

01173



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO DE LA
FACULTAD DE INGENIERÍA

Búsqueda Evolutiva de la Mejor Trayectoria
Geométrica de un Manipulador.

T E S I S

Que para obtener el grado de:
MAESTRO EN INGENIERÍA MECÁNICA

Presenta
CARLOS VALDÉS FRANCO.

Director: Dr. Ignacio Juárez Campos

México, D.F.

2004



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



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



Autorizo a la Dirección General de Bibliotecas de la UNAM a difundir en formato electrónico e impreso el contenido de mi trabajo recepcional.
NOMBRE: Valdés Franco Carles
FECHA: 11 de Mayo de 2004
FIRMA: *Carlos Valdés Franco*

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO DE LA

FACULTAD DE INGENIERÍA

Búsqueda Evolutiva de la Mejor Trayectoria Geométrica de un Manipulador.

por

Carlos Valdés Franco.

Tesis propuesta para el título de:
Maestro en Ingeniería Mecánica.

Director de tesis:
Dr. Ignacio Juárez Campos

Agradecimientos

A mi familia, por su apoyo incondicional.

A mi Tutor, Dr. Ignacio Juárez Campos, por su tiempo, consejos y conocimientos transmitidos.

A mis sinodales Dr. Marcelo López Parra, Dr. Saúl Santillán Gutiérrez, Dr. Arturo Barba Pingarrón y M. en I. Francisco Cuenca Jiménez, por sus observaciones y tiempo dedicado en la revisión del presente trabajo.

A CONACyT, por la beca que me otorgó, con la cual pude realizar mis estudios de maestría.

Resumen

La determinación de la mejor trayectoria geométrica, tomando en cuenta el tiempo mínimo de proceso así como la suavidad en el movimiento de un manipulador es importante desde el punto de vista del menor desgaste de las partes constitutivas de dicho manipulador, así como de la productividad.

El problema consiste en encontrar la mejor trayectoria geométrica utilizando el método de los algoritmos genéticos para la maximización de las funciones involucradas en el proceso, esto es debido a las ventajas que presenta este proceso al evitar los inconvenientes de utilizar un método de derivación, por las singularidades que pueden presentarse.

La presente obra utiliza resultados obtenidos en un trabajo doctoral previo llamado: "Sobre las regiones geométricas articulares y su aplicación en el mejoramiento del desempeño de un manipulador mediante estrategias evolutivas", del Dr. Ignacio Juárez (UNAM 2002), los datos obtenidos en dicho trabajo, utilizando la estrategia evolutiva que emplea algoritmos genéticos, son las longitudes y el perfil de trayectoria gobernado por un polinomio de grado 8, para un manipulador PRRRd, empleado en el transporte de discos de silicio en un proceso de cuarto limpio.

El primer capítulo presenta aspectos relacionados con la genética desde el punto de vista biológico, en el segundo capítulo trata sobre el método de los algoritmos genéticos y sus componentes, el tercer capítulo tiene que ver con los perfiles de trayectoria, y la forma en que se determinan, el cuarto capítulo se refiere al diseño del manipulador PRRRd utilizando los resultados antes mencionados, la hipótesis, justificación, planteamiento del problema, asimismo, se realiza una descripción de la determinación de los torques actuantes en cada eslabón, del perfil de trayectoria empleado, del tiempo de proceso mínimo, así como la determinación de las ecuaciones paramétricas empleadas en todo el trayecto por el que se desplaza el órgano terminal de dicho manipulador, el quinto capítulo muestra los resultados obtenidos utilizando un programa de cómputo (Visual Basic).

Contenido

Agradecimientos	i
Resumen.....	ii
Contenido.....	iii
Objetivo	v
Definición del problema.....	v
Hipótesis	v
Nomenclatura.....	vi
Capítulo 1.....	1
Aspectos Biológicos	1
✓ Introducción.....	2
✓ 1.1 Antecedentes históricos.....	3
✓ 1.2 Genética y método científico.....	5
✓ 1.3 Las tres áreas generales de la genética.....	8
✓ 1.4 Mendelismo	8
✓ 1.5 La teoría de los cromosomas	9
✓ 1.6 Evolución y especiación	10
✓ 1.7 Bibliografía.....	11
Capítulo 2.....	12
Algoritmos Genéticos	12
✓ Introducción.....	13
✓ 2.1 Algoritmo Genético.....	14
✓ 2.2 Complejidad de los algoritmos genéticos	15
✓ 2.3 El Método.....	16
✓ 2.4 Diferencias con métodos tradicionales de búsqueda y optimización.....	17
✓ 2.5 Bibliografía.....	17
Capítulo 3.....	18
Perfiles de trayectoria	18
✓ Introducción.....	19
✓ 3.1 Descripción espacial y transformaciones	19
▪ 3.1.1 Descripción de una posición	19
▪ 3.1.2 Descripción de una orientación.....	20
▪ 3.1.3 Descripción del marco de referencia	22
✓ 3.2 Generación de trayectoria.....	22

Contenido

✓ 3.3 Polinomio de quinto grado	23
✓ 3.4 Polinomio de octavo grado.....	27
✓ 3.5 Torque	31
✓ 3.6 Algoritmo dinámico iterativo de Newton-Euler.....	33
✓ 3.7 Bibliografía	34
Capítulo 4.....	35
Diseño Evolutivo de un Manipulador.....	35
✓ 4.1 Objetivos	36
✓ 4.2 Definición del problema	36
✓ 4.3 Hipótesis.....	36
✓ 4.4 Condiciones del experimento	37
✓ 4.5 Cálculo de los torques	39
✓ 4.6 Trayectoria.....	55
✓ 4.7 Perfil de trayectoria	65
✓ 4.8 Tiempo mínimo	68
✓ 4.9 Parámetros del algoritmo genético	72
✓ 4.10 Bibliografía.....	73
Capítulo 5.....	75
Resultados Obtenidos	75
✓ Resultados y Conclusiones	76
Apéndice A. "Búsqueda Evolutiva de la Mejor Trayectoria Geométrica".....	80
✓ A.1. Introducción.....	80
✓ A.2. Módulo Población Inicial	81
✓ A.3. Módulo Traductor	84
✓ A.4. Módulo Evaluador	86
✓ A.5. Módulo Reproductor	88
✓ A.6. Módulo Cruzador.....	90
✓ A.7. Módulo Mutador.....	97
Índice alfabético.	102

Objetivo

- ♦ Maximizar¹ la productividad² de un manipulador PRRRd empleado en el transporte de discos de silicio en un proceso de cuarto limpio, atendiendo a la región geométrica por la cual se desplaza el órgano terminal del mismo.

Definición del problema

Se tiene una región geométrica que es la óptima, generando la máxima productividad. El problema es el siguiente: ¿Cuál es la mejor región geométrica que proporciona la mayor productividad sin sobrepasar los pares motrices máximos en las articulaciones?

La productividad del manipulador se define como el número de discos transportados por unidad de tiempo para una tarea específica.³

Hipótesis

Establecimiento de hipótesis: Se sospecha que existe una región geométrica, la cual proporciona la máxima productividad sin sobrepasar los pares motrices máximos, en un tiempo mínimo para el transporte de discos de silicio por parte de un manipulador PRRRd, que emplea un perfil de trayectoria de octavo grado con índice m y longitudes de eslabones fijos.

¹ Maximizar. Anal. Mat. Determinar el máximo (del latín maximum, lo más grande), o la cota superior del conjunto de los valores tomados, en R , por una cantidad variable, tal como una forma lineal. Gran Enciclopedia Larousse. Tomo 15. 1993. Editorial Planeta.

² Productividad: (De productivo). Capacidad o grado de producción por unidad de trabajo. Gran Diccionario Enciclopédico Universal. 1994, Cultural de Ediciones S.A. Tomo 12.

³ Young Dee Lee, Beom Hee Lee. "An Evolutionary Approach for Time Optimal Trajectory of a Robotic Manipulator". Elsevier. Information Sciences (1999).

Nomenclatura

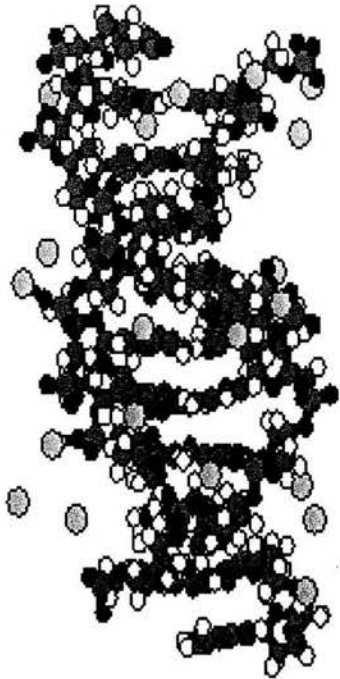
PRRRd	Manipulador cuyos eslabones son respectivamente: Prismático independiente – Rotacional independiente – Rotacional independiente – Rotacional dependiente.
Ind(*)	Individuo número *
\otimes	Producto vectorial
*	Producto escalar
l_i	Longitud del eslabón $i, i = 2, 3, 4$, cuyas articulaciones son rotacionales
Δl_{Ei-1}	Longitud adicional del eslabón $i, i = 2, 3, 4$ a la derecha e izquierda de las articulaciones.
d_1	Primera variable articular, cuyo desplazamiento es lineal, que corresponde a la primera articulación (Prismática independiente)
θ_i	Variable articular; cuyos desplazamientos son angulares, correspondiente a las tres últimas articulaciones rotacionales
α	Coordenada operacional; define la orientación del órgano terminal, es dependiente de las dos articulaciones anteriores
e_i	Espesor del eslabón $i+1$ cuya primera articulación es rotacional. Esta se define en la dirección “z” de la terna ortonormal $i+1$.
a_i	Ancho de los eslabones $i+1$, medido en la dirección \hat{y}_i .
Δz	Separación de los eslabones rotativos en la dirección “z” de sus bases ortonormales
h_{esl1}	Altura del eslabón 1
r_{esl1}	Radio del eslabón 1
ρ_{Ei}	Densidad del eslabón $i, i = 1, 2, 3, 4$.
$\gamma \in [0, \pi]$	Ángulo más pequeño entre los eslabones 2 y 3
${}_i\beta$	Ángulo que, junto con α , generan la segunda variable articular θ_2 , para $i = 1, 2$.
${}^{cg j}i_{xxj}, {}^{cg j}i_{yyj}, {}^{cg j}i_{zzj}$	Momentos de inercia de los eslabones $j = 1, 2, 3, 4$.
Indice $_m$	Escalar que controla la curva del perfil de trayectoria gobernada por un polinomio de grado 8.
t_f	Tiempo al final del recorrido, utilizado en el perfil de trayectoria
$t_{proceso}$	Tiempo de proceso

NE	Número de eslabones
NA	Número de articulaciones
D_{eb}	Longitud del dominio del espacio de búsqueda "eb".
$n_{div_{min}}$	Número de divisiones mínimas del espacio de búsqueda
Pd	Precisión decimal
P(t)	Perfil de trayectoria
d_{TOTAL}	Distancia total recorrida
t^*	Tiempo en el que ocurre el par motriz máximo
$f_i(t^*)$	Par motriz máximo ocurrido en el tiempo t^* .
τ	Par motriz
$g_i(*, *), g_i^{-1}(*, *)$	Funciones de aptitud
gen(*, ♠, ♣)	Dígito 0 ó 1 del individuo *, segmento ♠ y localidad dentro del segmento ♣.
I_{3x3}	Matriz identidad 3x3
R_B^A	Descripción de orientación {B} respecto de {A} obtenida por un operador de rotación actuando sobre los tres elementos de B.
${}^{cgj}I_j$	Matriz de inercia de los eslabones $j = 1, 2, 3, 4$.
${}^iP_{CGi}$	Posición del centro de gravedad del eslabón i medido en el sistema de referencia correspondiente al eslabón $i, i = 2, 3, 4$
${}^i\omega_i$	Velocidad angular correspondiente al eslabón $i, i = 2, 3, 4$ medido en el sistema de referencia correspondiente al eslabón i .
${}^i\alpha_i$	Aceleración angular correspondiente al eslabón $i, i = 2, 3, 4$ medido en el sistema de referencia correspondiente al eslabón i .
${}^{i-1}P_i$	Posición del punto ubicado en el sistema de referencia del eslabón i , medido desde el sistema de referencia ubicado en el eslabón $i-1$.
iF_i	Fuerza perteneciente al eslabón $i, i = 2, 3, 4$, medida en el sistema de referencia ubicado en el eslabón i .
iN_i	Momento angular perteneciente al eslabón $i, i = 2, 3, 4$, medida en el sistema de referencia ubicado en el eslabón i .
if_i	Fuerzas localizadas en los extremos de los eslabones 2, 3 y 4.
in_i	Momentos angulares localizados en los extremos de los eslabones 2, 3 y 4.
${}^ia_{CGi}$	Aceleración del centro de gravedad del eslabón $i, i = 2, 3, 4$, medido en el sistema de referencia ubicado en el eslabón i .

a_R	Aceleración radial
a_T	Aceleración tangencial
iW_i	Peso del eslabón i , $i = 2, 3, 4$, medido en el sistema de referencia ubicado en el eslabón i .
${}^o(X_{OT}, Y_{OT}, Z_{OT})$	Posición del órgano terminal medido en $(0, 0, 0)$
$\{\hat{x}_i, \hat{y}_i, \hat{z}_i\}$	Elementos de la terna ortonormal derecha i .

1

Aspectos Biológicos



Objetivos

1. Tener una visión general sobre las teorías de la evolución.
2. Conocer los antecedentes de la genética

Introducción

- 1.1 Antecedentes históricos
- 1.2 Genética y método científico
- 1.3 Las tres áreas generales de la genética
- 1.4 Mendelismo
- 1.5 La teoría de los cromosomas
- 1.6 Evolución y especiación
- 1.7 Bibliografía

✓ Introducción

Tal como es entendida actualmente, la evolución de los organismos se produce por la acción de la *selección natural* sobre las diferencias hereditarias que surgen, de forma aleatoria, en cada generación, de manera que aquellas que confieren a sus portadores una mayor adaptación al medio se multiplican, mientras que las perjudiciales tienden a ser eliminadas. El resultado de millones de años de evolución es una biosfera constituida por seres vivos adaptados al medio en que viven. Es decir, adecuados en sus características anatómicas, fisiológicas y etológicas (de forma, de funcionamiento y de conducta) al ambiente en que viven. Esta *adaptación*, fruto de la selección natural es, por tanto, cuestión de supervivencia. Sin embargo, la adaptación no es algo estático. Se produce de forma continua. Si el ambiente cambia, es preciso adaptarse de nuevo. Los seres que lo consiguen, medran y continúan dejando descendientes; los que no, se verán avocados al desastre, aún en el caso de que en el pasado hayan abundado.

Si aparece un ambiente nuevo, muchos organismos pugnan por instalarse en él, pero solamente los que pueden adaptarse a sus determinadas condiciones ambientales lo consiguen. No obstante, como han puesto de relieve las críticas al adaptacionismo extremo (neutralismo), es preciso no caer en la exageración de pensar que todo, en el mundo orgánico, es adaptativo. Muchos caracteres no lo son; por que se trata de hecho, de rasgos indiferentes que se mantienen por causas distintas a la selección natural, como pueden ser, probablemente, el ligamiento entre los genes o la deriva genética.

