del algoritmo genético bajo distintos valores de precisión, así como determinar si existe una auténtica convergencia hacia algún valor en particular. Si en verdad existiera una convergencia, podría decirse en primera instancia que el algoritmo genético funciona correctamente, y, dependiendo de los resultados obtenidos, que el valor hacia el cual converge se aproxima al óptimo. Posteriormente se presentará el análisis del experimento 4, el cual tiene como objetivo investigar el comportamiento de las soluciones que proporciona el algoritmo genético cuando la trayectoria involucra configuraciones singulares del manipulador.

6.2.1. Análisis comparativo de los resultados de los experimentos 1 – 3

En la Figura 6.5 se muestra el *valor promedio de tiempo de proceso* correspondiente a cada uno de los tres primeros experimentos. Puede observarse que, conforme se hace más pequeño el valor para la condición de finalización, disminuye el tiempo total de recorrido de la trayectoria. También se aprecia que la diferencia de promedios entre un experimento y otro se hace cada vez más pequeña, lo que permite suponer que para condiciones de finalización de 0.0001, 0.00001, etc., los valores promedio de tiempo de proceso tenderán a ser muy similares, lo cual es un indicio de que efectivamente el algoritmo está convergiendo hacia un valor. Por otro lado, se esperaba que el algoritmo genético encontrara soluciones que representaran tiempos de proceso pequeños. En la gráfica se observa que, para la trayectoria considerada en los tres primeros experimentos, los tiempos de proceso promedio oscilan entre 1.3 y 2.6 segundos según el valor de la condición de finalización, lo cual es bastante razonable si se toma en cuenta que el tiempo de proceso máximo permitido para que el manipulador cubra la distancia total de recorrido es de aproximadamente 1 minuto.

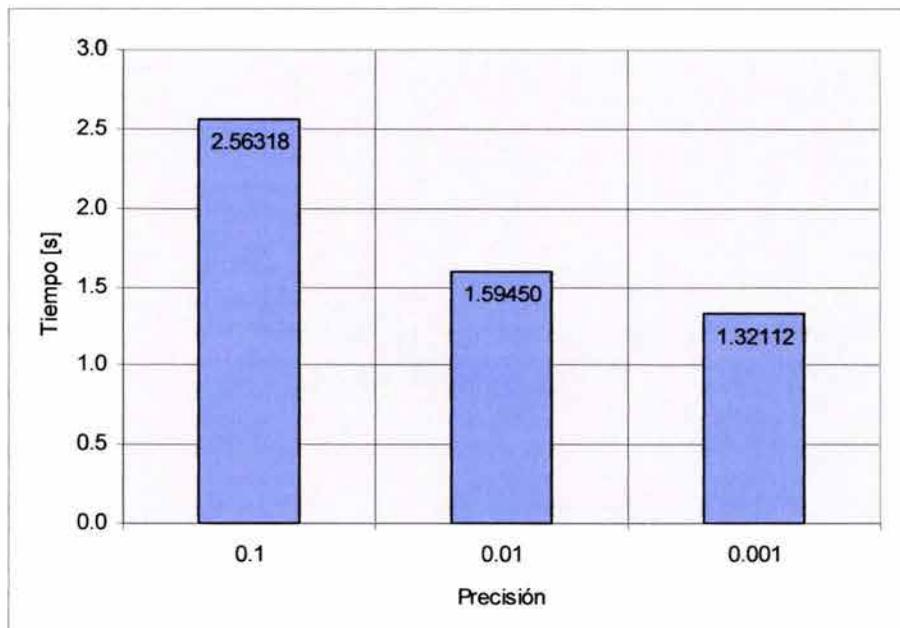


Figura 6.5. Valor promedio del tiempo de proceso

En la Figura 6.6. se muestra el *valor promedio de tiempo de cálculo*, y se observa que conforme disminuye el valor de la condición de finalización, aumenta también el tiempo de cálculo necesario. En la gráfica se aprecia que el tiempo de cálculo promedio² oscila entre casi 1 minuto y 11.6 minutos, dependiendo nuevamente de la condición de finalización, lo cual indica que la computadora tarda realmente poco tiempo en encontrar una solución, considerando el tamaño del espacio muestral.

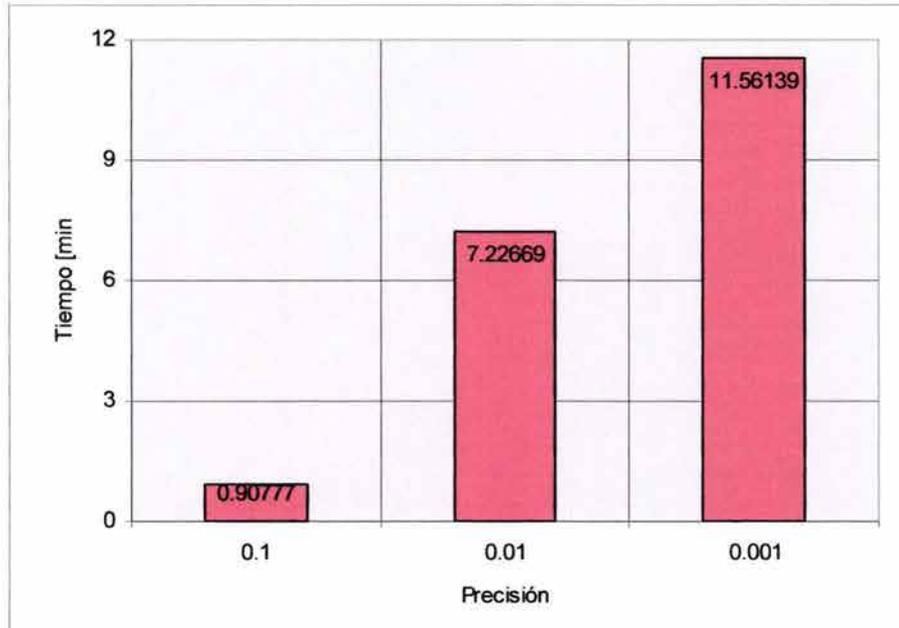


Figura 6.6. Valor promedio del tiempo de cálculo

En la Figura 6.7 se muestra el *valor de la aptitud promedio* correspondiente a cada uno de los tres primeros experimentos. Se observa que, conforme disminuye el valor de la condición de finalización, aumenta también el valor de la aptitud de las soluciones encontradas, aunque dicho incremento es cada vez más pequeño. Al analizar el comportamiento de la gráfica podría decirse que, para efectos prácticos, no es imprescindible realizar ensayos con condiciones menores a 0.001, en virtud de que, por un lado, la aptitud de las soluciones obtenidas no sería muy diferente a la que podría obtenerse con una condición de finalización de 0.001, y por otro lado, el tiempo de cálculo sí se incrementaría considerablemente.

² En las tablas de resultados se observa que, para un mismo experimento, los tiempos de cálculo para cada ensayo son muy diferentes entre sí. Es importante recordar que el algoritmo genético lleva a cabo un proceso estocástico en el que diversos factores como la primera generación de individuos, la selección de cromosomas, los cruzamientos, y las mutaciones afectan el tiempo que le toma a la computadora encontrar una solución. Por lo tanto, no es posible obtener el mismo tiempo de cálculo en cada corrida del programa, aún cuando se consideren los mismos parámetros, ya que esto implicaría que todos los procesos involucrados en el algoritmo genético se desarrollaran de manera idéntica en cada corrida. En conclusión, la Figura 6.6 indica únicamente que entre menor sea el valor de la condición de finalización, mayor será el tiempo de cálculo, sin embargo, para tener una idea precisa de esta variación de tiempo, es necesario realizar un número considerablemente mayor de ensayos para obtener valores promedio más representativos.

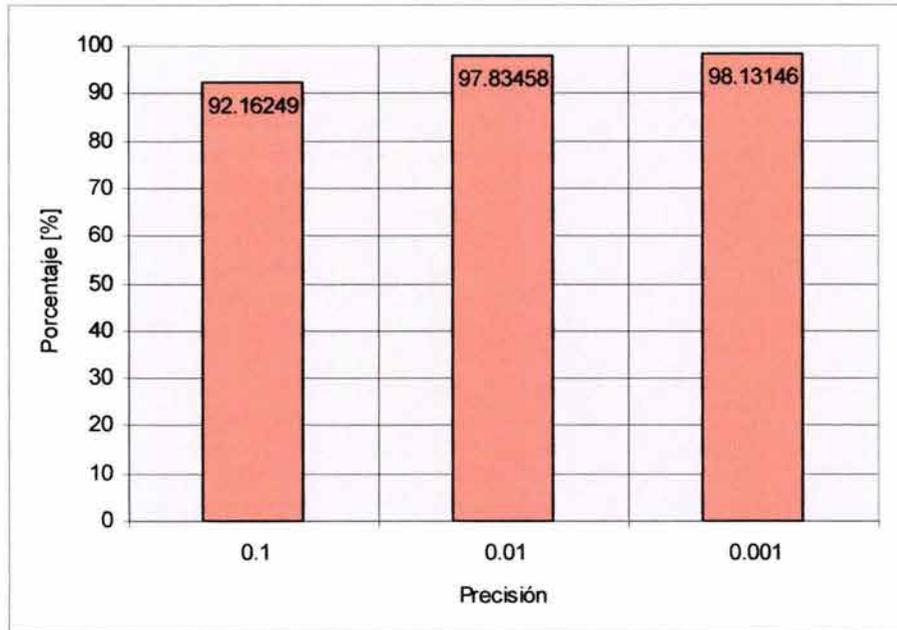


Figura 6.7. Valor promedio de la aptitud

En la Figura 6.8 se muestra el *valor promedio del número de generaciones* transcurridas hasta encontrar la solución, correspondiente a cada uno de los primeros tres experimentos. Los resultados mostrados en la gráfica son análogos a los que se muestran en la Figura 6.6; de hecho puede verse que, proporcionalmente, las gráficas son casi idénticas. Como era de esperarse, conforme disminuye el valor de la condición de finalización, se incrementa también el número de generaciones (tiempo) que le toma al algoritmo genético encontrar la solución óptima.