La visión actual del hecho evolutivo, basada en la aportación inicial de Darwin, arranca de un cúmulo de nuevos datos reunidos, durante los años treinta y cuarenta del siglo XX, fruto del trabajo de un conjunto de naturalistas, entre los cuales es preciso destacar al genetista Theodosius Dobzhansky [1], el zoólogo Ernst Mayr, el paleontólogo Gregor G. Simpson y al biólogo Julien Huxley. La refundación del pensamiento evolutivo basada en sus aportaciones recibe el nombre de *teoría sintética o neodarwinismo*. De forma muy resumida puede esquematizarse en los siguientes puntos:

1. los *genes* – las unidades de la información genética, constituidos por ADN (ácido desoxirribonucleico) – son los elementos determinantes de los caracteres sobre los que actúa la evolución;
2. las *mutaciones* – cambios aleatorios de la estructura de los genes – constituyen el origen (son la causa) de la *variabilidad*;
3. sobre esta variabilidad genética actúan la *selección natural*, así como otros factores evolutivos (deriva genética, migración, flujo genético, etc.), consecuencia de la presión de adaptación que sobre los organismos ejerce el medio en el que viven;
4. la estructura y distribución de las *poblaciones* – que constituyen las unidades evolutivas – son de una gran importancia para la aparición de nuevas especies.
5. el *aislamiento*, el reproductor especialmente, tiene asimismo un papel clave en la *especiación* o aparición de nuevas especies por cuanto, al dificultar la mezcla, favorece la diversificación de la constitución genética de las distintas poblaciones.

✓ 1.1 Antecedentes históricos

Las ideas evolucionistas al respecto del mundo orgánico son muy antiguas; aparecen ya en las obras de algunos filósofos de la Grecia clásica, como Anaximandro (años 611-547 a J.C.) o Empédocles (492-432 a J.C.). Sin embargo, tales asertos no pasan de ser interpretaciones dinámicas del mundo, simples especulaciones mentales sin base material. La concepción evolutiva del mundo vivo – el *evolucionismo*, *teoría de la descendencia* o *transformismo*, como también se decía entonces – es producto intelectual de los siglos XVIII y XIX y, en particular, de la notable acumulación de conocimientos que, sobre los seres vivos, consiguieron reunir científicos de aquella época. [2]

Entre los primeros naturalistas partidarios del transformismo es preciso mencionar, en el siglo XVIII, a los franceses Maillet, Bufón y Maupertuis, junto con el inglés Erasmus Darwin (abuelo de Charles R. Darwin). Ya en el siglo XIX, merecen asimismo mención los ingleses Wells, Pichard y Chambert, y, muy especialmente, el francés Lamarck.

Aunque es básicamente erróneo, el planteamiento del francés Jean Baptiste de Monet, caballero de Lamarck - que hizo público en 1809 en su obra *Filosofía zoológica* -, supuso, cronológicamente hablando, el primer intento global y medianamente razonable de dar cuenta de lo hechos y de los *mecanismos*. En síntesis, sus ideas podrían resumirse así:

- a) Todos los seres vivos son producciones de la naturaleza, que los ha formado a lo largo del tiempo.
- b) La naturaleza vuelve a empezar cada día formando directamente los organismos más simples; es decir; por *generación espontánea*.
- c) Una vez originados los primeros esbozos de animales y vegetales, en circunstancias propicias, la misma vida – que tiene la propiedad inherente del *progreso* -, justamente con la influencia del medio, hace progresar estos organismos hasta las formas superiores.
- d) El *uso* frecuente y sostenido de un órgano lo desarrolla lentamente en proporción a su misma utilización. De la misma manera la *falta de uso* lo debilita progresivamente y acaba por hacerlo desaparecer.
- e) Todo aquello que la naturaleza ha hecho adquirir o perder bajo la influencia del medio, se conserva a través de las generaciones sucesivas (herencia de caracteres adquiridos).

Ni la generación espontánea, ni la ley del uso y el desuso, ni la herencia de los caracteres adquiridos tienen verisimilitud alguna.

La primera formulación completa y, en líneas generales, correcta de la evolución de los seres vivos fue propuesta por Charles R. Darwin [3] en su obra *El origen de las especies* (1859) a raíz de los descubrimientos y reflexiones que le proporcionó su viaje de casi cinco años de duración (27/12/1831 – 2/10/1836) a bordo del *Beagle*, durante el transcurso del cual realizó estudios que ejercieron una poderosa influencia sobre el desarrollo posterior de su pensamiento. Es en su obra "*El origen de las especies*", donde Darwin describe el mecanismo de la *selección natural* – que considera el motor de la evolución – actuando sobre la variabilidad existente en las poblaciones naturales. Lo que resulta capital y singular es que aporta numerosas pruebas de la evolución.

✓ 1.2 Genética y método científico

Se puede dividir la historia reciente de la genética en cuatro periodos: antes de 1860, 1860 – 1900, 1900 – 1944, y 1944 – presente. [4]

Antes de 1860

Los descubrimientos más notables para nuestro entendimiento de la genética fueron la microscopía, la elucidación de la teoría celular, y la publicación en 1859 de “El Origen de las especies” de Charles Darwin. En 1665, Robert Hooke acuñó el término celda en sus estudios sobre el corcho. Estos fueron, de hecho, celdas vacías observadas a una magnificación de treinta veces. Entre 1674 y 1683, Antón van Leeuwenhoek descubrió organismos vivos (protozoarios y bacterias) en agua de lluvia. Leeuwenhoek era un maestro en crear lentes y produjo magnificaciones de muchos cientos de veces a partir de lentes individuales. En 1833, Robert Brown descubrió el núcleo de células y entre 1835 y 1839, Hugo von Mohl describió la mitosis en la célula. Esta era terminada en 1858, cuando Rudolf Virchow conjuntó el concepto de la teoría celular con el aforismo latino *omnis cellula e cellula*, todas las células provienen de células preexistentes. Más tarde, por 1858, los biólogos entendían la continuidad de las células y conocían sobre el núcleo de las mismas.

1860 – 1900

El periodo de 1860 a 1900 comprende la publicación del trabajo de Mendel en 1866 hasta su redescubrimiento en 1900. Incluye el descubrimiento de cromosomas y su comportamiento. Desde 1879 hasta 1885, con la ayuda de nuevas técnicas, W. Flemming describió los cromosomas – primeramente mencionados por C. von Nageli en 1842 - . En 1888, W. Waldeyer fue el primero en utilizar el término cromosoma. En 1875, O. Hertwig describió la fusión del esperma y el huevo para formar el cigoto. En la década de 1880, Theodor Boveri, así como K. Rabl y E. van Breda, formularon la visión de que los cromosomas son estructuras individuales con continuidad de una generación a la siguiente a pesar de su desaparición entre división de células. En 1887, August Weismann predijo la

ocurrencia de una división reductiva, que se conoce hoy en día como meiosis. Por 1890, O. Hertwig y T. Boneri habían descrito el proceso de meiosis en detalle.

1900 – 1944

Desde 1900 hasta 1944, la genética moderna floreció con el desarrollo de la teoría de los cromosomas, la cual mostraba que los cromosomas eran arreglos lineales de genes. Se derivó de ello la moderna teoría de la evolución y la genética molecular.

En 1900, el trabajo de Mendel sobre las reglas de la herencia, publicado en 1866, fue redescubierto por tres biólogos trabajando independientemente – Hugo de Vries, Carl Correns, y Erich von Tschermak – con lo que comenzó nuestra era de genética moderna. En 1903, Walter Sutton claramente estableció que el comportamiento de los cromosomas durante la meiosis explicaba las reglas de la herencia de Mendel, con lo que se llegó al descubrimiento de que los genes se localizan en los cromosomas. En 1913, Alfred Sturtevant creó el primer mapa genético usando la mosca de la fruta. Él observó que los genes existen en un orden lineal en los cromosomas. En 1927, L. Stadler y H. J. Muller observaron que los genes pueden ser mutados artificialmente, utilizando rayos X.

Entre 1930 y 1932, R. A. Fisher, S. Wright, y J. B. S. Haldane desarrollaron los fundamentos algebraicos para nuestro entendimiento de cómo trabaja el proceso de la evolución. En 1943, S. Luria y M. Delbrück demostró que las bacterias tienen un sistema genético normal y por ello pueden ser empleadas para el estudio de procesos genéticos.

1944 – Presente

El periodo desde 1944 hasta el presente es la era de la genética molecular, comenzando con la demostración de que el DNA (siglas en inglés) es el material genético y culmina con la actual inmensidad de conocimientos debidos a la tecnología para recombinar el ADN.

En 1944, O. Avery y colegas mostraron contundentemente que el ADN es el material genético. En 1953, James Watson y Francis Crick trabajaron en la estructura del ADN. Entre 1968 y 1973, W. Arber, H. Smith, y D. Nathans, junto con sus colegas, descubrieron y describieron las

enzimas que abren la posibilidad de manipular el ADN. En 1972, Paul Berg fue el primero en crear una molécula recombinada.

Método científico

La genética es una ciencia empírica, lo cual significa que nuestra información proviene de observaciones del mundo natural. El *Método Científico* es una herramienta para el entendimiento de estas observaciones. Se realiza un experimento, en el cual una idea de cómo funciona una cosa se prueba, esta idea se llama hipótesis. En un correcto experimento, existen solamente dos posibles resultados: uno que soporta la hipótesis y otro que la refuta. Los científicos se refieren a este proceso como *inferencia fuerte*.

El pensamiento avanza de lo conocido (el conocimiento científico previo) a lo desconocido o poco precisado (explicación del problema de investigación) a fin de reproducir la realidad objetiva a través de la hipótesis, leyes y teorías científicas. [5]

En cuanto a Newton, la metodología general seguida en sus trabajos puede sintetizarse de la forma siguiente:

1. La observación de la realidad y la experimentación meticulosa sobre el comportamiento de dicha realidad, llevan al investigador, mediante una inducción general, a establecer una ley o hipótesis.
2. Una vez enunciada la ley o hipótesis se aplica a una situación particular, deduciendo matemáticamente cómo se comportarían los objetos reales.
3. Se comprueba en la práctica la verdad de los resultados obtenidos mediante la deducción y por tanto la validez del principio de partida (ley o hipótesis).
4. Se repite este proceso en una gran cantidad de casos particulares, y si sus resultados son coherentes, se acepta la ley o inducción primaria, hasta que se descubra algún fenómeno que no sea explicable por ella.

✓ **1.3 Las tres áreas generales de la genética**

Históricamente, los genetistas han trabajado en tres diferentes áreas, cada una con sus problemas particulares, terminología, herramientas, y organismos. Estas áreas son la genética clásica, genética molecular, y genética evolutiva. La *genética clásica*, tiene que ver con la teoría de los cromosomas sobre la herencia; esto es, el concepto de que los genes están localizados de un modo lineal en los cromosomas y que la posición relativa de los genes se puede determinar por su frecuencia en la descendencia. La *genética molecular* es el estudio del material genético: su estructura, reproducción o réplica, y expresión. Aquí también se examina la revolucionaria información emanada de los descubrimientos de las técnicas de recombinación del ADN (ingeniería genética). La *genética evolutiva*, es el estudio de los mecanismos de cambio evolutivo, los cambios de frecuencia de genes en poblaciones. La tabla siguiente muestra donde se ubican los diferentes tópicos de la genética.

Genética clásica	Genética molecular	Genética evolutiva
Principios de Mendel	Estructura del ADN	Genética cuantitativa
Meiosis y Mitosis	Química del ADN	Equilibrio Hardy-Weinberg
Determinación del sexo	Transcripción	Suposiciones de equilibrio
Enlace sexual	Traducción	Evolución
Mapeo de cromosomas	Clonamiento de ADN	Especificación
Cambios en los cromosomas (Citogenética)	Control de la expresión de un gen	
	Mutación y reparación del ADN	
	Herencia extracromosómica	

Tabla 1.1 Las tres áreas de la genética

✓ **1.4 Mendelismo**

Gregor Johann Mendel, fue un naturalista austríaco, abad de los agustinos, en 1851 se trasladó a la universidad de Viena, donde durante tres años estudió física, matemáticas y ciencias naturales. En 1865 formuló las famosas tres leyes sobre los caracteres hereditarios de los híbridos, se conoce como mendelismo a la teoría sobre la herencia de los caracteres [6].

El cruce de dos individuos puros, animales o vegetales, que se diferencian entre sí por una sola pareja de caracteres, llamados caracteres alelomorfos o antagónicos, da, en la primera generación, híbridos todos iguales entre sí (primera ley, o ley de la uniformidad de la primera generación); si los dos caracteres son equipotentes, los hijos son híbridos intermedios, es decir, su fenotipo es el resultado de la mezcla de los fenotipos paternos; si los dos tienen distinta fuerza, los hijos son híbridos unilaterales, presentando el fenotipo del progenitor dotado del factor más potente, que se llama dominante, mientras el carácter antagónico, llamado recesivo, no se manifiesta. Del cruce de dos híbridos se obtienen, en la segunda generación, un 25% de individuos iguales a uno de los progenitores puros; un 25% con el carácter del otro progenitor puro y un 50% de individuos iguales a los híbridos de la primera generación y apenas diferenciables exteriormente (excepto en el caso de la herencia intermedia). Cruzando estos últimos entre sí, se renueva la distribución estadística antes dicha (segunda ley o ley de la segregación de los genes antagónicos). Si se cruzan individuos puros con dos o más parejas de caracteres antagónicos, la herencia de cada pareja de caracteres es independiente de la de las otras, con todas las consiguientes combinaciones en la descendencia (tercera ley, o ley de la independencia).

✓ 1.5 La teoría de los cromosomas

Los cromosomas fueron descubiertos por C. von Nageli en 1842. El término cromosoma, debido a W. Waldeyer en 1888, significa "cuerpo coloreado". Los cromosomas fueron primeramente descubiertos cuando se desarrollaron las técnicas de coloración con lo que se hicieron visibles. El material nucleoproteínico de los cromosomas se llama cromatina.

El cromosoma es el componente de las células de animales y plantas, de estructura filamentosa, que es portador en orden lineal de los factores de la herencia o genes. En las células en reposo los cromosomas están contenidos en el núcleo, donde sólo pueden identificarse mediante métodos especiales: en las preparaciones citológicas comunes se identifican con la cromatina nuclear, que corresponde a la sustancia que los constituye y como componente principal es el ácido desoxirribonucleírico. [6]

Los cromosomas tienen generalmente una forma alargada, en bastoncillo, y presentan en su estructura un punto poco coloreable, llamado centrómero, de notable importancia durante la división celular (mitosis). Los cromosomas no se encuentran nunca aislados, sino siempre en parejas de elementos morfológicamente semejantes; toda especie animal y vegetal presenta un número constante de ellos en cada célula, número que puede oscilar desde dos hasta varios centenares y es independiente de la dimensión y grado de organización de la especie correspondiente. A los cromosomas, entre otras cosas, está ligada la determinación del sexo.

✓ 1.6 Evolución y especiación

El término evolución describe un cambio en las frecuencia genotípicas, el cual usualmente resulta en una población de individuos que están mejor adaptados al ambiente que lo que estuvieron sus antecesores. Especiación viene en dos formas diferentes. (1) Ésta puede ser la evolución de una población en el tiempo hasta que es alcanzado un punto en el cual la población actual ya no puede ser clasificada dentro de la misma categoría que las especies de la población original. Este proceso se conoce como anagénesis, o "phyletic evolution" (*an* proviene del Latín, significa *sin*, *genesis* también proviene del Latín y significa *nacimiento* o *creación*). (2) La especiación puede ser también la divergencia de una población es dos formas distintas (especies⁴) que existen simultáneamente. Este proceso es conocido como cladogénesis (*clado* proviene del Griego significa *rama*).

Las condiciones necesarias para la ocurrencia de evolución por selección natural son, de acuerdo a [3] y [7]:

- Reproducción de individuos en la población, para permitir la supervivencia de la misma. Las tasas de reproducción varían entre los individuos.

⁴ El concepto biológico moderno de especie es: un grupo de organismos que pueden ser compañeros entre ellos mismos para producir progenitores fértiles. [4]

- Variaciones que afecten la supervivencia de los individuos. Propiciando la modificación en sus características. Estas variaciones pueden ser por mutaciones⁵ aleatorias o recombinación sexual, entre otras.
- Herencia de características mediante la combinación de la información individual de los padres permitiendo adaptación al medio.
- Recursos finitos que provoquen competencia, los que serán consumidos por los individuos mejor adaptados.

✓ 1.7 Bibliografía

[1] Dobzhansky, Th. *Evolución humana*, Barcelona, 1969.

[2] Enciclopedia *Historia Universal Salvat* (1999)

[3] Darwin Charles. *On the origins of species by means of natural selection or the preservation of favored races in the struggle for life*. Murrau, London (1859).

[4] Robert H. Tamarin. *Principles of Genetics*. University of Massachussets Lowell (1999).

[5] Raúl Rojas Soriano. *El proceso de la investigación científica*. Ed. Trillas (1981).

[6] Enciclopedia Salvat Monitor. Salvat Editores de México (1970).

[7] J. Maynard Smith. *Evolutionary Genetics*, Oxford University Press, Oxford, UK (1994).

⁵ Aunque la replicación del ADN es muy precisa, no es perfecta. Muy rara vez se producen errores, y el ADN nuevo contiene uno o más nucleótidos cambiados. Un error de este tipo, que recibe el nombre de mutación, puede tener lugar en cualquier zona del ADN. Si esto se produce en la secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido particular, éste puede presentar un aminoácido cambiado en la cadena polipeptídica. Esta modificación puede alterar seriamente las propiedades de la proteína resultante. Por ejemplo, los polipéptidos que distinguen la hemoglobina normal de la hemoglobina de las células falciformes difieren sólo en un aminoácido. Cuando se produce una mutación durante la formación de los gametos, ésta se transmitirá a las siguientes generaciones.

2

Algoritmos Genéticos



Objetivos

Conocer las etapas de un algoritmo genético

Distinguir las ventajas sobre los métodos tradicionales

Introducción

2.1 Algoritmo genético

2.2 Complejidad de los algoritmos genéticos

2.3 El Método

2.4 Diferencias con métodos tradicionales de búsqueda y optimización

2.5 Bibliografía

✓ Introducción

Los Algoritmos Genéticos (AG) fueron introducidos por John Holland [1] en 1970 inspirándose en el proceso observado en la evolución natural de los seres vivos. Los Biólogos han estudiado con detenimiento los mecanismos de la evolución, y aunque quedan áreas por entender, muchos aspectos están bien clarificados. De manera muy general podemos decir que en la evolución de los seres vivos el problema al que cada individuo se enfrenta cada día es la supervivencia. Para ello cuenta con las habilidades innatas provistas en su material genético. En el ámbito de los genes, el problema es el de buscar aquellas adaptaciones benéficas en un medio hostil y cambiante. Debido en parte a la selección natural, cada especie gana una cierta cantidad de "conocimiento", el cual es incorporado a la información de sus cromosomas.

Así pues, la evolución tiene lugar en los cromosomas, en donde está codificada la información del ser vivo. La información almacenada en el cromosoma varía de unas generaciones a otras. En el proceso de formación de un nuevo individuo, se combina la información cromosómica de los progenitores.

La evolución opera en los cromosomas y no en los individuos a los que representan.

La selección natural es el proceso por el que los cromosomas con "buenas estructuras" se reproducen más a menudo que los demás.

En el proceso de reproducción tiene lugar la evolución mediante la combinación de los cromosomas de los progenitores. Llamamos *recombinación* a este proceso en el que se forma el cromosoma del descendiente. También son de tener en cuenta las mutaciones que pueden alterar dichos códigos.

La evolución biológica no tiene memoria en el sentido de que en la formación de los cromosomas únicamente se considera la información del período anterior

Los algoritmos genéticos establecen una analogía entre el conjunto de soluciones de un problema y el conjunto de individuos de una población natural, codificando la información de cada solución en un cadena (vector binario) a modo de cromosoma. En palabras del propio Holland:

"Se pueden encontrar soluciones aproximadas a problemas de gran complejidad computacional mediante un proceso de "evolución simulada",

A tal efecto se introduce una función de evaluación de los cromosomas, que se conoce como calidad (fitness) y que está basada en la función objetivo del problema. Igualmente se introduce un mecanismo de selección de manera que los cromosomas con mejor evaluación sean escogidos para "reproducirse" más a menudo que los que la tienen de menor calidad.

Los algoritmos desarrollados por Holland inicialmente eran sencillos pero dieron buenos resultados en problemas considerados difíciles. Los algoritmos Genéticos están basados en integrar e implementar eficientemente dos ideas fundamentales: Las representaciones simples como cadenas binarios de las soluciones del problema y la realización de transformaciones simples para modificar y mejorar estas representaciones.

✓ 2.1 Algoritmo Genético

Los Algoritmos Genéticos (AG) pueden verse como una familia de procedimientos de búsqueda adaptivos. Su nombre se deriva de que están basados en modelos de cambio genético en una población de individuos. Esto es: (1) noción Darwiniana de aptitud (*fitness*) que influye en generaciones futuras, (2) apareamiento que produce descendientes en generaciones futuras, (3) operadores genéticos que determinan la configuración genética de los descendientes (tomada de los padres).

Un punto clave de estos modelos, es que el proceso de adaptación no se hace cambiando incrementalmente una sola estructura, sino manteniendo una población de estructuras a partir de las cuales se generan nuevas estructuras usando los operadores genéticos.

Cada estructura en la población está asociada con una aptitud y los valores se usan en competencia para determinar qué estructuras serán usadas para formar nuevas estructuras.

Una de sus características es su habilidad de explotar información acumulada acerca de un espacio de búsqueda inicialmente desconocido para guiar la búsqueda subsiguiente a subespacios útiles.

El precio es que se puede necesitar un número grande de muestras para que se tenga suficiente información para guiar muestras subsiguientes a subespacios útiles.

En su forma más simple, un AG está orientado a desempeño (i.e., hacer cambios estructurales para mejorar el desempeño).

✓ 2.2 Complejidad de los algoritmos genéticos

Un algoritmo requiere dos elementos para solucionar un problema, éstos son el tiempo y espacio. El tiempo es usualmente medido como el número de transición de un estado del algoritmo a otro, a partir del momento en que el algoritmo comienza hasta el momento en que termina. El espacio se define usualmente como el máximo, sobre el cálculo total, del volumen de datos medio que el algoritmo maneja.

La complejidad de un algoritmo es el tiempo más largo requerido para solucionar un problema de una magnitud dada. La complejidad es medida en términos del peor caso, i.e. la peor situación en el cual el algoritmo se puede llegar a encontrar [2].

✓ 2.3 El Método

Los algoritmos genéticos se aplican a un problema de la manera siguiente:

1. El espacio de búsqueda de todas las posibles soluciones del problema es mapeado en un conjunto de cadenas finitas sobre un alfabeto finito (usualmente pequeño). Esto es, se selecciona un código, de tal forma que cada punto en el espacio de búsqueda es representado por una cadena, llamada cromosoma. El algoritmo genético trabaja con estas representaciones de soluciones, más que con las soluciones en sí.
2. Una población inicial de soluciones se selecciona. Esta primera generación es seleccionada aleatoriamente. De forma distinta a las técnicas de optimización estándar, el algoritmo genético ejecuta una búsqueda paralela sobre un conjunto de puntos en el espacio de búsqueda, así se disminuye la probabilidad de fijarse en un óptimo local.
3. Una función de aptitud es asignada a cada individuo de la población, reflejando el camino que cada individuo tiene, en comparación con los otros, cercanos al óptimo. Este valor expresa la calidad observada de la solución que cada individuo representa.
4. Los individuos con mejor aptitud son seleccionados aleatoriamente, pero la probabilidad aumenta con la calidad (fitness). Los algoritmos genéticos por lo tanto son esencialmente una técnica de optimización estocástica (aleatoria).
5. Los individuos seleccionados forman el conjunto de padres, ellos son cruzados (por parejas) para producir su progenie. Una cruce (crossover) consiste en unir bits correspondientes, de cada padre para constituir dos nuevos individuos.
6. Otra selección aleatoria es llevada a cabo, esta vez influenciada hacia la dirección de los individuos con menor aptitud. Éstos son reemplazados por la progenie obtenida en el paso anterior. A diferencia de las técnicas estándar de optimización, los algoritmos genéticos proceden reemplazando la parte más débil de la población con nuevos individuos, más que reemplazando la actual mejor solución con una nueva alternativa.

7. Una pequeña parte de la población resultante es mutada, i.e. pequeños cambios aleatorios son hechos en pocos individuos seleccionados aleatoriamente. En algunas aplicaciones de algoritmos genéticos, una pequeña porción aleatoria de la población es también objeto de otro operador genético, el *inversor* – genes que retienen su significado cambian su posición en el cromosoma -.
8. En este punto, una nueva población ha sido constituida, y el proceso de optimización que comienza en el punto tres se puede repetir. Los algoritmos genéticos son por ello algoritmos iterativos.

✓ 2.4 Diferencias con métodos tradicionales de búsqueda y optimización

- ♦ Trabajan con un conjunto de parámetros codificados y no con los parámetros mismos.
- ♦ Inician la búsqueda desde un conjunto de puntos, no de uno solo.
- ♦ Utilizan una función a optimizar en lugar de la derivada u otro conocimiento adicional.
- ♦ Utilizan reglas de transición probabilísticas no determinísticas.

✓ 2.5 Bibliografía

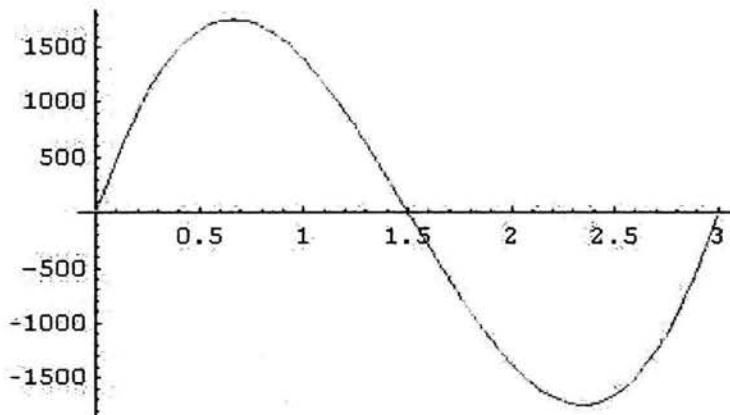
[1] J. H. Holland. *Outline for a logical theory of adaptative systems*. J. Assoc. Comput. Mach., vol. 3 (1962).

[2] Emmanuel Falkenauer. *Genetic algorithms and grouping problems*. Department of Applied Mechanics. Université Libre de Bruxelles, Belgium (1998).

3

Perfiles de trayectoria

Aceleración :



Objetivos

Identificar los perfiles de suavización.
Aplicarlo a la trayectoria de manipuladores.

Introducción

3.1 Descripción espacial y transformaciones

3.1.1 Descripción de una posición

3.1.2 Descripción de una orientación

3.1.3 Descripción del marco de referencia

3.2 Generación de trayectoria

3.3 Polinomio de quinto grado

3.4 Polinomio de octavo grado

3.5 Torque

3.6 Bibliografía

✓ Introducción

La suavidad en el movimiento es esencial para disminuir el desgaste de las partes mecánicas constitutivas de un robot o un manipulador, lo cual se logra empleando perfiles de trayectoria, los más comunes son los basados en polinomios como los de tercer o quinto grado y en menor medida los de octavo grado; también existen los perfiles de tipo spline.

La trayectoria consta de dos partes, 1) El perfil de trayectoria, que es la evolución en el tiempo de la posición, velocidad y aceleración con que viaja el órgano terminal o el objeto, y 2) El lugar geométrico de la trayectoria, que representa los puntos cartesianos por donde pasa el órgano terminal o el objeto manipulado.[7]

✓ 3.1 Descripción espacial y transformaciones

La manipulación de un robot, por definición, implica que partes y herramientas serán movidas alrededor de un espacio por algún tipo de mecanismo. Para definir y manipular cantidades matemáticas que representan posición y orientación debemos definir sistemas coordenados y desarrollar convenciones para su representación. [1]

Una descripción es usada para especificar atributos de objetos varios, con el que un sistema manipulador interactúa. Estos objetos son partes, herramientas o de hecho el mismo manipulador.

▪ 3.1.1 Descripción de una posición

Cuando un sistema coordenado es establecido podemos localizar cualquier punto en el universo con un vector de posición, dicho vector debe contener la información que identifica sobre qué sistema coordenado está siendo referenciado. Los vectores serán escritos con un índice superior que indique dicho sistema coordenado ${}^A P$, esto es:

$${}^A P = \begin{bmatrix} {}^A P_X \\ {}^A P_Y \\ {}^A P_Z \end{bmatrix} \dots 3.1$$

▪ 3.1.2 Descripción de una orientación

Frecuentemente es necesario no solamente representar un punto en el espacio, sino también describir la orientación de un cuerpo en dicho espacio. Para describir la orientación de un cuerpo asignaremos un sistema coordenado al cuerpo y entonces dar una descripción de este sistema coordenado relativo al sistema de referencia.

Por lo que las posiciones de puntos son descritas con vectores y la orientación de cuerpos es descrita con sistemas coordenados asociados, una forma de hacerlo, por ejemplo para un sistema coordenado {B} asociado al cuerpo, es escribir los vectores unitarios de sus tres principales ejes en términos del sistema coordenado {A}.

Si denotamos los vectores unitarios dando las direcciones principales del sistema coordenado {B} tenemos entonces. $\hat{X}_B, \hat{Y}_B, y \hat{Z}_B$. Cuando los escribimos en términos del sistema coordenado {A} son llamados ${}^A \hat{X}_B, {}^A \hat{Y}_B, y {}^A \hat{Z}_B$. podemos generar la matriz de rotación, que describe {B} relativo a {A}, y la notación será ${}^A R_B$.

$${}^A R_B = \begin{bmatrix} \hat{X}_B & \hat{Y}_B & \hat{Z}_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & r_{13} \\ r_{21} & r_{22} & r_{23} \\ r_{31} & r_{32} & r_{33} \end{bmatrix} \dots 3.2$$

Así que, la orientación de un cuerpo es representada con una matriz. Podemos dar expresiones para los escalares r_{ij} en la ecuación 3.2, al notar que las componentes de cualquier vector son simplemente las proyecciones de ese vector sobre las direcciones unitarias de su sistema de referencia. Por lo que cada componente de ${}^A R_B$ en la ecuación 3.2, puede ser escrito como el producto punto de un par de vectores unitarios:

$${}^A R_B = \begin{bmatrix} \hat{X}_B, \hat{Y}_B, \hat{Z}_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \hat{X}_B \cdot \hat{X}_A & \hat{Y}_B \cdot \hat{X}_A & \hat{Z}_B \cdot \hat{X}_A \\ \hat{X}_B \cdot \hat{Y}_A & \hat{Y}_B \cdot \hat{Y}_A & \hat{Z}_B \cdot \hat{Y}_A \\ \hat{X}_B \cdot \hat{Z}_A & \hat{Y}_B \cdot \hat{Z}_A & \hat{Z}_B \cdot \hat{Z}_A \end{bmatrix} \dots 3.3$$

Dado que el producto de dos vectores unitarios produce el coseno del ángulo entre ellos, las componentes de matrices de rotación son generalmente referidas como cosenos directores. Los renglones de la matriz son vectores unitarios de {A} expresados en {B}, esto es:

$${}^A R_B = \begin{bmatrix} \hat{X}_B, \hat{Y}_B, \hat{Z}_B \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \hat{X}_A^T \\ \hat{Y}_A^T \\ \hat{Z}_A^T \end{bmatrix} \dots 3.4$$

Aquí ${}^B R_A$, la descripción del sistema {A} relativo a {B} es dado por la transpuesta de la ecuación 3.3, esto es:

$${}^B R_A = {}^A R_B^T$$

Esto sugiere que la inversa de una matriz de rotación es igual a su transpuesta, se puede verificar si:

$${}^A R_B^T {}^A R_B = \begin{bmatrix} \hat{X}_B^T \\ \hat{Y}_B^T \\ \hat{Z}_B^T \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{X}_B, \hat{Y}_B, \hat{Z}_B \end{bmatrix} = I_3$$

donde I_3 es la matriz identidad de 3x3, por lo que ${}^A R_B = {}^B R_A^{-1} = {}^B R_A^T$.