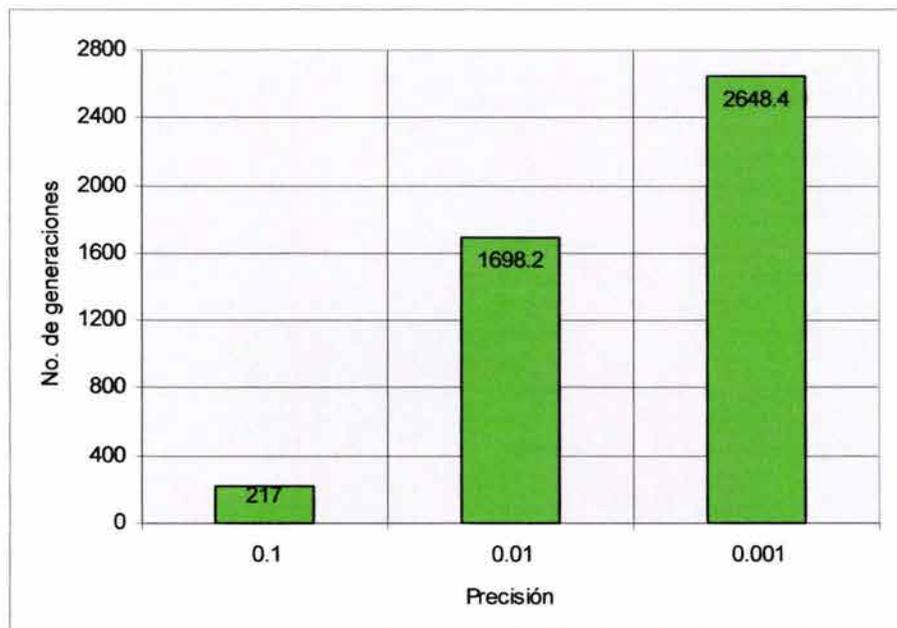


Figura 6.8. Valor promedio del número de generaciones

El estudio comparativo mostrado anteriormente muestra un panorama general del comportamiento del algoritmo genético, sin embargo, no proporciona información detallada acerca de las soluciones (unas aparentemente mejores que otras) obtenidas en los primeros tres experimentos. Por el momento, no es posible afirmar que los resultados proporcionados por el algoritmo genético corresponden a perfiles de trayectoria óptimos para la trayectoria propuesta en las tres primeras pruebas. Para resolver este problema, es necesario analizar detalladamente cada uno de los perfiles de trayectoria propuestos, y una forma de hacerlo es visualizando precisamente la forma que tienen dichos perfiles, como se presenta a continuación.

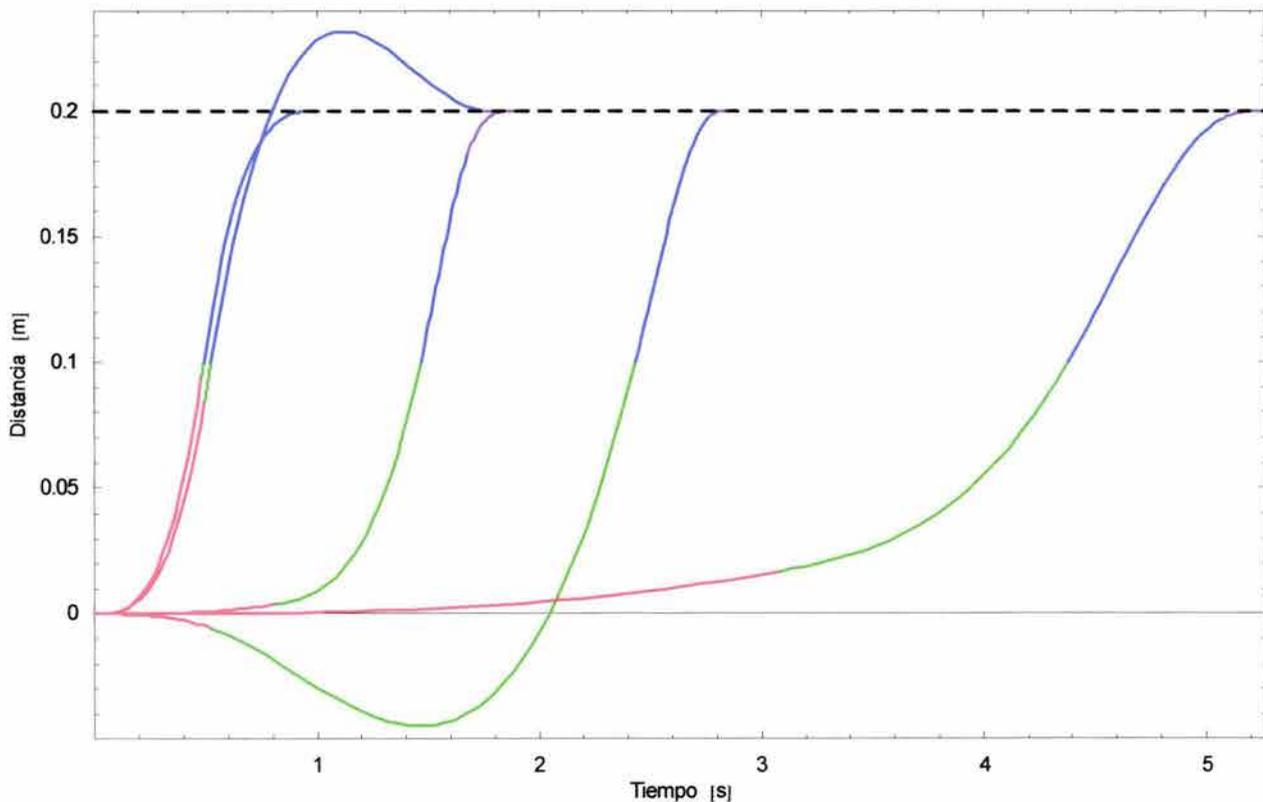


Figura 6.9. Perfiles de trayectoria (Experimento 1)

En la Figura 6.9 se muestran los cinco perfiles de trayectoria³ correspondientes a cada una de las muestras del primer experimento. La línea punteada corresponde a la distancia total recorrida por el manipulador. Puede observarse que los perfiles están formados por curvas suaves, de acuerdo lo establecido en el objetivo de esta tesis. Algunos de ellos se encuentran más cerca entre sí que otros; esto debido al tiempo de proceso de cada perfil. Se aprecia también que, en general, el intervalo de tiempo del último transitorio de cada perfil

³ Para graficar los perfiles de trayectoria se utilizó el paquete *Mathematica*. Empleando los intervalos de tiempo obtenidos en cada muestra, pueden calcularse los coeficientes de los polinomios resolviendo el sistema lineal. Finalmente se grafica el polinomio como una función de una sola variable.

es muy pequeño comparado con los demás. Por otro lado, aparecen también dos “anomalías”⁴ interesantes. La primera de ellas corresponde a la muestra 1, en la cual una parte del tercer transitorio se encuentra por encima de la línea punteada. Este hecho implica que el manipulador (ver Figura 6.2), al recorrer la trayectoria, pasaría de largo la posición final para luego regresar a ella, cubriendo así una distancia mayor a la necesaria, lo cual no tiene sentido. La segunda anomalía corresponde a la muestra 2, donde una parte del segundo transitorio se encuentra por debajo del eje de las abscisas. Al igual que en el primer caso, el manipulador tendría que recorrer una distancia más grande, ya que éste partiría de la posición inicial en dirección contraria, para luego regresar, pasando de nuevo por la posición inicial, y posteriormente terminar el recorrido, lo cual también carece de sentido.