▪ 3.1.3 Descripción del marco de referencia

El marco de referencia, es un conjunto de cuatro vectores dando información de posición y orientación. La descripción de un marco de referencia puede darse a través de un vector de posición y una matriz de rotación. Es un sistema coordinado, en el que además de la orientación se da un vector de posición que localiza su origen relativo a otro sistema coordinado.

✓ 3.2 Generación de trayectoria

La trayectoria se refiere a una historia de tiempo de posición, velocidad, y aceleración para cada grado de libertad [1]. Se debe tener la capacidad de especificar trayectorias con simples descripciones del movimiento deseado, y dejar que el sistema configure los detalles.

El control del camino seguido por el robot, puede requerir control de velocidad con un límite superior de aceleración a lo largo de la curva completa de trayectoria. Aunque no sea requerido un control completo de aceleración, existen restricciones impuestas por:

1. El máximo torque para cada actuador.
2. Las limitaciones mecánicas para juntas y uniones.
3. Las fuerzas de agarre sobre los objetos en los órganos terminales del robot o manipulador. [2]

En algunas ocasiones es necesario especificar el movimiento en mucho mayor detalle, más que solamente dar la configuración final deseada. Una forma de hacerlo, es dar una secuencia de puntos deseados o intermedios en el camino entre las posiciones inicial y final, estos puntos realmente son marcos de referencia que dan orientación y posición en cada paso. También se puede dar el tiempo de ejecución que es un atributo temporal a diferencia de la orientación y posición que son espaciales.

Usualmente, es deseable que el movimiento del manipulador sea suavizado, esto es que para la función de movimiento se tenga continuidad y primera derivada. Algunas veces también se desea que exista la segunda derivada. El movimiento jerk tiende a causar incrementos de uso en los mecanismos, y causa vibración por resonancia de excitación en el manipulador. Para garantizar trayectorias suaves, se ponen ciertos tipos de restricciones en las cualidades espaciales y temporales, existen muchas aproximaciones en [3] y [4].

✓ 3.3 Polinomio de quinto grado

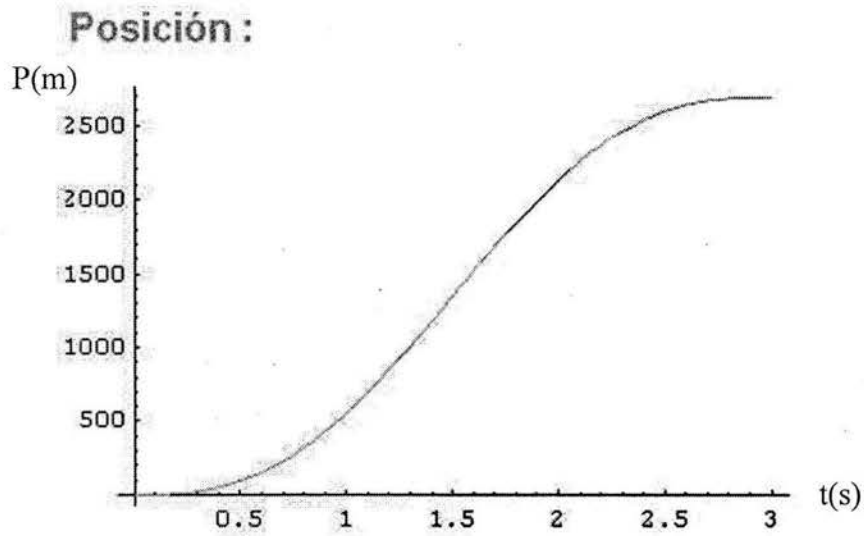
Cuando deseamos especificar la posición, velocidad y aceleración al inicio y al final de un segmento de camino, se requiere de un polinomio de grado quinto. Las ecuaciones matemáticas así como las derivadas respectivas son las siguientes:

$$\text{Posición} \quad q(t) = a_0 + a_1t + a_2t^2 + a_3t^3 + a_4t^4 + a_5t^5 \quad 3.5$$

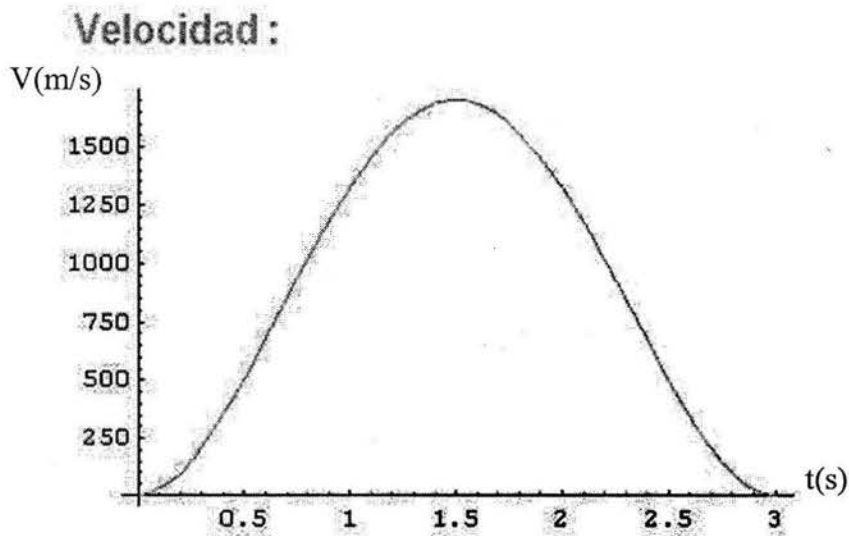
$$\text{Velocidad} \quad \dot{q}(t) = \frac{dq(t)}{dt} = a_1 + 2a_2t + 3a_3t^2 + 4a_4t^3 + 5a_5t^4 \quad 3.6$$

$$\text{Aceleración} \quad \ddot{q}(t) = \frac{d^2q(t)}{dt^2} = 2a_2 + 6a_3t + 12a_4t^2 + 20a_5t^3 \quad 3.7$$

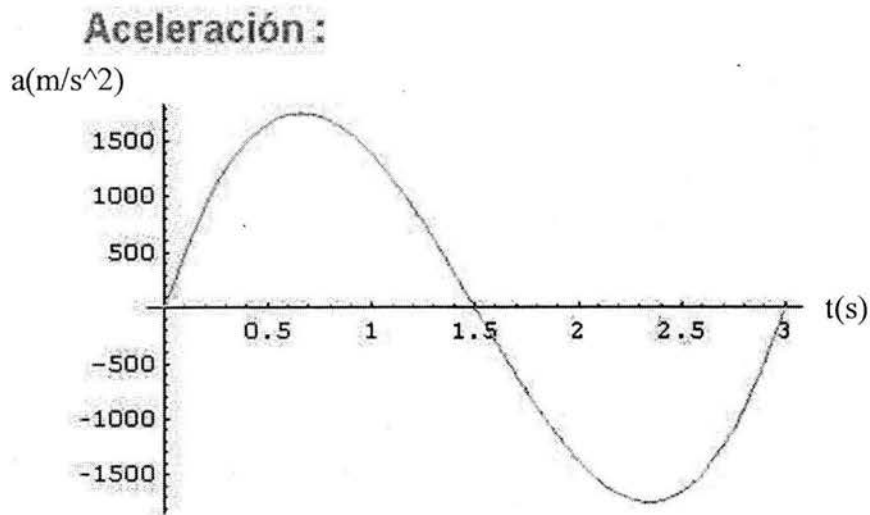
En las gráficas que se muestran a continuación, el eje horizontal representa el tiempo, el eje vertical representa posición velocidad y aceleración respectivamente para cada una.



Gráfica 3.1 Posición utilizando polinomio de grado quinto.



Gráfica 3.2 Velocidad utilizando polinomio de grado quinto.



Gráfica 3.3 Aceleración utilizando polinomio de grado quinto.

Evaluando para las condiciones iniciales y finales en $t = 0$ y $t = t_f$, así como en un punto intermedio $t = t_f / 2$, se obtienen los siguientes resultados:

t=0	t=t/2	t=tf
$q(0) = 0$	$q(t_f / 2) = d_{TOTAL} / 2$	$q(t_f) = d_{TOTAL}$
$\dot{q}(0) = 0$	$\dot{q}(t_f / 2) = desconocido$	$\dot{q}(t_f) = 0$
$\ddot{q}(0) = 0$	$\ddot{q}(t_f / 2) = 0$	$\ddot{q}(t_f) = 0$

Tabla 3.1 Condiciones de evaluación, polinomio de grado quinto.

Sustituyendo en las ecuaciones 3.5, 3.6 y 3.7 para las condiciones inicial y final de la tabla 3.1, se obtienen los valores de los coeficientes a_i :

Para $t = 0$:

$$q(0) = 0 = a_0 \quad \therefore a_0 = 0$$

$$\dot{q}(0) = 0 = a_1 \quad \therefore a_1 = 0$$

$$\ddot{q}(0) = 0 = 2a_2 \quad \therefore a_2 = 0$$

Para $t = t_f$:

$$q(t_f) = d_{TOTAL} = a_3 t_f^3 + a_4 t_f^4 + a_5 t_f^5 \quad 3.5a$$

$$\dot{q}(t_f) = 0 = 3a_3 t_f^2 + 4a_4 t_f^3 + 5a_5 t_f^4 \quad 3.6a$$

$$\ddot{q}(t_f) = 0 = 6a_3 t_f + 12a_4 t_f^2 + 20a_5 t_f^3 \quad 3.7a$$

En forma matricial: $Ax = b$, $Ix = A^{-1}b$

$$\begin{pmatrix} t_f^3 & t_f^4 & t_f^5 \\ 3t_f^2 & 4t_f^3 & 5t_f^4 \\ 6t_f & 12t_f^2 & 20t_f^3 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a_3 \\ a_4 \\ a_5 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} d_{TOTAL} \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Resolviendo la ecuación matricial anterior, se obtienen los coeficientes:

$$a_3 = 10 d_{TOTAL} \left(\frac{1}{t_f} \right)^3$$

$$a_4 = -15 d_{TOTAL} \left(\frac{1}{t_f} \right)^4$$

$$a_5 = 6 d_{TOTAL} \left(\frac{1}{t_f} \right)^5$$

Sustituyendo en las ecuaciones 3.5, 3.6 y 3.7 se obtienen las ecuaciones de suavización para un perfil de quinto grado.

$$q(t) = 10 d_{TOTAL} \left(\frac{1}{t_f} \right)^3 t^3 - 15 d_{TOTAL} \left(\frac{1}{t_f} \right)^4 t^4 + 6 d_{TOTAL} \left(\frac{1}{t_f} \right)^5 t^5$$

Simplificando

$$q(t) = d_{TOTAL} \left(10 \left(\frac{t}{t_f} \right)^3 - 15 \left(\frac{t}{t_f} \right)^4 + 6 \left(\frac{t}{t_f} \right)^5 \right) \dots 3.8$$

De forma similar para la velocidad y la aceleración

$$\dot{q}(t) = d_{TOTAL} \left(30 \frac{t^2}{t_f^3} - 60 \frac{t^3}{t_f^4} + 30 \frac{t^4}{t_f^5} \right) \dots 3.9$$

$$\ddot{q}(t) = d_{TOTAL} \left(60 \frac{t}{t_f^3} - 180 \frac{t^2}{t_f^4} + 120 \frac{t^3}{t_f^5} \right) \dots 3.10$$

Existen varios algoritmos para suavizar funciones que se basan en puntos dados con anterioridad, a este método se le conoce como Spline. [5], [6].

✓ 3.4 Polinomio de octavo grado

Para el caso de la utilización de un polinomio de octavo grado, las ecuaciones que representan la posición, velocidad y aceleración son las siguientes:

$$\text{Posición} \quad q(t) = a_0 + a_1 t + a_2 t^2 + a_3 t^3 + a_4 t^4 + a_5 t^5 + a_6 t^6 + a_7 t^7 + a_8 t^8 \quad 3.11$$

$$\text{Velocidad} \quad \dot{q}(t) = \frac{dq(t)}{dt} = a_1 + 2a_2 t + 3a_3 t^2 + 4a_4 t^3 + 5a_5 t^4 + 6a_6 t^5 + 7a_7 t^6 + 8a_8 t^7 \quad 3.12$$

$$\text{Aceleración} \quad \ddot{q}(t) = \frac{d^2 q(t)}{dt^2} = 2a_2 + 6a_3 t + 12a_4 t^2 + 20a_5 t^3 + 30a_6 t^4 + 42a_7 t^5 + 56a_8 t^6 \quad 3.13$$

Evaluando para las condiciones iniciales y finales en $t = 0$ y $t = t_f$, así como en un punto intermedio, $t = t_f / 2$ se obtienen los siguientes resultados:

t=0	t=t/2	t=tf
$q(0) = 0$	$q(t_f / 2) = d_{TOTAL} / 2$	$q(t_f) = d_{TOTAL}$
$\dot{q}(0) = 0$	$\dot{q}(t_f / 2) = V_{MAXIMA}$	$\dot{q}(t_f) = 0$
$\ddot{q}(0) = 0$	$\ddot{q}(t_f / 2) = 0$	$\ddot{q}(t_f) = 0$

Tabla 3.2 Condiciones de evaluación, polinomio de grado octavo.

Sustituyendo en las ecuaciones 3.11, 3.12 y 3.13 para las condiciones inicial y final de la tabla 3.2, se obtienen los valores de los coeficientes a_i :

Para $t = 0$:

$$q(0) = 0 = a_0 \quad \therefore a_0 = 0$$

$$\dot{q}(0) = 0 = a_1 \quad \therefore a_1 = 0$$

$$\ddot{q}(0) = 0 = 2a_2 \quad \therefore a_2 = 0$$

Para $t = t_f / 2$:

$$q(t_f / 2) = d_{TOTAL} / 2 = a_3(t_f / 2)^3 + a_4(t_f / 2)^4 + a_5(t_f / 2)^5 + a_6(t_f / 2)^6 + a_7(t_f / 2)^7 + a_8(t_f / 2)^8$$

$$\begin{aligned} \dot{q}(t_f / 2) = V_{MAXIMA} / 2 = & 3a_3(t_f / 2)^2 + 4a_4(t_f / 2)^3 + 5a_5(t_f / 2)^4 + 6a_6(t_f / 2)^5 \\ & + 7a_7(t_f / 2)^6 + 8a_8(t_f / 2)^7 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \ddot{q}(t_f / 2) = 0 = & 6a_3(t_f / 2) + 12a_4(t_f / 2)^2 + 20a_5(t_f / 2)^3 + 30a_6(t_f / 2)^4 \\ & + 42a_7(t_f / 2)^5 + 56a_8(t_f / 2)^6 \end{aligned}$$

Para $t = t_f$:

$$q(t_f) = d_{TOTAL} = a_3(t_f)^3 + a_4(t_f)^4 + a_5(t_f)^5 + a_6(t_f)^6 + a_7(t_f)^7 + a_8(t_f)^8$$

$$\dot{q}(t_f) = 0 = 3a_3(t_f)^2 + 4a_4(t_f)^3 + 5a_5(t_f)^4 + 6a_6(t_f)^5 + 7a_7(t_f)^6 + 8a_8(t_f)^7$$

$$\ddot{q}(t_f) = 0 = 6a_3(t_f) + 12a_4(t_f)^2 + 20a_5(t_f)^3 + 30a_6(t_f)^4 + 42a_7(t_f)^5 + 56a_8(t_f)^6$$

En forma matricial: $Ax = b$, $Ix = A^{-1}b$

$$\begin{pmatrix} t_f^3/8 & t_f^4/16 & t_f^5/32 & t_f^6/64 & t_f^7/128 & t_f^8/256 \\ 3t_f^2/4 & 4t_f^3/8 & 5t_f^4/16 & 6t_f^5/32 & 7t_f^6/64 & 8t_f^7/128 \\ 6t_f/2 & 12t_f^2/4 & 20t_f^3/8 & 30t_f^4/16 & 42t_f^5/32 & 56t_f^6/64 \\ t_f^3 & t_f^4 & t_f^5 & t_f^6 & t_f^7 & t_f^8 \\ 3t_f^2 & 4t_f^3 & 5t_f^4 & 6t_f^5 & 7t_f^6 & 8t_f^7 \\ 6t_f & 12t_f^2 & 20t_f^3 & 30t_f^4 & 42t_f^5 & 56t_f^6 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \\ a_7 \\ a_8 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} d_{TOTAL}/2 \\ V_{MAXIMA} \\ 0 \\ d_{TOTAL} \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

Resolviendo la ecuación matricial anterior, se obtienen los coeficientes:

$$a_3 = \frac{70d_{TOTAL}}{t_f^3} - \frac{32V_{MAXIMA}}{t_f^2}$$

$$a_4 = -\frac{315d_{TOTAL}}{t_f^4} + \frac{160V_{MAXIMA}}{t_f^3}$$

$$a_5 = \frac{546d_{TOTAL}}{t_f^5} - \frac{288V_{MAXIMA}}{t_f^4}$$

$$a_6 = -\frac{420d_{TOTAL}}{t_f^6} + \frac{224V_{MAXIMA}}{t_f^5}$$

$$a_7 = \frac{120d_{TOTAL}}{t_f^7} - \frac{64V_{MAXIMA}}{t_f^6}$$

$$a_8 = 0$$

Sustituyendo en las ecuaciones 3.11, 3.12 y 3.13 se obtienen las ecuaciones de suavización para un perfil de octavo grado.

$$q(t) = \left(\left(\frac{70 d_{TOTAL}}{t_f^3} \right) t^3 - \left(\frac{315 d_{TOTAL}}{t_f^4} \right) t^4 + \left(\frac{546 d_{TOTAL}}{t_f^5} \right) t^5 - \left(\frac{420 d_{TOTAL}}{t_f^6} \right) t^6 + \left(\frac{120 d_{TOTAL}}{t_f^7} \right) t^7 \right) + V_{MAXIMA} \left(-\frac{32 t^3}{t_f^2} + \frac{160 t^4}{t_f^3} - \frac{288 t^5}{t_f^4} + \frac{224 t^6}{t_f^5} - \frac{64 t^7}{t_f^6} \right) \dots 3.14$$

$$\dot{q}(t) = d_{TOTAL} \left(\left(\frac{210}{t_f^3} \right) t^2 - \left(\frac{1260}{t_f^4} \right) t^3 + \left(\frac{2730}{t_f^5} \right) t^4 - \left(\frac{2520}{t_f^6} \right) t^5 + \left(\frac{840}{t_f^7} \right) t^6 \right) + V_{MAXIMA} \left(-\frac{96 t^2}{t_f^2} + \frac{640 t^3}{t_f^3} - \frac{1440 t^4}{t_f^4} + \frac{1344 t^5}{t_f^5} - \frac{448 t^6}{t_f^6} \right) \dots 3.15$$

$$\ddot{q}(t) = d_{TOTAL} \left(\left(\frac{420}{t_f^3} \right) t - \left(\frac{3780}{t_f^4} \right) t^2 + \left(\frac{10920}{t_f^5} \right) t^3 - \left(\frac{12600}{t_f^6} \right) t^4 + \left(\frac{5040}{t_f^7} \right) t^5 \right) + V_{MAXIMA} \left(-\frac{192 t}{t_f^2} + \frac{1920 t^2}{t_f^3} - \frac{5760 t^3}{t_f^4} + \frac{6720 t^4}{t_f^5} - \frac{2688 t^5}{t_f^6} \right) \dots 3.16$$

✓ 3.5 Torque

Ahora se considerarán las ecuaciones de movimiento para un manipulador, la forma en que el movimiento del manipulador resulta de la aplicación de un torque por los actuadores, o por fuerzas externas aplicadas al manipulador. Se realiza un balance de fuerzas y momentos basado en un diagrama de cuerpo libre, cada eslabón tiene fuerzas y torques actuando en el causadas por los eslabones vecinos, aparte de las fuerzas inerciales propias.[1]

f_i = Fuerza que actúa en el eslabón i debido al eslabón $i-1$.

n_i = Torque que actúa en el eslabón i debido al eslabón $i-1$.

f_{i+1} = Fuerza que actúa en el eslabón i debido al eslabón $i+1$.

n_{i+1} = Torque que actúa en el eslabón i debido al eslabón $i+1$.

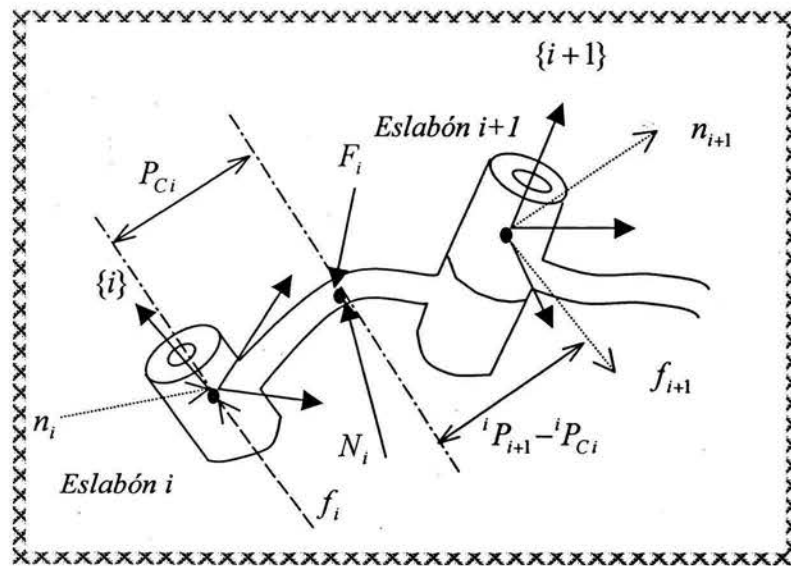


Figura 3.1. Balance de fuerzas.

Sumando las fuerzas que actúan en el eslabón i , obtenemos a partir de un balance de fuerzas:

$${}^i F_i = f_i - {}^{i+1}R^{i+1} f_{i+1} \dots 3.17$$

Al sumar los torques alrededor del centro de masa y haciendo una igualación a cero, se obtiene la siguiente ecuación:

$${}^i n_i - {}^i N_i - {}^i n_{i+1} + ({}^i P_{Ci}) \times {}^i f_i - ({}^i P_{i+1} - {}^i P_{Ci}) \times {}^i f_{i+1} = 0 \quad \dots 3.18$$

Despejando ${}^i N_i$ se obtiene:

$${}^i N_i = {}^i n_i - {}^i n_{i+1} + ({}^i P_{Ci}) \times {}^i f_i - ({}^i P_{i+1} - {}^i P_{Ci}) \times {}^i f_{i+1} \quad \dots 3.18a$$

Utilizando la ecuación 3.17 y añadiendo matrices de rotación, podemos escribir la ecuación 3.18a como:

$${}^i N_i = {}^i n_i - {}^{i+1} R \quad {}^{i+1} n_{i+1} - {}^i P_{Ci} \times {}^i F_i - {}^i P_{i+1} \times {}^{i+1} R \quad {}^{i+1} f_{i+1} \quad \dots 3.19$$

Finalmente, reacomodando las ecuaciones de fuerza y torque, de tal forma que a parezcan como relaciones iterativas de un componente de mayor número a uno de menor número.

$${}^i f_i = {}^{i+1} R^{i+1} f_{i+1} + {}^i F_i \quad \dots 3.20$$

$${}^i n_i = {}^i N_i + {}^{i+1} R \quad {}^{i+1} n_{i+1} + {}^i P_{Ci} \times {}^i F_i + {}^i P_{i+1} \times {}^{i+1} R \quad {}^{i+1} f_{i+1} \quad \dots 3.21$$

Estas ecuaciones son evaluadas eslabón por eslabón a partir del eslabón n , trabajando hacia adentro hasta la base del robot. Como en el caso estático, los torques requeridos se encuentran al tomar el componente \hat{Z} del torque aplicado por un eslabón hacia su vecino:

$$\tau_i = {}^i n_i^T \quad {}^i \hat{Z}_i \quad \dots 3.22$$

Para las juntas prismáticas $i+1$, usamos:

$$\tau_i = {}^i f_i^T \quad {}^i \hat{Z}_i \quad \dots 3.23$$

τ representa una fuerza actuante lineal.

✓ 3.6 Algoritmo dinámico iterativo de Newton-Euler

El algoritmo para calcular los torques a partir del movimiento de las juntas, se compone de dos partes. Primero, las velocidades y aceleraciones de los eslabones son iterativamente calculadas desde el eslabón 1 hacia fuera. Hasta el eslabón n y las ecuaciones de Newton-Euler son aplicadas en cada eslabón. Segundo, fuerzas y torques son calculados recursivamente desde el eslabón n hacia atrás hasta el eslabón 1. Las ecuaciones para el caso de todas las juntas rotacionales son las siguientes:

Iteración hacia fuera: $i: 0 \rightarrow 5$

$${}^{i+1}\omega_{i+1} = {}^{i+1}R^i \omega_i + \dot{\theta}_{i+1} \hat{Z}_{i+1}$$

$${}^{i+1}\dot{\omega}_{i+1} = {}^{i+1}R^i \dot{\omega}_i + {}^{i+1}R^i \omega_i \times \dot{\theta}_{i+1} \hat{Z}_{i+1} + \ddot{\theta}_{i+1} \hat{Z}_{i+1}$$

$${}^{i+1}v_{i+1} = {}^{i+1}R^i (\omega_i \times {}^iP_{i+1} + \omega_i \times (\omega_i \times {}^iP_{i+1}) + v_i)$$

$${}^{i+1}v_{Ci+1} = \omega_{i+1} \times {}^{i+1}P_{Ci+1} + \omega_{i+1} \times (\omega_{i+1} \times {}^{i+1}P_{Ci+1}) + v_{i+1}$$

$${}^{i+1}F_{i+1} = m_{i+1} v_{Ci+1}$$

$${}^{i+1}N_{i+1} = {}^{Ci+1}I_{i+1} \dot{\omega}_{i+1} + \omega_{i+1} \times {}^{Ci+1}I_{i+1} \omega_{i+1}$$

Iteración hacia fuera: $i: 6 \rightarrow 1$

$${}^i f_i = {}^iR^{i+1} f_{i+1} + {}^iF_i$$

$${}^i n_i = {}^iN_i + {}^iR^{i+1} n_{i+1} + {}^iP_{Ci} \times {}^iF_i + {}^iP_{i+1} \times {}^iR^{i+1} f_{i+1}$$

$$\tau_i = {}^i n_i^T \hat{Z}_i$$

C_i tiene su origen en el centro de masa del eslabón.

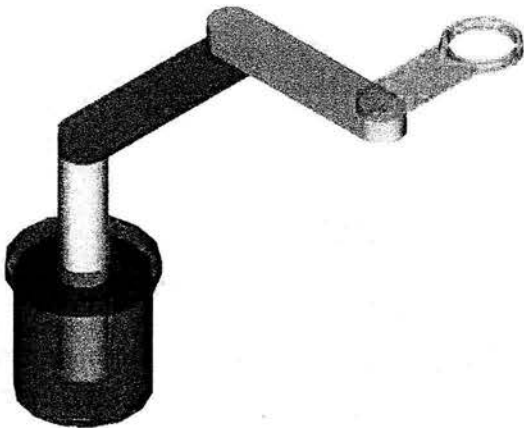
El efecto de la gravedad en los eslabones, se puede incluir de forma simple, con ${}^0 \dot{v}_0 = G$, donde G es el vector gravitacional.

✓ 3.7 Bibliografía

- [1] John J. Craig. *Introduction to Robotics, mechanics and control*. Second Edition 1989.
- [2] Robert E. Parkin. *Applied Robotic Analysis*. University of Lowell (1991).
- [3] R. P. Paul, H. Zong. *Robot Motion Trajectory Specification and Generation*. Second International Symposium on Robotics Research, Kyoto, Japan, Agosto 1984.
- [4] R. Taylor. *Planning and Execution of Straight Line Manipulator Trajectories*. In *Robot Motion*, Brady Editors, MIT Press, 1983.
- [5] C. DeBoor. *A Practical Guide to Splines*. Springer-Verlag, New York, 1978.
- [6] D. Rogers, J. A. Adams. *Mathematical Elements for Computer Graphics*, McGraw-Hill, 1976.
- [7] Juárez Campos Ignacio. *Sobre las regiones articulares y su aplicación en el mejoramiento del desempeño de un manipulador mediante estrategias evolutivas*. Tesis doctoral 2002 DEPI UNAM.

4

Diseño Evolutivo de un Manipulador



- 4.1 Objetivos
- 4.2 Definición del problema
- 4.3 Hipótesis
- 4.4 Condiciones del experimento
- 4.5 Cálculo de torques
- 4.6 Trayectoria
- 4.7 Perfil de Trayectoria
- 4.8 Tiempo mínimo
- 4.9 Parámetros del algoritmo genético
- 4.10 Bibliografía

“Determinación de la Máxima Productividad del Transporte de Discos de Silicio Mediante un Manipulador PRRRd y una Trayectoria de Grado 8”

✓ **4.1 Objetivos**

- ♦ Determinar la máxima productividad de un manipulador PRRRd empleado en el transporte de discos de silicio en un proceso de cuarto limpio, atendiendo a la región geométrica por la cual se desplaza el órgano terminal del mismo.

✓ **4.2 Definición del problema**

Se tiene una región geométrica que es la óptima, generando la máxima productividad. El problema es el siguiente: ¿Cuál es la mejor región geométrica que proporciona la mayor productividad sin sobrepasar los pares motrices máximos de los actuadores en las articulaciones?.

La productividad se determina de acuerdo a la siguiente ecuación:

$$productividad = \frac{86400}{2 * t_{f\text{ solución}}} \left(\frac{\text{ciclos}}{\text{jornada}} \right) \dots ec(A).$$

✓ **4.3 Hipótesis**

Establecimiento de hipótesis: Se sospecha que existe una región geométrica, la cual proporciona la máxima productividad sin sobrepasar los pares motrices máximos.