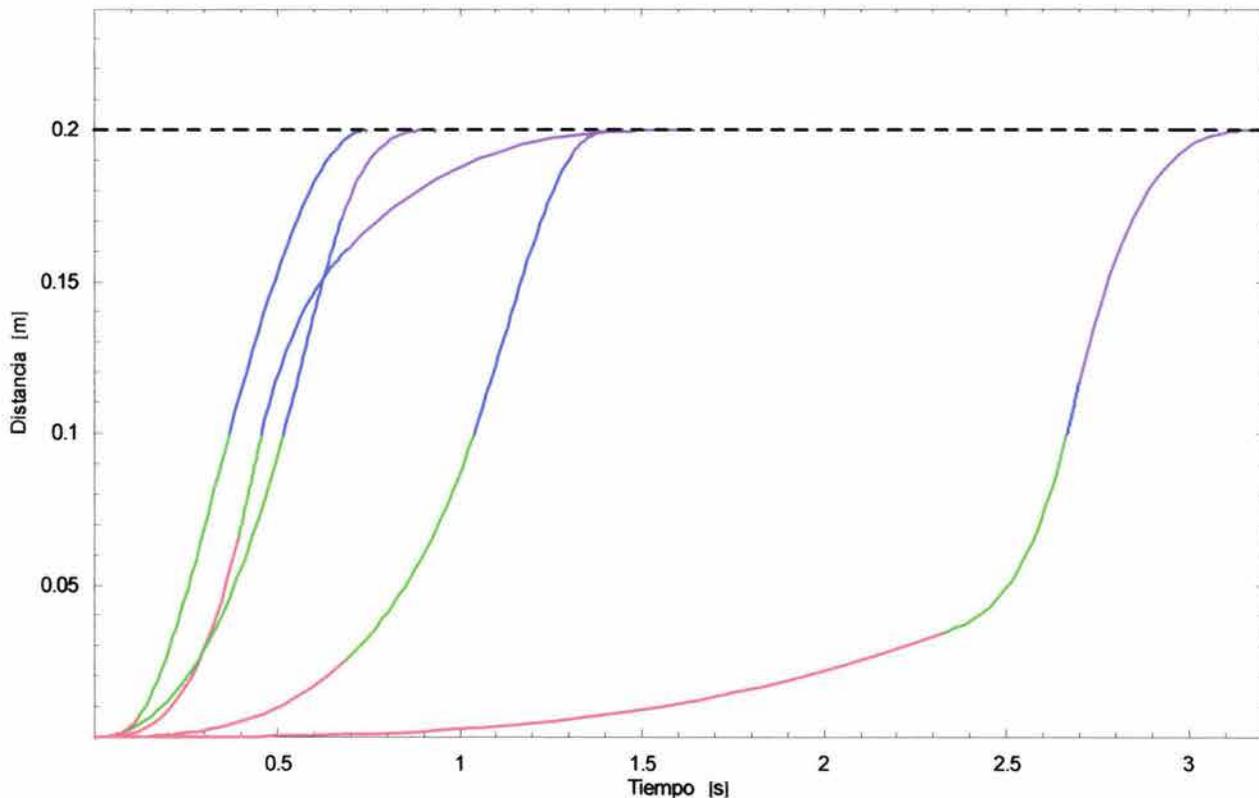


Figura 6.10. Perfil de trayectoria (Experimento 2)

En la Figura 6.10 se muestran los distintos perfiles de trayectoria correspondientes a cada una de las muestras del segundo experimento. Es interesante observar, en este caso, la inexistencia de algún tipo de anomalía, lo cual garantiza que las soluciones son apropiadas en el sentido de que para cualquiera de las soluciones el manipulador recorrería siempre la distancia mínima entre el punto inicial y el punto final del recorrido; la única diferencia corresponde a

⁴ Este tipo de anomalías no pueden ser detectadas por el algoritmo genético en virtud de que éste no evalúa la distancia recorrida en cada punto del perfil de trayectoria, sino únicamente en los puntos k_2 , k_3 , k_4 , y k_5 (ver Figura 4.2).

los tiempos de proceso. Además, el comportamiento del algoritmo genético comienza a hacerse más claro. Pareciera haber una tendencia de agrupamiento de los perfiles del lado izquierdo de la gráfica, lo que indica que las soluciones comienzan a ser similares. En otras palabras, pareciera que el algoritmo empieza a converger hacia un valor en particular.

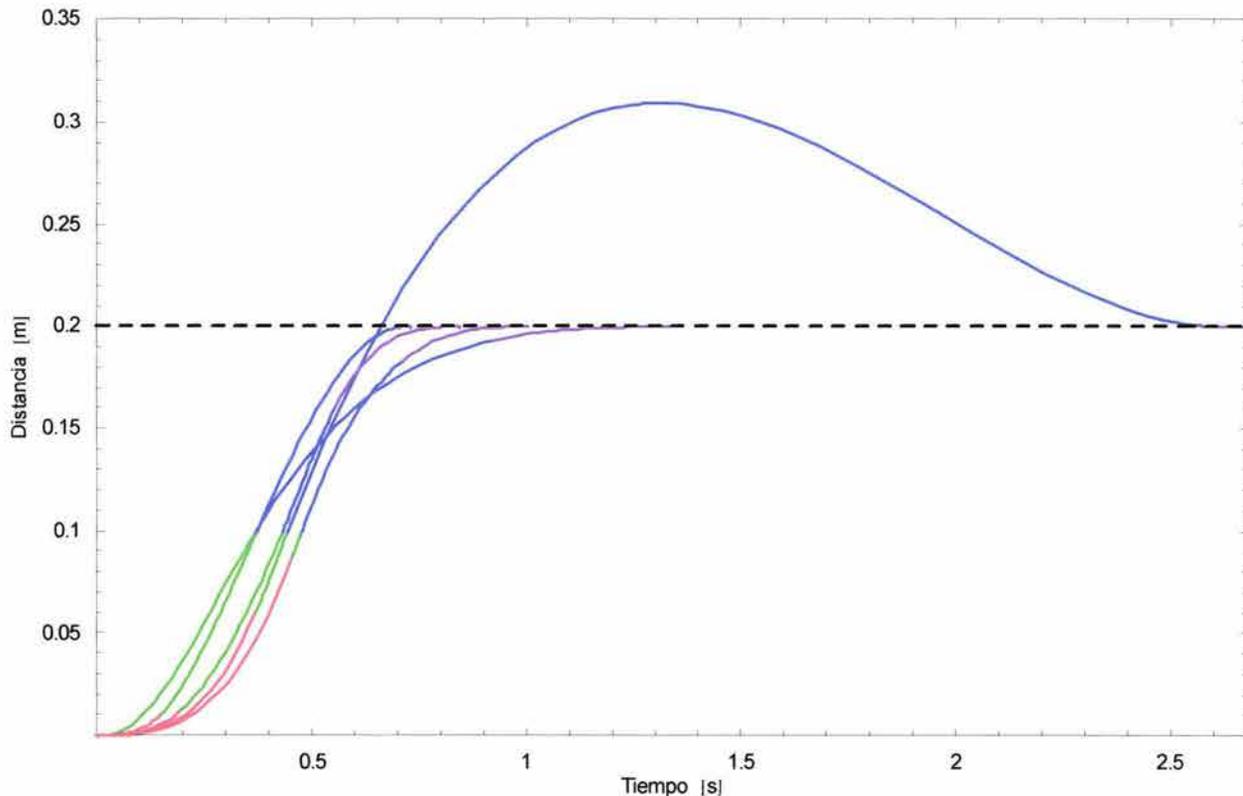


Figura 6.11. Perfil de trayectoria (Experimento 3)

En la Figura 6.11 se muestran los distintos perfiles de trayectoria correspondientes a cada una de las muestras del tercer experimento. En este caso aparece nuevamente una anomalía que corresponde a la muestra 2, la cual es del mismo tipo que la muestra 1 del primer experimento, y de igual forma carece de sentido. Por otro lado, el resto de las soluciones son adecuadas, y la tendencia de agrupamiento se hace todavía más evidente. En este punto puede afirmarse que existe una verdadera convergencia hacia un valor, sin embargo, ¿cuál es ese valor? Ya en el segundo experimento se había obtenido una solución muy buena, que representaba un tiempo de recorrido de aproximadamente 0.7444 segundos (ver tabla 6.2.a), sin embargo, de acuerdo a la tabla 6.3.a, el tiempo de proceso de la muestra 4 es de aproximadamente 0.7281 segundos, lo cual es todavía más pequeño. Es poco probable que aún realizando pruebas con valores para la condición de finalización de 0.0001 o más pequeños se encuentren soluciones que representen tiempos de proceso más cortos, y aunque se llegaran a encontrar, éstos serían muy probablemente más pequeños por tan sólo unas cuantas milésimas o diezmilésimas de segundo, así que podría suponerse que el valor hacia el cual está convergiendo el algoritmo genético se

encuentra alrededor de los 0.7 segundos, sin embargo, para efectos prácticos se considerará a la muestra 4 del tercer experimento como un posible⁵ perfil de trayectoria óptimo para la trayectoria planteada en los tres primeros experimentos.

Para analizar con más detalle las características de la solución representada por la muestra 4, en la Figura 6.12 se muestra una ampliación del *perfil de posición*, donde se aprecia cómo éste está formado por curvas suaves. Es interesante notar cómo en buena parte de los transitorios 2 y 3 la variación de la posición es casi lineal. Por otro lado, en la Figura 6.13 se muestra el *perfil de velocidad* donde puede verificarse cómo efectivamente los estados de inicio y fin del recorrido son estáticos, es decir, las velocidades en dichos puntos son igual a cero. De igual forma, en la Figura 6.14 se muestra el *perfil de aceleración* donde se aprecia que las aceleraciones al inicio y al final del recorrido son también iguales a cero.