✓ 4.4 Condiciones del experimento

Lugar geométrico de la trayectoria: Dado que los discos de silicio sólo pueden ser tomados o depositados de manera radial, se tienen dos segmentos rectilíneos al inicio y fin del trayecto, los demás segmentos que unen estas dos rectas pueden ser los siguientes:

Segmentos circulares (círculos de entrada o salida, figura 4.1) que unen a las rectas con los círculos equipotenciales de manera tangencial.

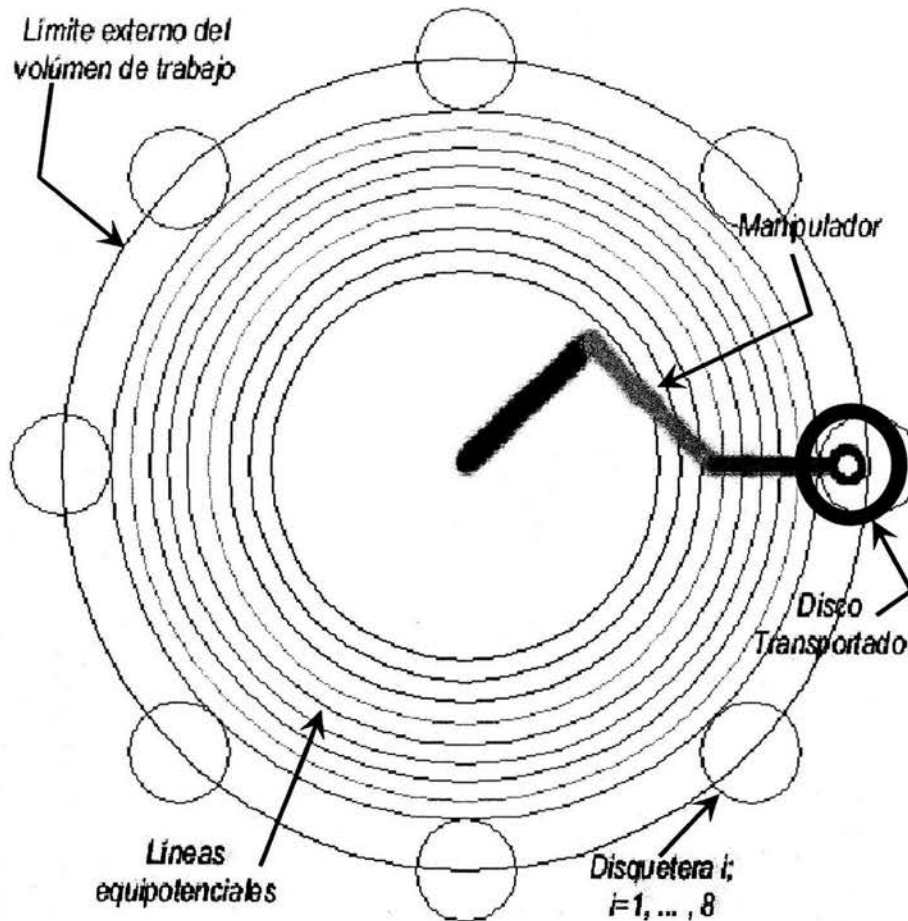


Figura 4.1. Vista superior de las disqueteras y manipulador

Los segmentos circulares de las líneas equipotenciales conectados a los segmentos del punto anterior, figura 4.2.

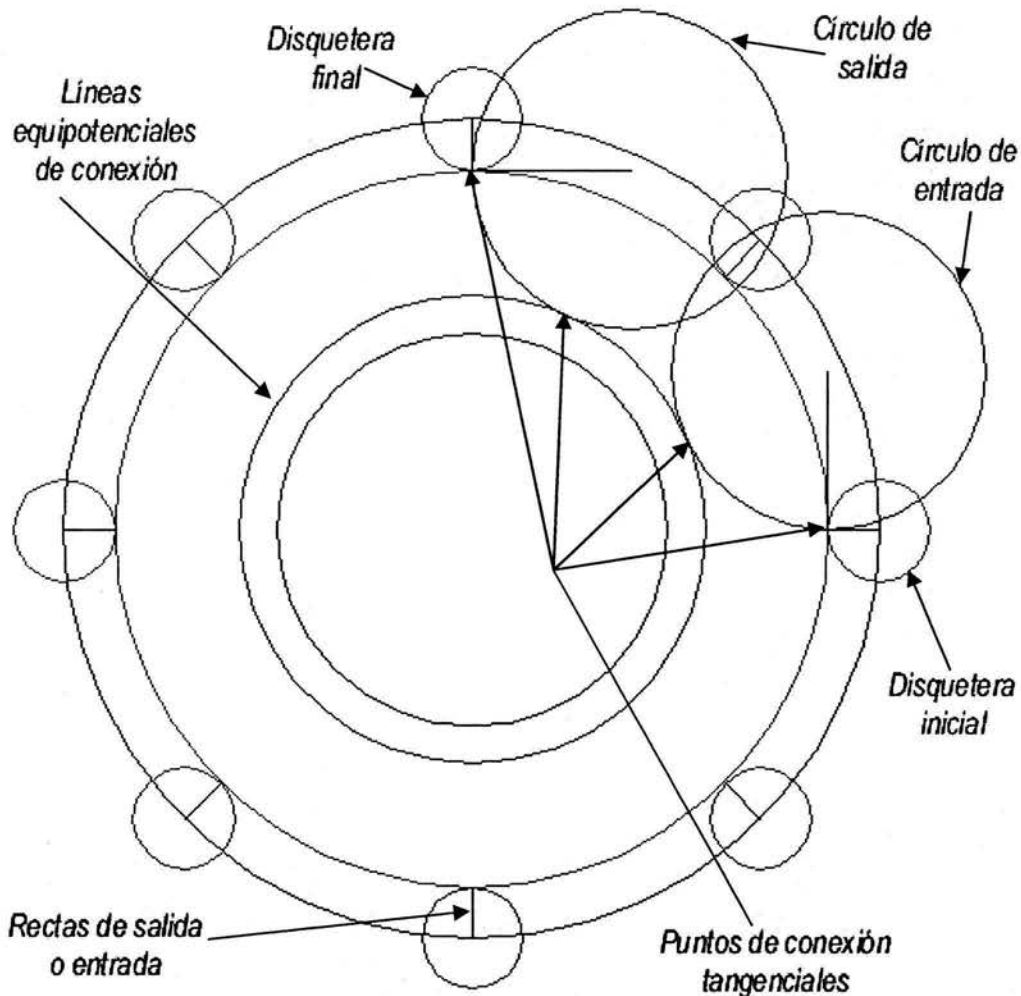


Figura 4.2. Una posible trayectoria seguida por el manipulador.

El movimiento sería el siguiente: (1) salir de la disquetera inicial, de manera radial, siguiendo una línea recta; (2) al final de la recta, entrar a un segmento circular, tangente a la anterior recta; (3) al final del segmento circular de entrada, tomar la línea equipotencial de manera tangencial; (4) al final del segmento equipotencial. Tomar el círculo de salida de manera tangencial, (5) al final del segmento circular de salida, tomar la línea recta en el punto tangente; (6) por último, colocar el objeto en la disquetera final.

Límite de los pares motrices: los límites de los pares motrices ofrecidos por los actuadores de las articulaciones rotativas, se muestran en la tabla siguiente:

	Motor articulación 2	Motor articulación 1
Par motriz máximo	0.01 Nm	0.01 Nm

Tabla 4.1: Pares motrices máximos de los motores de las articulaciones involucradas

Manipulador: las longitudes de cada uno de los eslabones y sus valores primarios, obtenidos de [1], se muestran en la tabla siguiente:

	$r_{\text{eslabón1}}$	$h_{\text{eslabón1}}$	Material		
Eslabón 1	15 mm	150 mm	Aluminio		

	e_{i-1}	a_{i-1}	l_{i-1}	Δl_{i-1}	Material
Eslabón i=2	5 mm	15 mm	172.3 mm	0	Aluminio
Eslabón i=3	5 mm	15 mm	172.3 mm	0	Aluminio
Eslabón i=4	5 mm	15 mm	135.4 mm	0	Aluminio

Tabla 4.2: Características primarias del manipulador.

Perfil de trayectoria: Se utiliza un polinomio de grado 8, con un valor de *índice_m*=1.666, obtenido en el trabajo doctoral [1].

✓ 4.5 Cálculo de los torques

En la figura 4.3 se muestra el manipulador serial genérico de cuatro articulaciones. La primera es prismática, las restantes son rotacionales.

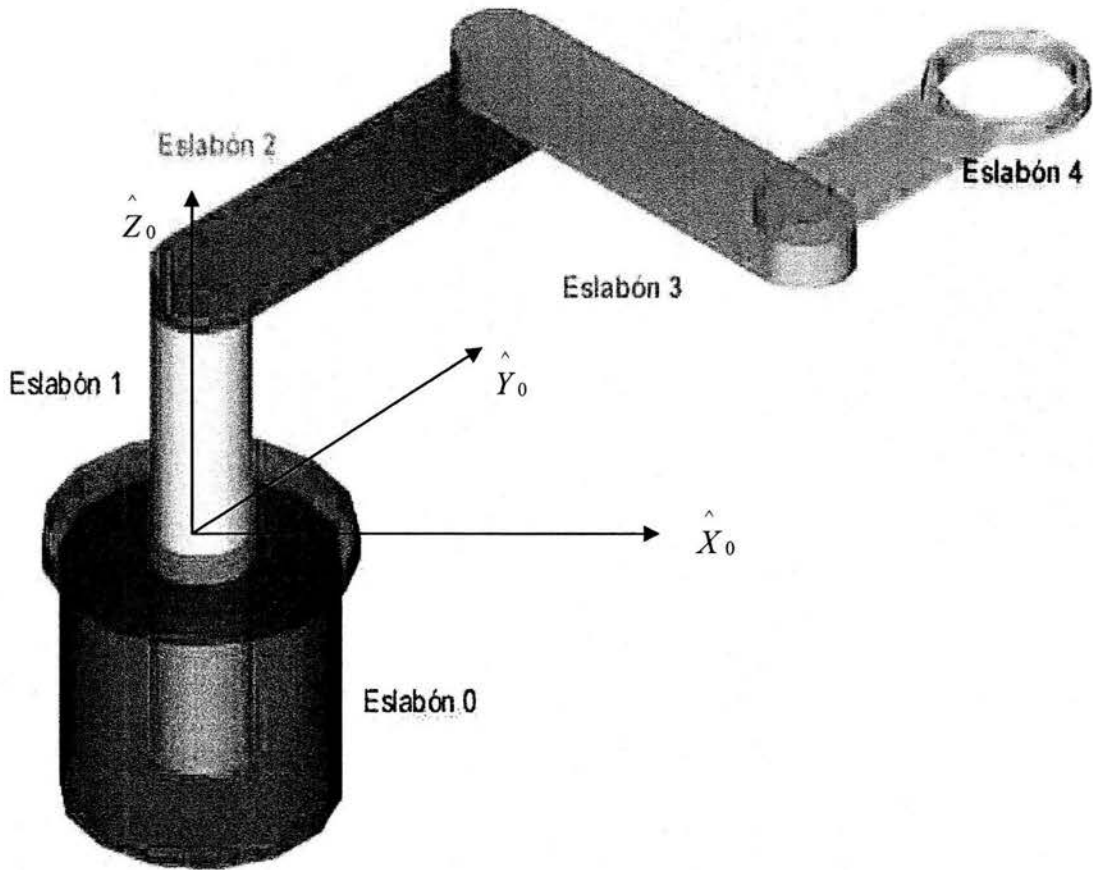


Figura 4.3. Base ortonormal inercial del manipulador.

Existen dos restricciones mecánicas básicas en el manipulador genérico, éstas son:

- ♦ Para cualquiera de las dos soluciones del espacio operacional, el ángulo entre los eslabones 2 y 3 está comprendido entre 0° y 180° , $\gamma \in [0, \pi]$.
- ♦ El ángulo α , que define la orientación del órgano terminal del manipulador es dependiente de la posición del mismo, $\alpha = \tan^{-1}\left(\frac{y_{or}}{x_{or}}\right)$. Esto implica que la cuarta variable articular θ_4 es dependiente de la segunda y tercera, θ_2 y θ_3 .

La ubicación de los ejes coordenados sobre el cuerpo se muestran en la figura siguiente:

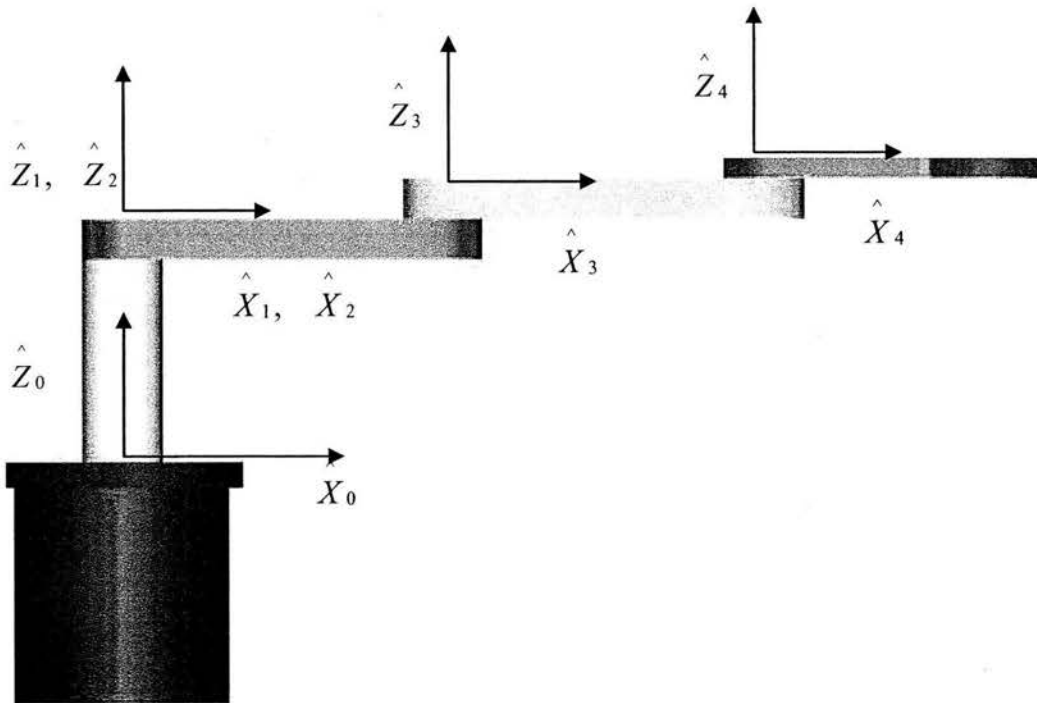


Figura 4.4. Ejes coordenados.