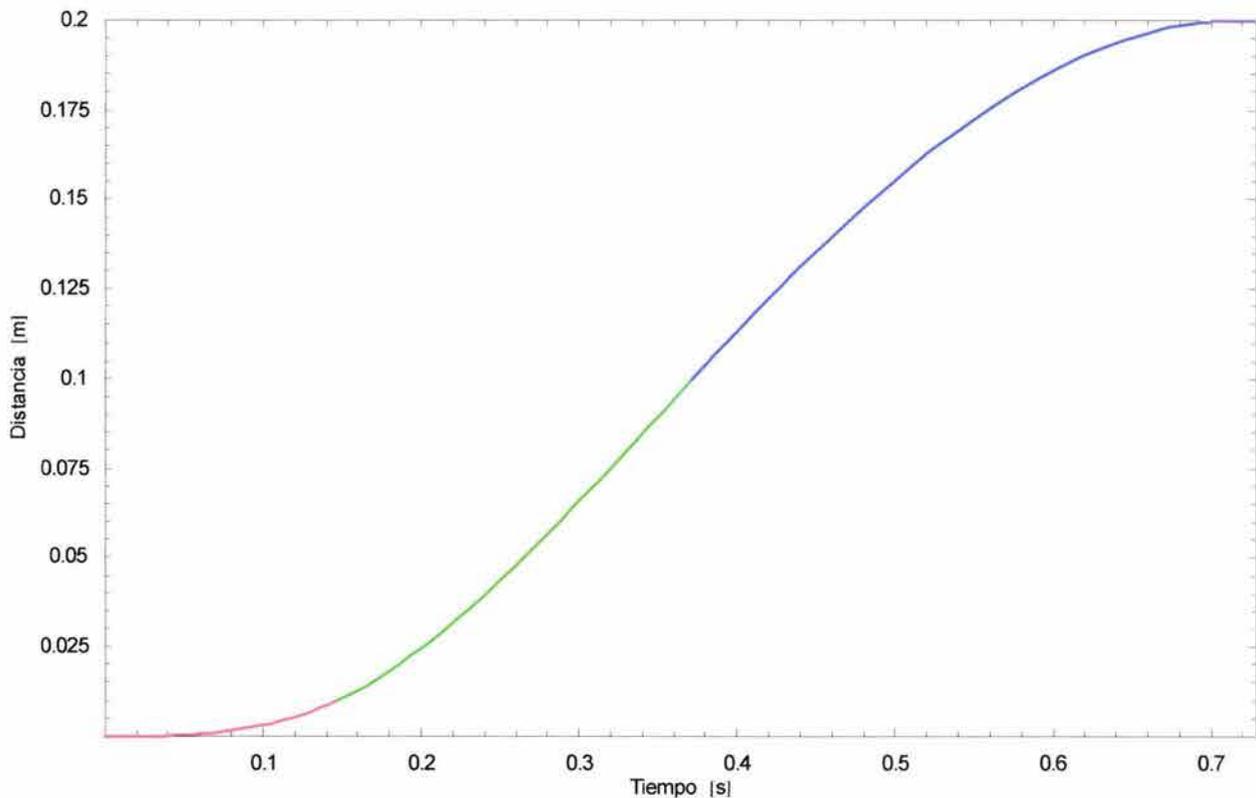


Figura 6.12. Perfil de posición (Muestra 4 – Experimento 3)

⁵ Es importante recordar que el algoritmo genético pretende optimizar dos factores críticos en el recorrido de una trayectoria: el tiempo de proceso y los pares motrices. Las gráficas de los perfiles de trayectoria permiten apreciar tan sólo uno de estos factores: el tiempo de proceso, por lo que la convergencia que se aprecia en la Figura 6.11 tiende a una solución óptima con el menor tiempo de proceso posible, sin embargo, en virtud de que no se aprecia el comportamiento de los pares motrices para los perfiles de trayectoria mostrados, no es posible afirmar todavía que aquellos perfiles que presentan una forma "adecuada" representen soluciones óptimas, ya que no se sabe aún si tienen, de igual forma, un comportamiento "adecuado" en cuanto a los pares motrices, aunque se espera que sea así.

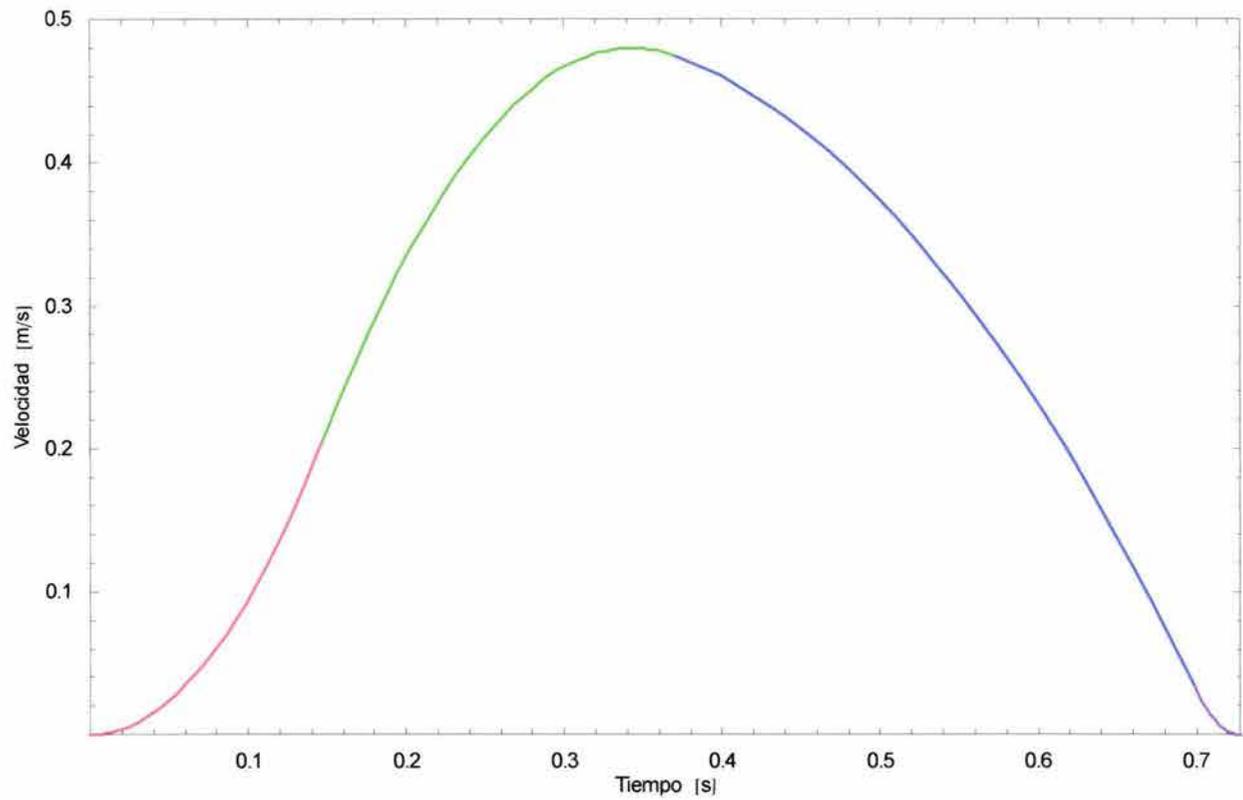


Figura 6.13. Perfil de velocidad (Muestra 4 – Experimento 3)

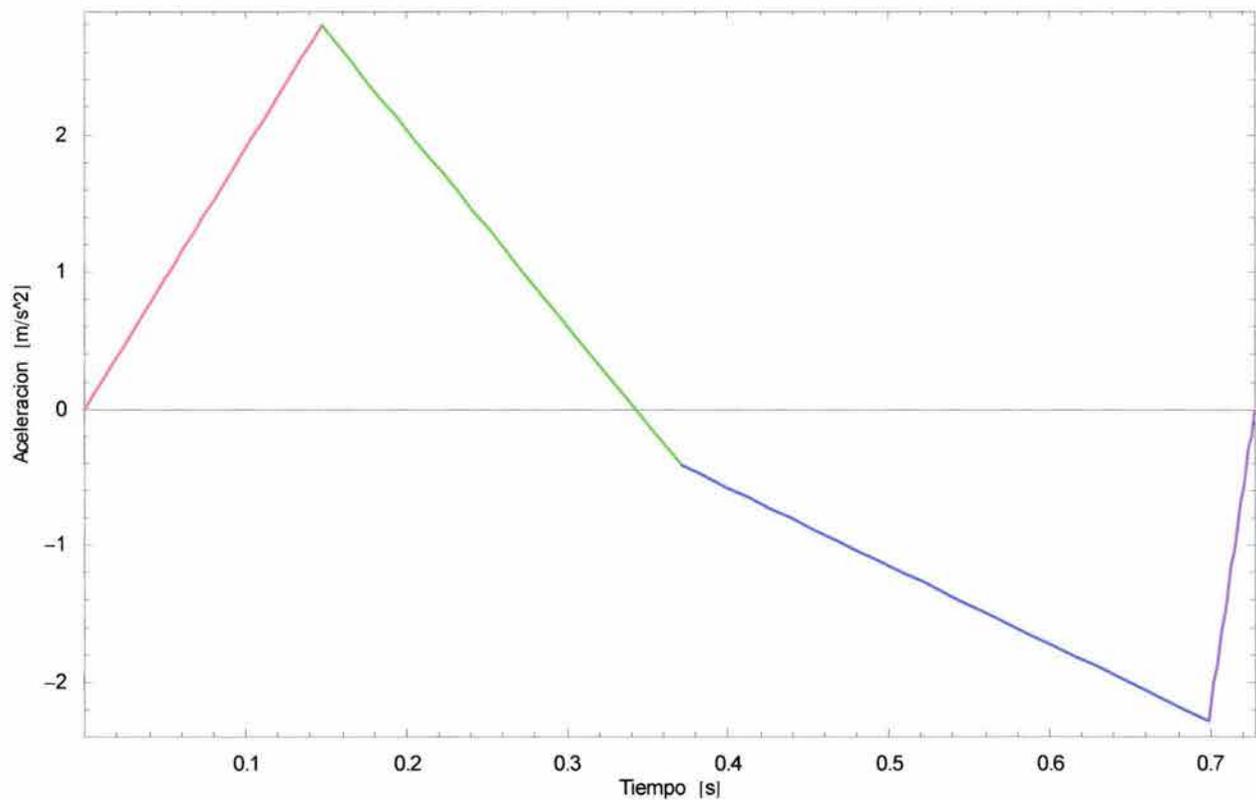


Figura 6.14. Perfil de aceleración (Muestra 4 – Experimento 3)

Como se acaba de mostrar, el análisis de la forma de los perfiles de trayectoria ha permitido seleccionar una posible solución óptima al problema planteado en los primeros tres experimentos. Para verificar finalmente que la muestra 4 del tercer experimento es en realidad una solución óptima, es necesario observar el comportamiento de los actuadores a lo largo del recorrido de la trayectoria. Si en algún punto de la trayectoria se ven forzados los actuadores a exceder su torque nominal de operación, se tendría que descartar a la muestra 4 como solución óptima, y tendría que elegirse alguna otra muestra como posible solución. En las Figuras 6.15 y 6.16 se muestra el desarrollo de los pares⁶ motrices 1 y 2 respectivamente, a lo largo de todo el tiempo de proceso.

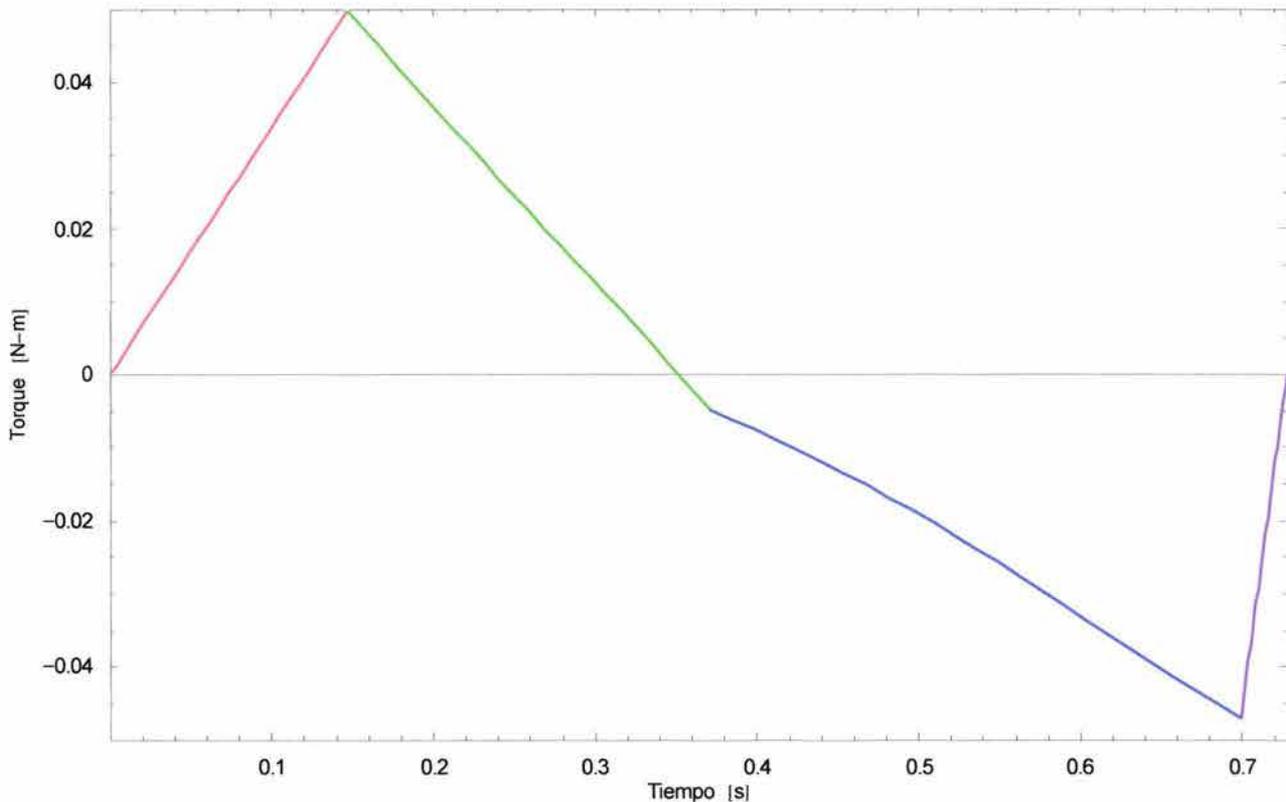


Figura 6.15. Par motriz 1 (Muestra 4 – Experimento 3)

Para el primer actuador se observa que tanto al término del primer transitorio, como al término del tercer transitorio, se alcanzan valores absolutos de torque $\tau_1 = 0.0499561 [N-m]$ y $\tau_1 = 0.0468884 [N-m]$ respectivamente (ver Tabla 6.3.b). Ambos valores de par se encuentran por debajo del valor de torque nominal, aunque son casi iguales a él, lo cual garantiza, por un lado, que el motor no se quemará, y, por otro lado, que el motor operará casi al 100% de su capacidad en al menos dos puntos del recorrido.

⁶ Al igual que en el caso de los perfiles de trayectoria, para graficar los pares motrices se empleó el paquete *Mathematica*, así como las ecuaciones de los torques obtenidas para un manipulador serial plano 2-GDL (ver Capítulo 3). Es importante mencionar que los datos que se aprecian en las gráficas pueden variar ligeramente respecto a los resultados de las Tablas 6.3.b y 6.3.c para la muestra 4 debido a errores de precisión en los cálculos.

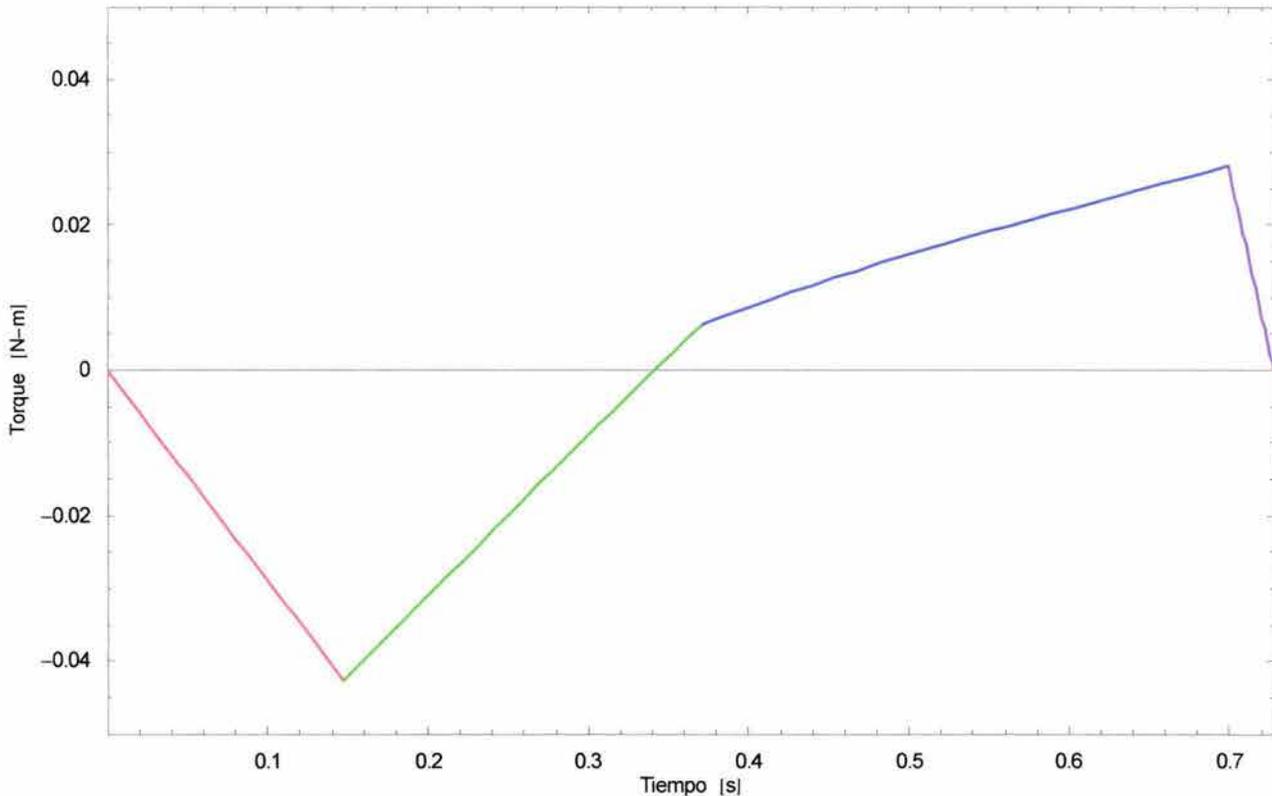


Figura 6.16. Par motriz 2 (Muestra 4 – Experimento 3)

Para el segundo actuador se observa que al término del primer transitorio se alcanza el valor absoluto máximo de torque $\tau_2 = 0.0373874 [N - m]$ (ver Tabla 6.3.c), aunque en la gráfica se aprecia un valor ligeramente más grande ($\tau_2 \cong 0.042 [N - m]$), lo que representa un 74% del par nominal. Este resultado es bueno, ya que garantiza que el motor 2 no se quemará, y que utilizará una buena parte de su capacidad de torque. Como era de esperarse, los valores de torque para el segundo actuador son más pequeños en comparación con los del primer actuador, en virtud de que el motor 1 es el que carga con todo el peso del manipulador.

Después de todos los análisis realizados, en este momento puede afirmarse que efectivamente la muestra 4 puede considerarse como una solución óptima a la trayectoria planteada en los tres primeros experimentos, en virtud de que dicha solución representa el tiempo de proceso más pequeño de entre todas las soluciones encontradas, y garantiza que ninguno de los actuadores se verá forzado a operar por encima del límite de sus capacidades. Además, el torque del actuador 1 alcanza valores durante el recorrido prácticamente iguales a su capacidad nominal, y el actuador 2 también utiliza gran parte de su capacidad. En resumen, la muestra 4 cumple con el objetivo de esta tesis que consiste en optimizar el tiempo de proceso, así como los pares motrices de los actuadores del manipulador.

6.2.2. Análisis de los resultados del experimento 4

Para el cuarto experimento se consideraron dos trayectorias que involucraban configuraciones singulares del manipulador al inicio y al final del recorrido. En virtud de que se tomaron únicamente dos muestras, una para cada trayectoria, tendrían que considerarse dichas muestras, para efectos prácticos, como soluciones óptimas de las trayectorias correspondientes, sin embargo, el propósito de este experimento no es determinar cuál es el perfil de trayectoria óptimo para cada problema, ya que de ser así tendrían que tomarse una mayor cantidad de muestras, como se realizó para los experimentos anteriores. El verdadero propósito de esta prueba es estudiar el comportamiento del manipulador al aproximarse a configuraciones singulares durante el recorrido.

En las Figuras 6.17, 6.18, y 6.19 se muestran los perfiles de posición, velocidad, y aceleración respectivamente de la primera trayectoria. Puede observarse que el tercer transitorio es apenas perceptible en los perfiles de posición y de velocidad, debido a que su duración es muy pequeña (ver Tabla 6.4.a). Aparentemente no existe ningún tipo de anomalía en lo que respecta al perfil de trayectoria, por lo que resta únicamente verificar que dicho perfil corresponde a un comportamiento adecuado de los actuadores. En las Figuras 6.20 y 6.21 se muestra el desarrollo de los pares motrices 1 y 2 respectivamente a lo largo del recorrido de la trayectoria. Al inicio del recorrido, el desenvolvimiento de las gráficas es muy similar al de las gráficas de torque obtenidas en los tres experimentos anteriores, sin embargo, conforme el manipulador se acerca a la posición final, los torques comienzan a incrementarse bruscamente, hasta que en el momento donde se alcanza la configuración singular, éstos se indeterminan, es decir, se vuelven infinitos. Estos resultados concuerdan con los del análisis de las singularidades del modelo matemático del manipulador (ver Capítulo 3).

Por otro lado, en las Figuras 6.22, 6.23, y 6.24 se muestran los perfiles de posición, velocidad, y aceleración respectivamente de la segunda muestra. En este caso tampoco existe algún tipo de anomalía en lo que respecta al perfil de trayectoria, sin embargo, como se aprecia en las Figuras 6.25 y 6.26, los valores de los pares motrices al inicio y al final del recorrido se encuentran indeterminados. Estos resultados concuerdan nuevamente con los del análisis de las singularidades del modelo matemático del manipulador, e implican que el manipulador tendrá que exceder la capacidad nominal de torque de ambos actuadores tanto para comenzar el movimiento del manipulador como para detenerlo. Es importante resaltar también que durante el segundo transitorio, el par motriz del primer actuador alcanza un pico muy cercano a su capacidad nominal, sin embargo, este valor se encuentra a la mitad del transitorio por lo que no puede ser detectado por el algoritmo genético.

Los resultados anteriores indican que el manipulador no debe operar cerca de alguna configuración singular ya que cualquier tipo de solución propuesta presentará anomalías (valores indeterminados de torque).

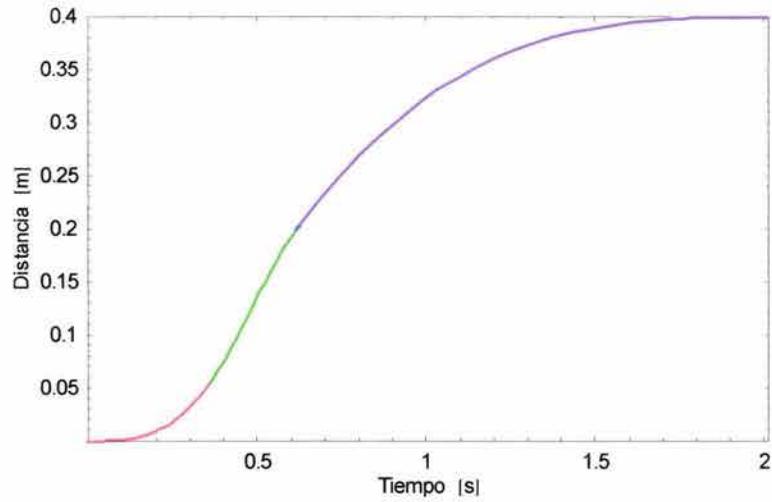


Figura 6.17. Perfil de posición (Muestra 1 – Experimento 4)

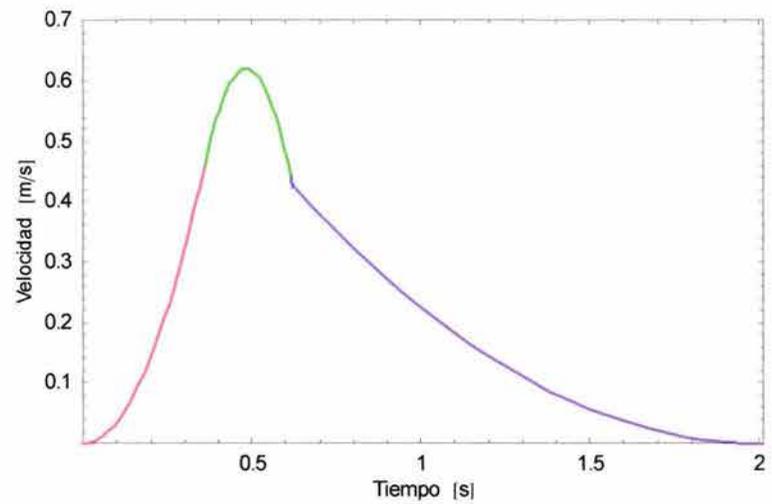


Figura 6.18. Perfil de velocidad (Muestra 1 – Experimento 4)

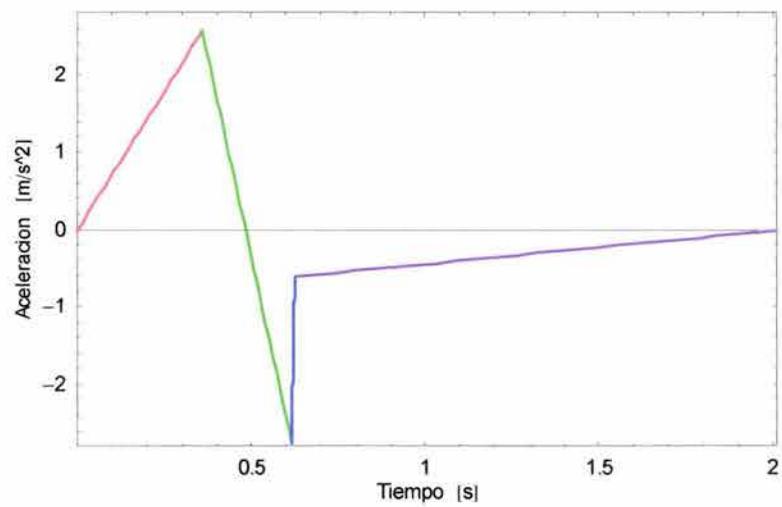


Figura 6.19. Perfil de aceleración (Muestra 1 – Experimento 4)

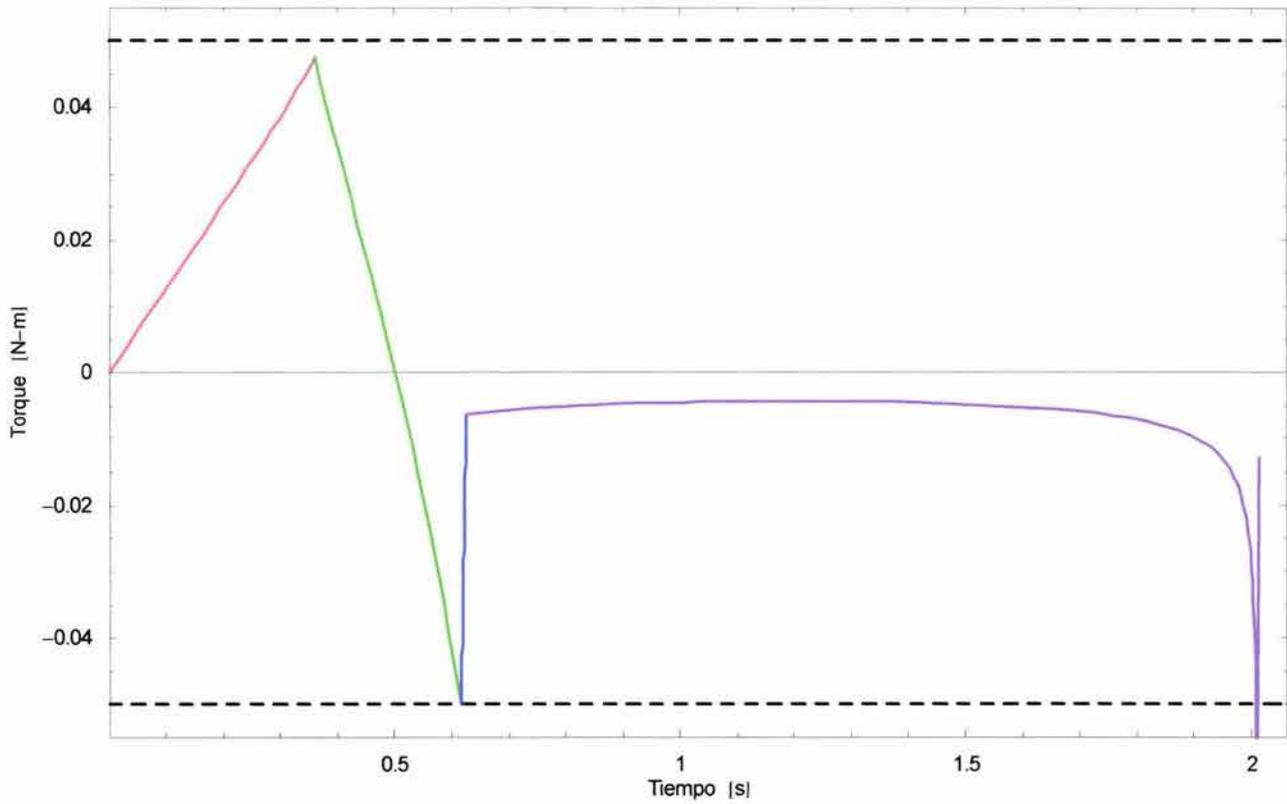


Figura 6.20. Par motriz 1 (Muestra 1 – Experimento 4)

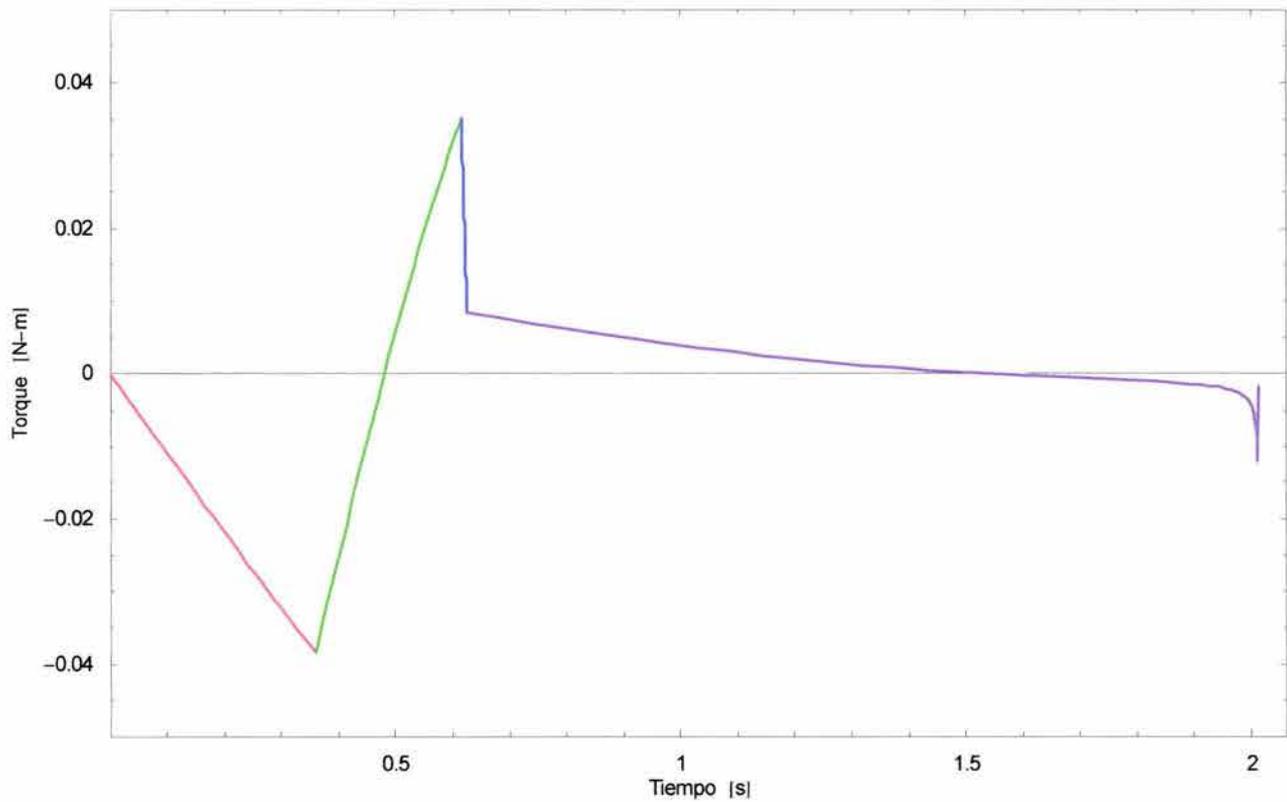


Figura 6.21. Par motriz 2 (Muestra 1 – Experimento 4)

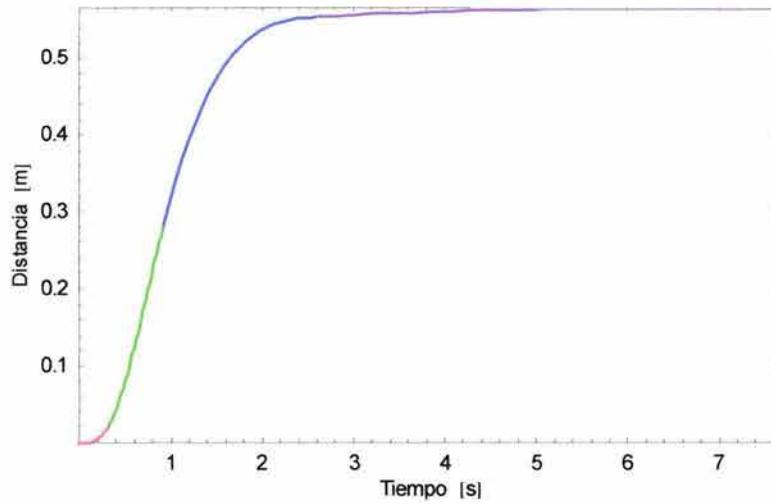


Figura 6.22. Perfil de posición (Muestra 2 – Experimento 4)

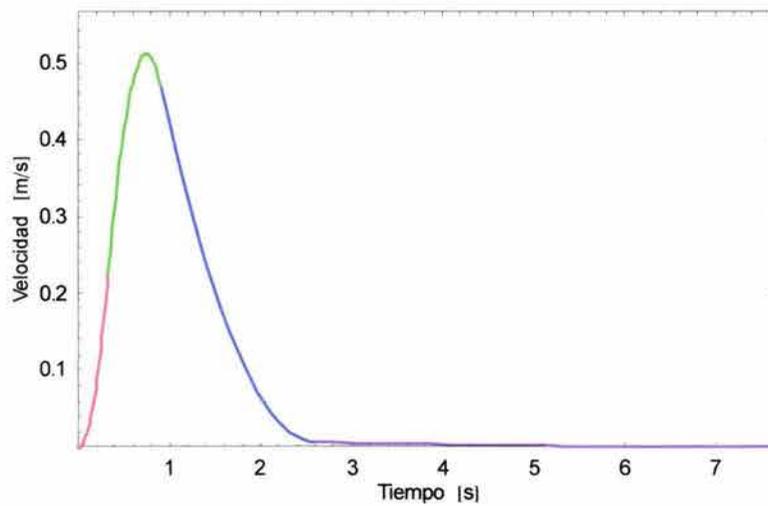


Figura 6.23. Perfil de velocidad (Muestra 2 – Experimento 4)

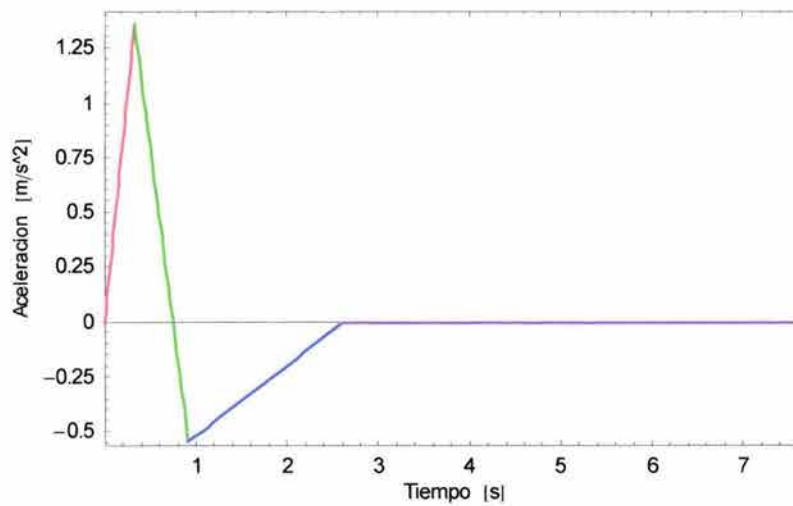


Figura 6.24. Perfil de aceleración (Muestra 2 – Experimento 4)

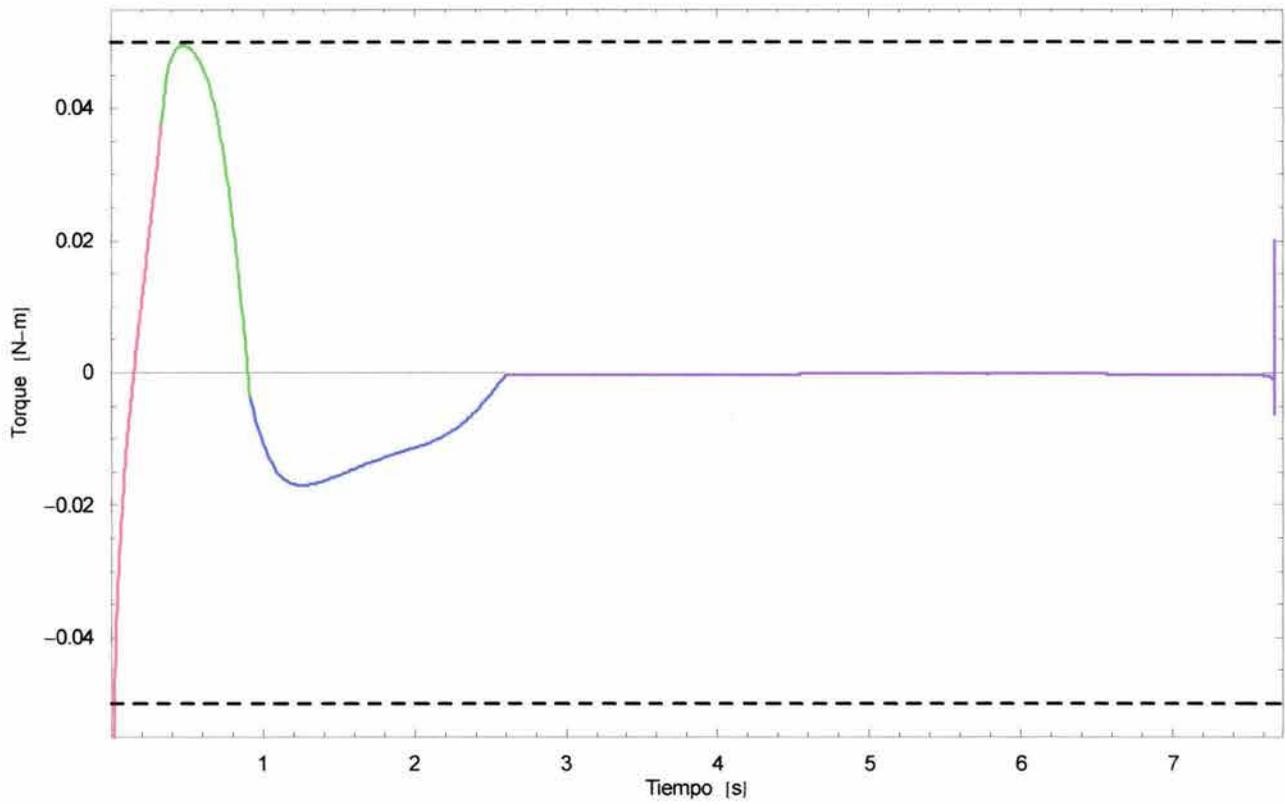


Figura 6.25. Par motriz 1 (Muestra 2 Experimento 4)

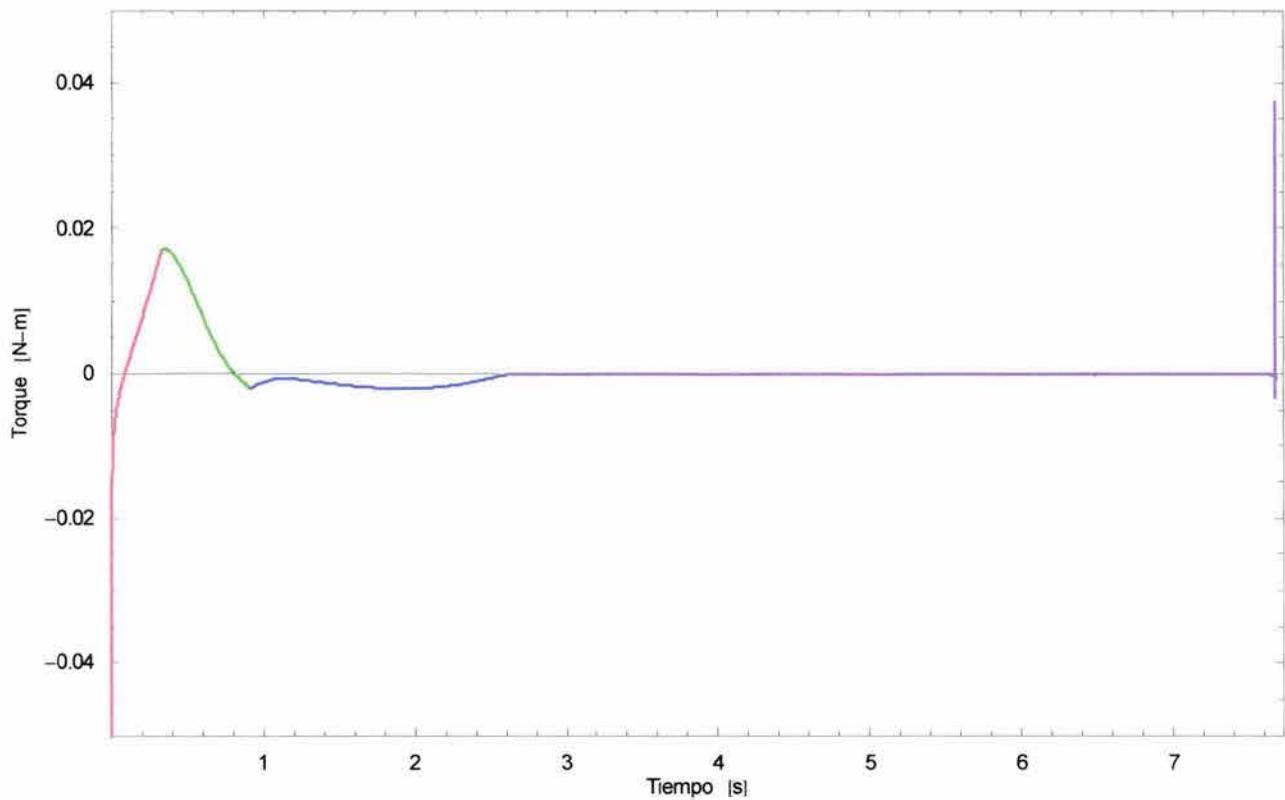


Figura 6.26. Par motriz 2 (Muestra 2 – Experimento 4)

7 Conclusiones

A manera de síntesis, y a partir del análisis de los resultados de los experimentos planteados en el Capítulo 6, se extraen los siguientes puntos:

- ✓ El algoritmo genético desarrollado para esta tesis efectivamente converge hacia un valor, lo que indica, en primer término, que el problema planteado en este trabajo es susceptible de ser analizado y resuelto mediante algoritmos evolutivos.
- ✓ La convergencia del algoritmo genético se manifiesta más claramente cuando el valor de la condición de finalización del programa es igual o menor a 0.001.
- ✓ La graficación de los perfiles de trayectoria indica movimientos “suaves” del manipulador.
- ✓ Independientemente de las características del problema planteadas por el usuario (salvo en el caso de configuraciones singulares del manipulador), todas aquellas soluciones proporcionadas por el algoritmo genético con condiciones de finalización de 0.001, 0.0001, o más pequeñas pueden considerarse en términos generales como soluciones óptimas.
- ✓ Los resultados que proporciona el algoritmo genético al analizar configuraciones singulares son consistentes con el modelo matemático del manipulador, lo que indica que la integración del modelo matemático al algoritmo genético se llevó a cabo de manera correcta.
- ✓ Existe una pequeña diferencia entre los valores de torque proporcionados por el algoritmo genético y aquellos que proporciona el software *Mathematica* al llevar a cabo la graficación de los resultados. Ambos programas emplean exactamente el mismo modelo matemático del manipulador. Al no encontrar ningún error aparente en la programación de dichos modelos se concluye que la diferencia de resultados se debe a la precisión numérica limitada de la computadora, y a la propagación de errores de redondeo durante la realización de los cálculos.
- ✓ De acuerdo a todo lo anterior puede decirse que se ha cumplido el objetivo planteado al inicio de esta tesis: *encontrar perfiles de trayectoria que representen movimientos “suaves”, así como los tiempos de proceso más cortos posibles.*

Finalmente, y para dar por terminada esta tesis, es importante señalar que existen algunas líneas de investigación que podrían seguirse posteriormente con el fin de continuar este trabajo, y ampliar su campo de acción. Entre estas nuevas propuestas de trabajo se encuentran:

- Mejorar el software desarrollado para esta tesis, de manera que filtre perfiles de trayectoria no válidos. Asimismo, incrementar la eficiencia del algoritmo para disminuir los tiempos de cálculo.
- Ampliar el modelo matemático del manipulador 2-GDL a un manipulador de tipo industrial 6-GDL.
- Construir el robot manipulador 2-GDL, y desarrollar un control basado en el modelo matemático del robot, empleando la estrategia de *par computado*, y que utilice como entrada los perfiles de trayectoria obtenidos por el algoritmo genético.

Bibliografía

- [1]. Beasley, D., Bull, D. R., Martin, R. R., *An Overview of Genetic Algorithms: Part 1, Fundamentals*, University Computing, Vol. 15, No.2, pp. 58-69, Whurr Publishers Ltd., London, 1993.
- [2]. Beasley, D., Bull, D. R., Martin, R. R., *An Overview of Genetic Algorithms: Part 2, Research Topics*, University Computing, Vol. 15, No.4, pp. 170-181, Whurr Publishers Ltd., London, 1993.
- [3]. Goldberg, D. E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley, Massachusetts, U.S.A., 1989.
- [4]. Holland, J. H., *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, MIT Press, Massachusetts, U.S.A., 2001.
- [5]. Juárez, I., *Apuntes de Robótica*, Facultad de Ingeniería, UNAM, México, 2000.
- [6]. Klug, W. S., Cummings, M. R., *Conceptos de Genética*, Prentice Hall, Madrid, España, 1999.
- [7]. Marsden, J. E., Tromba, A. J., *Cálculo Vectorial*, Addison-Wesley, Delaware, U.S.A., 1991.
- [8]. Michalewicz, Z., *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Springer-Verlag, Berlin, Germany, 1999.
- [9]. Mitchell, M., Forrest, S., *Genetic Algorithms and Artificial Life*, Working Paper #93-11-072, Santa Fe Institute, U.S.A., 1993.
- [10]. Ollero, A., *Robótica: Manipuladores y Robots Móviles*, Alfaomega, Barcelona, España, 2001.
- [11]. Solar, J., *Cinemática y Dinámica Básicas para Ingenieros*, Facultad de Ingeniería, UNAM, Trillas, 1991.
- [12]. Tsai, L. W., *Robot Analysis: The Mechanics of Serial and Parallel Manipulators*, John Wiley & Sons, New York, U.S.A., 1999.
- [13]. Yang, D., *C++ and Object-Oriented Numeric Computing for Scientists and Engineers*, Springer-Verlag, New York, U.S.A., 2001.