Se deben determinar las fuerzas y los momentos que actúan en cada eslabón, mismos que se muestran en la figura 4.5, los diagramas de cuerpo libre asociados se muestran en la figura 4.6

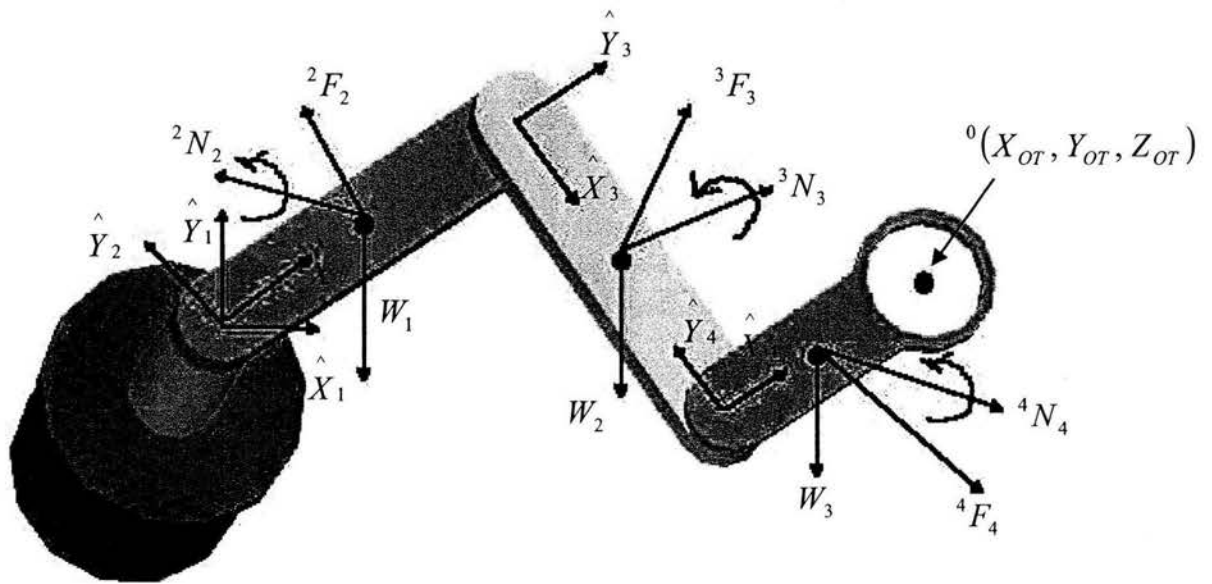


Figura 4.5. Fuerzas y Momentos actuantes.

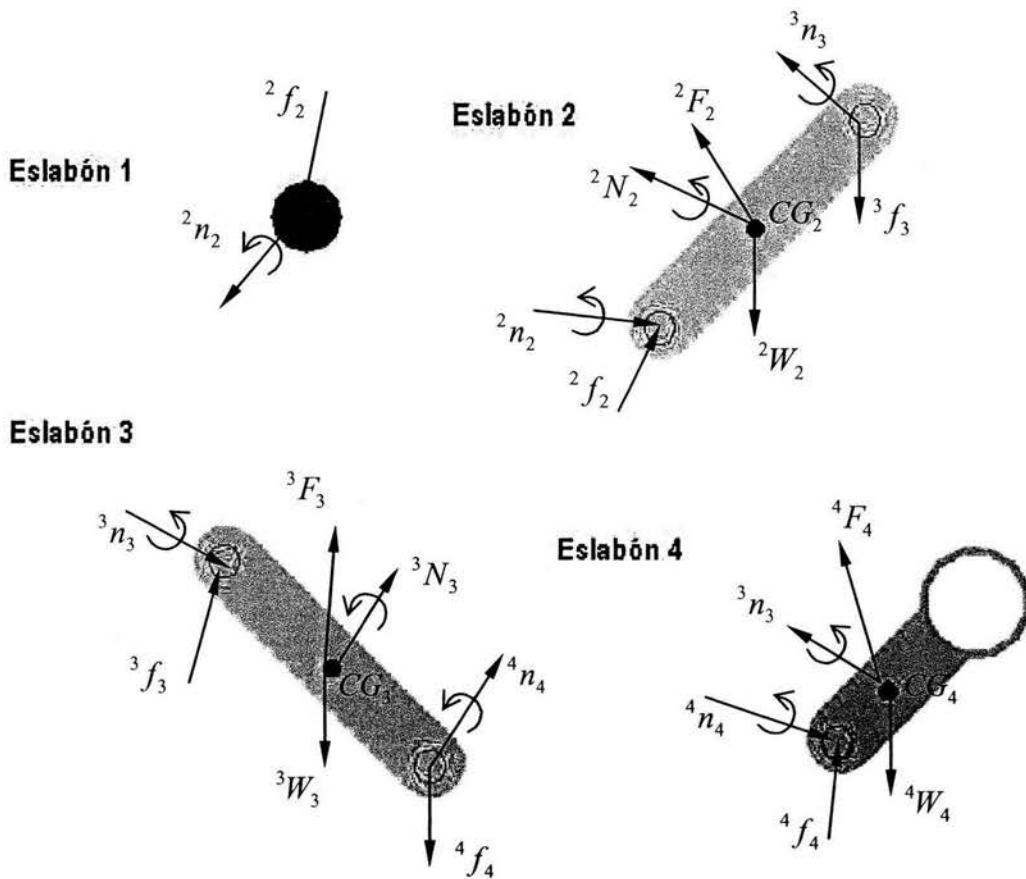


Figura 4.6. Diagramas de cuerpo libre.

Para el eslabón 4:

$$\sum F = ma$$

$${}^4F_4 = {}^4f_4 + {}^4W_4$$

$${}^4f_4 = {}^4F_4 - {}^4W_4$$

$${}^4f_4 = m_4 {}^4a_{CG4} - R_0^4 {}^0W_4$$

$${}^4f_4 = m_4 ({}^4a_{CG4} - R_3^4 R_2^3 R_1^2 R_0^1 g_4) \dots \text{ec(4.1).}$$

Sumatoria de momentos (punto de aplicación CG4):

$${}^4N_4 = {}^4n_4 + ({}^{-4}P_{CG4}) \otimes {}^4f_4$$

$${}^4n_4 = {}^4N_4 + {}^4P_{CG4} \otimes {}^4f_4$$

$${}^4n_4 = {}^4N_4 + {}^4P_{CG4} \otimes [m_4 ({}^4a_{CG4} - R_3^4 R_2^3 R_1^2 R_0^1 g_4)] \dots \text{ec(4.2)}$$

La aceleración tiene dos componentes:

$$a_R = \omega \otimes (\omega \otimes r) \quad a_R = \text{aceleración radial}$$

$$a_T = \alpha \otimes r \quad a_T = \text{aceleración tangencial}$$

$${}^4a_{CG4} = {}^4a_{TCG4} + {}^4a_{RCG4} + {}^4a_4$$

$${}^4a_4 = {}^4a_{T4} + {}^4a_{R4} + {}^3a_3$$

$${}^3a_3 = {}^3a_{T3} + {}^3a_{R3} + {}^2a_2$$

$${}^2a_2 = \dot{d}$$

$$d = z_{OT} - e_1 - e_2 - \frac{e_3}{2} - \Delta e_1 - \Delta e_2 - \Delta e_3$$

Por lo que:

$${}^4a_{CG4} = {}^4\alpha_4 \otimes {}^4P_{CG4} + {}^4\omega_4 \otimes ({}^4\omega_4 \otimes {}^4P_{CG4}) + {}^4a_{T4} + {}^4a_{R4} + {}^3a_{T3} + {}^3a_{R3} + {}^2a_2$$

$${}^4a_{CG4} = {}^4\alpha_4 \otimes {}^4P_{CG4} + {}^4\omega_4 \otimes ({}^4\omega_4 \otimes {}^4P_{CG4}) + [R_3^4 ({}^3\alpha_3 \otimes {}^3P_4 + {}^3\omega_3 \otimes ({}^3\omega_3 \otimes {}^3P_4))] + [R_2^3 R_3^4 ({}^2\alpha_2 \otimes {}^2P_3 + {}^2\omega_2 \otimes ({}^2\omega_2 \otimes {}^2P_3))] \dots \text{ec(4.3)}$$

donde:

$${}^4\alpha_4 = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \ddot{\theta}_2 + \ddot{\theta}_3 + \ddot{\theta}_4 \end{pmatrix}, \quad {}^4\omega_4 = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 + \dot{\theta}_4 \end{pmatrix}, \quad {}^3\alpha_3 = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \ddot{\theta}_2 + \ddot{\theta}_3 \end{pmatrix}, \quad {}^3\omega_3 = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 \end{pmatrix}, \quad {}^2\alpha_2 = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \ddot{\theta}_2 \end{pmatrix},$$

$${}^2\omega_2 = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \dot{\theta}_2 \end{pmatrix}, \quad {}^4P_{CG4} = \begin{pmatrix} \frac{l_3}{2} \\ 0 \\ -e_4 \\ 2 \end{pmatrix}, \quad {}^3P_4 = \begin{pmatrix} l_3 \\ 0 \\ e_4 + \Delta e_3 \end{pmatrix}, \quad {}^2P_3 = \begin{pmatrix} l_2 \\ 0 \\ e_3 + \Delta e_2 \end{pmatrix},$$

$$R_3^4 = R_4^{3T} = \begin{pmatrix} \cos\theta_4 & \text{sen}\theta_4 & 0 \\ -\text{sen}\theta_4 & \cos\theta_4 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}, \quad R_2^3 = R_3^{2T} = \begin{pmatrix} \cos\theta_3 & \text{sen}\theta_3 & 0 \\ -\text{sen}\theta_3 & \cos\theta_3 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix},$$

$$R_1^2 = R_2^{1T} = \begin{pmatrix} \cos\theta_2 & \text{sen}\theta_2 & 0 \\ -\text{sen}\theta_2 & \cos\theta_2 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}, \quad R_0^1 = R_1^{0T} = \begin{pmatrix} \cos\theta_1 & \text{sen}\theta_1 & 0 \\ -\text{sen}\theta_1 & \cos\theta_1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix},$$

Sustituyendo la ecuación (4.3) en la ecuación (4.2):

$${}^4n_4 = {}^4N_4 + {}^4P_{CG4} \otimes \left[m_4 \left[\begin{array}{l} \left[{}^4\alpha_4 \otimes {}^4P_{CG4} + {}^4\omega_4 \otimes ({}^4\omega_4 \otimes {}^4P_{CG4}) + [R_3^4 ({}^3\alpha_3 \otimes {}^3P_4 + {}^3\omega_3 \otimes ({}^3\omega_3 \otimes {}^3P_4))] \right] \\ + [R_2^3 R_3^4 ({}^2\alpha_2 \otimes {}^2P_3 + {}^2\omega_2 \otimes ({}^2\omega_2 \otimes {}^2P_3))] \\ - R_3^4 R_2^3 R_1^2 R_0^1 g_4 \end{array} \right] \right] \dots \text{ec(4.4)}$$

Nota: Para una matriz de rotación alrededor del eje z, se tiene lo siguiente:

$$R_B^A = \begin{pmatrix} \cos^A\theta_B & -\text{sen}^A\theta_B & 0 \\ \text{sen}^A\theta_B & \cos^A\theta_B & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

Tomando en cuenta la ecuación de Euler:

$${}^A N = {}^A I \ddot{\phi}_B + {}^A \dot{\phi}_B \otimes {}^A I \dot{\phi}_B \dots \text{ec(4.5)}$$

Utilizando la ecuación (4.5) en la ecuación (4.4):

$${}^4 n_4 = \left[{}^{CG4} I_4 \quad {}^4 \alpha_4 + {}^4 \omega_4 \otimes {}^{CG4} I_4 \quad {}^4 \omega_4 \right] + {}^4 P_{CG4} \otimes \left[m_4 \left[\begin{array}{l} \left({}^4 \alpha_4 \otimes {}^4 P_{CG4} + {}^4 \omega_4 \otimes ({}^4 \omega_4 \otimes {}^4 P_{CG4}) + [R_3^4 ({}^3 \alpha_3 \otimes {}^3 P_4 + {}^3 \omega_3 \otimes ({}^3 \omega_3 \otimes {}^3 P_4))] \right) \\ + [R_2^3 R_3^4 ({}^2 \alpha_2 \otimes {}^2 P_3 + {}^2 \omega_2 \otimes ({}^2 \omega_2 \otimes {}^2 P_3))] \\ - R_3^4 R_2^3 R_1^2 R_0^1 g_4 \end{array} \right] \right] \dots \text{ec(4.6)}$$

Usando la siguiente igualdad:

$$S \otimes = \begin{pmatrix} 0 & -z & y \\ z & 0 & -x \\ -y & x & 0 \end{pmatrix},$$

En forma matricial la ecuación (4.6) es:

$$\begin{aligned}
 {}^4n_4 = & \left[\begin{pmatrix} i_{xx4} & 0 & 0 \\ 0 & i_{yy4} & 0 \\ 0 & 0 & i_{zz4} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \ddot{\theta}_2 + \ddot{\theta}_3 + \ddot{\theta}_4 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 & -(\dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 + \dot{\theta}_4) & 0 \\ \dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 + \dot{\theta}_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} i_{xx4} & 0 & 0 \\ 0 & i_{yy4} & 0 \\ 0 & 0 & i_{zz4} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ \dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 + \dot{\theta}_4 \end{pmatrix} \right] + \\
 & \left| \frac{1}{2} \begin{pmatrix} 0 & e_4 & 0 \\ -e_4 & 0 & -l_3 \\ 0 & l_3 & 0 \end{pmatrix} * m_4 * \left| \begin{pmatrix} 0 & -(\ddot{\theta}_2 + \ddot{\theta}_3 + \ddot{\theta}_4) & 0 \\ \ddot{\theta}_2 + \ddot{\theta}_3 + \ddot{\theta}_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} l_3 \\ 2 \\ -e_4 \\ 2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 & -(\dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 + \dot{\theta}_4) & 0 \\ \dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 + \dot{\theta}_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} * \right. \\
 & \left. \left| \begin{pmatrix} 0 & -(\dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 + \dot{\theta}_4) & 0 \\ \dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 + \dot{\theta}_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} l_3 \\ 2 \\ -e_4 \\ 2 \end{pmatrix} \right| + \left| \begin{pmatrix} \cos\theta_4 & \text{sen}\theta_4 & 0 \\ -\text{sen}\theta_4 & \cos\theta_4 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} * \begin{pmatrix} 0 & -(\ddot{\theta}_2 + \ddot{\theta}_3) & 0 \\ \ddot{\theta}_2 + \ddot{\theta}_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} l_3 \\ 0 \\ e_4 + \Delta e_3 \end{pmatrix} \right| + \\
 & + \begin{pmatrix} 0 & -(\dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3) & 0 \\ \dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \left| \begin{pmatrix} 0 & -(\dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3) & 0 \\ \dot{\theta}_2 + \dot{\theta}_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} l_3 \\ 0 \\ e_4 + \Delta e_3 \end{pmatrix} \right| + \left| \begin{pmatrix} \cos\theta_3 & \text{sen}\theta_3 & 0 \\ -\text{sen}\theta_3 & \cos\theta_3 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \right. \\
 & \left. \begin{pmatrix} \cos\theta_4 & \text{sen}\theta_4 & 0 \\ -\text{sen}\theta_4 & \cos\theta_4 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} * \begin{pmatrix} 0 & -\ddot{\theta}_2 & 0 \\ \ddot{\theta}_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} l_2 \\ 0 \\ e_3 + \Delta e_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0 & -\dot{\theta}_2 & 0 \\ \dot{\theta}_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} * \begin{pmatrix} 0 & -\dot{\theta}_2 & 0 \\ \dot{\theta}_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} l_2 \\ 0 \\ e_3 + \Delta e_2 \end{pmatrix} \right| \\
 & - \left| \begin{pmatrix} \cos\theta_4 & \text{sen}\theta_4 & 0 \\ -\text{sen}\theta_4 & \cos\theta_4 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos\theta_3 & \text{sen}\theta_3 & 0 \\ -\text{sen}\theta_3 & \cos\theta_3 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos\theta_2 & \text{sen}\theta_2 & 0 \\ -\text{sen}\theta_2 & \cos\theta_2 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \cos\theta_1 & \text{sen}\theta_1 & 0 \\ -\text{sen}\theta_1 & \cos\theta_1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ -g \end{pmatrix} \right| \\
 & \dots \text{ec(4.7)}
 \end{aligned}$$

donde:

$$i_{xx4} = \frac{1}{12} [\rho_{Alu \text{ min } io} e_4 a_4 (l_3 + 2\Delta l_3)] * (a_4^2 + e_4^2)$$

$$i_{yy4} = \frac{1}{12} [\rho_{Aluminio} e_4 a_4 (l_3 + 2\Delta l_3)] * ((l_3 + 2\Delta l_3)^2 + e_4^2)$$

$$i_{zz4} = \frac{1}{12} [\rho_{Aluminio} e_4 a_4 (l_3 + 2\Delta l_3)] * (a_4^2 + (l_3 + 2\Delta l_3)^2)$$

$$m_4 = \rho_{Aluminio} e_4 l_3 a_4$$

Para el eslabón 3:

De forma similar:

$$\sum F = ma$$

$${}^3F_3 = {}^3f_3 + {}^3W_3 - {}^4f_4$$

$${}^3f_3 = {}^3F_3 - {}^3W_3 + {}^4f_4$$

$${}^3f_3 = m_3 {}^3a_{CG3} - R_0^3 {}^0W_3 + {}^4f_4$$

$${}^3f_3 = m_3 ({}^3a_{CG3} - R_2^3 R_1^2 R_0^1 {}^0g_3) + R_4^3 {}^4f_4 \dots \text{ec(4.8)}$$

Sumatoria de momentos (punto de aplicación CG3):

$${}^3N_3 = {}^3n_3 - R_4^3 {}^4n_4 + ({}^{-3}P_{CG3}) \otimes {}^3f_3 - ({}^3P_4 - {}^3P_{CG3}) \otimes R_4^3 {}^4f_4$$

$${}^3n_3 = {}^3N_3 + R_4^3 {}^4n_4 + ({}^3P_{CG3}) \otimes {}^3f_3 + ({}^3P_4 - {}^3P_{CG3}) \otimes R_4^3 {}^4f_4 \dots \text{ec(4.9)}$$

Sustituyendo la ecuación (4.8) en la ecuación (4.9):

$${}^3n_3 = {}^3N_3 + R_4^3 {}^4n_4 + {}^3P_{CG3} \otimes [m_3 ({}^3a_{CG3} - R_2^3 R_1^2 R_0^1 {}^0g_3) + R_4^3 {}^4f_4] + ({}^3P_4 - {}^3P_{CG3}) \otimes R_4^3 {}^4f_4 \dots \text{ec(4.10)}$$

Las componentes de la aceleración ${}^3a_{CG3}$:

Diseño Evolutivo de un Manipulador

$${}^3a_{CG3} = {}^3a_{TCG3} + {}^3a_{RCG3} + {}^3a_3$$

$${}^3a_3 = {}^3a_{T3} + {}^3a_{R3} + {}^2a_2$$

$${}^2a_2 = \dot{d}$$

Por lo que:

$${}^3a_{CG3} = {}^3\alpha_3 \otimes {}^3P_{CG3} + {}^3\omega_3 \otimes ({}^3\omega_3 \otimes {}^3P_{CG3}) + {}^3a_{T3} + {}^3a_{R3} + {}^2a_2$$

$${}^3a_{CG3} = {}^3\alpha_3 \otimes {}^3P_{CG3} + {}^3\omega_3 \otimes ({}^3\omega_3 \otimes {}^3P_{CG3}) + [R_2^3 ({}^2\alpha_2 \otimes {}^2P_3 + {}^2\omega_2 \otimes ({}^2\omega_2 \otimes {}^2P_3))] \dots \text{ec(4.11)}$$

donde: ${}^3P_{CG3} = \begin{pmatrix} \frac{l_2}{2} \\ 2 \\ 0 \\ -\frac{e_3}{2} \end{pmatrix}$

Sustituyendo la ecuación (4.11) en la ecuación (4.10):

$${}^3n_3 = {}^3N_3 + R_4^3 {}^4n_4 + {}^3P_{CG3} \otimes \left[\begin{array}{l} m_3 \left(({}^3\alpha_3 \otimes {}^3P_{CG3} + {}^3\omega_3 \otimes ({}^3\omega_3 \otimes {}^3P_{CG3}) + [R_2^3 ({}^2\alpha_2 \otimes {}^2P_3 + {}^2\omega_2 \otimes ({}^2\omega_2 \otimes {}^2P_3))] \right) \\ - R_2^3 R_1^2 R_0^1 {}^0g_3 \\ + R_4^3 {}^4f_4 \end{array} \right] + ({}^3P_4 - {}^3P_{CG3}) \otimes R_4^3 {}^4f_4$$

... ec(4.12)

Utilizando la ecuación (4.5):

$$\begin{aligned}
 {}^3n_3 = & \left[{}^{CG3}I_3 \quad {}^3\alpha_3 + {}^3\omega_3 \otimes {}^{CG3}I_3 \quad {}^3\omega_3 \right] + {}^3R_4 \quad {}^4n_4 + \\
 & + {}^3P_{CG3} \otimes \left[\begin{array}{l} m_3 \left(\left({}^3\alpha_3 \otimes {}^3P_{CG3} + {}^3\omega_3 \otimes \left({}^3\omega_3 \otimes {}^3P_{CG3} \right) \right) + \left[R_2^3 \left({}^2\alpha_2 \otimes {}^2P_3 + {}^2\omega_2 \otimes \left({}^2\omega_2 \otimes {}^2P_3 \right) \right) \right] \right) \\ - R_2^3 R_1^2 R_0^1 \quad {}^0g_3 \\ + R_4^3 \quad {}^4f_4 \end{array} \right] + \\
 & + \left({}^3P_4 - {}^3P_{CG3} \right) \otimes R_4^3 \quad {}^4f_4
 \end{aligned}$$

... ec(4.13)

donde:

$$R_4^3 = \begin{pmatrix} \cos\theta_4 & -\text{sen}\theta_4 & 0 \\ \text{sen}\theta_4 & \cos\theta_4 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}, \quad R_2^3 = \begin{pmatrix} \cos\theta_3 & -\text{sen}\theta_3 & 0 \\ \text{sen}\theta_3 & \cos\theta_3 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

$$i_{xx3} = \frac{1}{12} [\rho_{Aluminio} e_3 a_3 (l_3 + 2\Delta l_3)] * (a_3^2 + e_3^2)$$

$$i_{yy3} = \frac{1}{12} [\rho_{Aluminio} e_3 a_3 (l_2 + 2\Delta l_2)] * ((l_2 + 2\Delta l_2)^2 + e_3^2)$$

$$i_{zz3} = \frac{1}{12} [\rho_{Aluminio} e_3 a_3 (l_2 + 2\Delta l_2)] * (a_3^2 + (l_2 + 2\Delta l_2)^2)$$

$$m_3 = \rho_{Aluminio} e_3 l_2 a_3$$

4f_4 y 4n_4 fueron obtenidas anteriormente en las ecuaciones (4.1) y (4.2):

Para el eslabón 2:

Procediendo de forma análoga:

$$\sum F = ma$$

$${}^2F_2 = {}^2f_2 + {}^2W_2 - {}^3f_3$$

$${}^2f_2 = {}^2F_2 - {}^2W_2 + {}^3f_3$$

$${}^2f_2 = m_2 {}^2a_{CG2} - R_0^2 {}^0W_2 + {}^3f_3$$

$${}^2f_2 = m_2 ({}^2a_{CG2} - R_1^2 R_0^1 {}^0g_2) + R_3^2 {}^3f_3 \dots \text{ec(4.14)}.$$

Sumatoria de momentos (punto de aplicación CG2):

$${}^2N_2 = {}^2n_2 - R_3^2 {}^3n_3 + ({}^2P_{CG2}) \otimes {}^2f_2 - ({}^2P_3 - {}^2P_{CG2}) \otimes R_3^2 {}^3f_3$$

$${}^2n_2 = {}^2N_2 + R_3^2 {}^3n_3 + ({}^2P_{CG2}) \otimes {}^2f_2 + ({}^2P_3 - {}^2P_{CG2}) \otimes R_3^2 {}^3f_3 \dots \text{ec(4.15)}$$

Sustituyendo la ecuación (4.14) en la ecuación (4.15):

$$\dot{{}^2n_2} = {}^2N_2 + R_3^2 {}^3n_3 + {}^2P_{CG2} \otimes [m_2 ({}^2a_{CG2} - R_1^2 R_0^1 {}^0g_2) + R_3^2 {}^3f_3] + ({}^2P_3 - {}^2P_{CG2}) \otimes R_3^2 {}^3f_3 \dots \text{ec(4.16)}$$

Las componentes de la aceleración ${}^2a_{CG2}$:

$${}^2a_{CG2} = {}^2a_{TCG2} + {}^2a_{RCG2} + {}^2a_2$$

$${}^2a_2 = \dot{d}$$

$${}^2a_{CG2} = {}^2\alpha_2 \otimes {}^2P_{CG2} + {}^2\omega_2 \otimes ({}^2\omega_2 \otimes {}^2P_{CG2}) + {}^2a_2 \dots \text{ec(4.17)}$$

donde: ${}^2P_{CG2} = \begin{pmatrix} \frac{l_1}{2} \\ 2 \\ 0 \\ -\frac{e_1}{2} \end{pmatrix}$

Sustituyendo la ecuación (4.17) en la ecuación (4.16):

$${}^2n_2 = {}^2N_2 + R_3^2 {}^3n_3 + {}^2P_{CG2} \otimes [m_2 (({}^2\alpha_2 \otimes {}^2P_{CG2} + {}^2\omega_2 \otimes ({}^2\omega_2 \otimes {}^2P_{CG2})) - R_1^2 R_0^1 g_2) + R_3^2 {}^3f_3] + ({}^2P_3 - {}^2P_{CG2}) \otimes R_3^2 {}^3f_3 \quad \dots \text{ec(4.18)}$$

Utilizando la ecuación (4.5):

$${}^2n_2 = [{}^{CG2}I_2 {}^2\alpha_2 + {}^2\omega_2 \otimes {}^{CG2}I_2 {}^2\omega_2] + R_3^2 {}^3n_3 + {}^2P_{CG2} \otimes \left[m_2 \begin{pmatrix} ({}^2\alpha_2 \otimes {}^2P_{CG2} + {}^2\omega_2 \otimes ({}^2\omega_2 \otimes {}^2P_{CG2})) \\ -R_1^2 R_0^1 g_2 \\ +R_3^2 {}^3f_3 \end{pmatrix} \right] + ({}^2P_3 - {}^2P_{CG2}) \otimes R_3^2 {}^3f_3 \quad \dots \text{ec(4.19)}$$

donde:

$$R_3^2 = \begin{pmatrix} \cos\theta_3 & -\text{sen}\theta_3 & 0 \\ \text{sen}\theta_3 & \cos\theta_3 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}, \quad {}^{CG2}I_2 = \begin{pmatrix} i_{xx2} & 0 & 0 \\ 0 & i_{yy2} & 0 \\ 0 & 0 & i_{zz2} \end{pmatrix},$$

$$i_{xx2} = \frac{1}{12} [\rho_{Aluminio} e_2 a_2 (l_1 + 2\Delta l_1)] * (a_2^2 + e_2^2)$$

$$i_{yy2} = \frac{1}{12} [\rho_{Aluminio} e_2 a_2 (l_1 + 2\Delta l_1)] * ((l_1 + 2\Delta l_1)^2 + e_2^2)$$

$$i_{zz2} = \frac{1}{12} [\rho_{Aluminio} e_2 a_2 (l_1 + 2\Delta l_1)] * (a_2^2 + (l_1 + 2\Delta l_1)^2)$$

Diseño Evolutivo de un Manipulador

$$m_2 = \rho_{Aluminio} e_2 l_1 a_2$$

3f_3 y 3n_3 se obtuvieron anteriormente en las ecuaciones (4.13) y (4.8) respectivamente:

Para relacionar los diferentes ángulos involucrados, se toma en cuenta la siguiente figura:

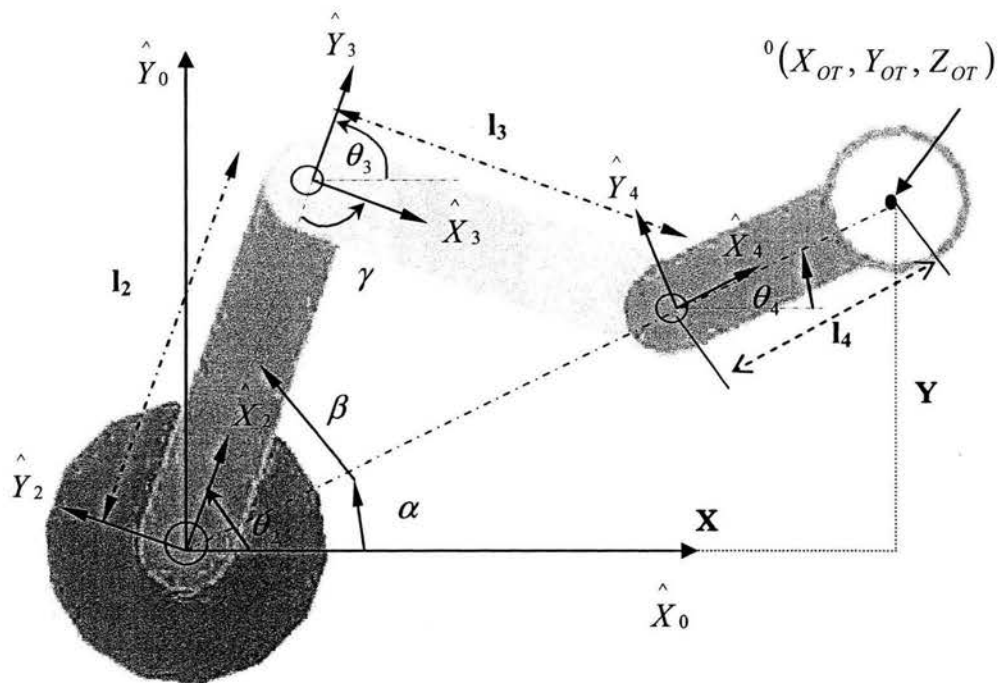


Figura 4.7. Ángulos.

Por geometría:

$$\theta_4 = \alpha$$

$$\theta_2 = \alpha + \beta$$

$$\alpha = \tan^{-1} \left(\frac{y_{OR}}{x_{OR}} \right)$$

$$y_{OR} = y$$

$$x_{OR} = x$$

Por ley de cosenos:

$$l_3^2 = l_2^2 + \left(\sqrt{(x^2 + y^2)} - l_4\right)^2 - 2l_2\left(\sqrt{(x^2 + y^2)} - l_4\right)\cos\beta$$

$$\beta = \cos^{-1}\left(\frac{l_3^2 - l_2^2 - \left(\sqrt{(x^2 + y^2)} - l_4\right)^2}{-2l_2\left(\sqrt{(x^2 + y^2)} - l_4\right)}\right) \quad \dots\text{ec(4.20)}$$

$$\left(\sqrt{(x^2 + y^2)} - l_4\right)^2 = l_2^2 + l_3^2 - 2l_2l_3\cos\gamma$$

$$\gamma = \cos^{-1}\left(\frac{l_2^2 + l_3^2 - \left(\sqrt{(x^2 + y^2)} - l_4\right)^2}{2l_2l_3}\right) \quad \dots\text{ec(4.21)}$$

✓ **4.6 Trayectoria**

El punto ${}^0(x_{OT}, y_{OT}, z_{OT})$ sigue la trayectoria descrita anteriormente, lo cual se ve gráficamente a continuación:

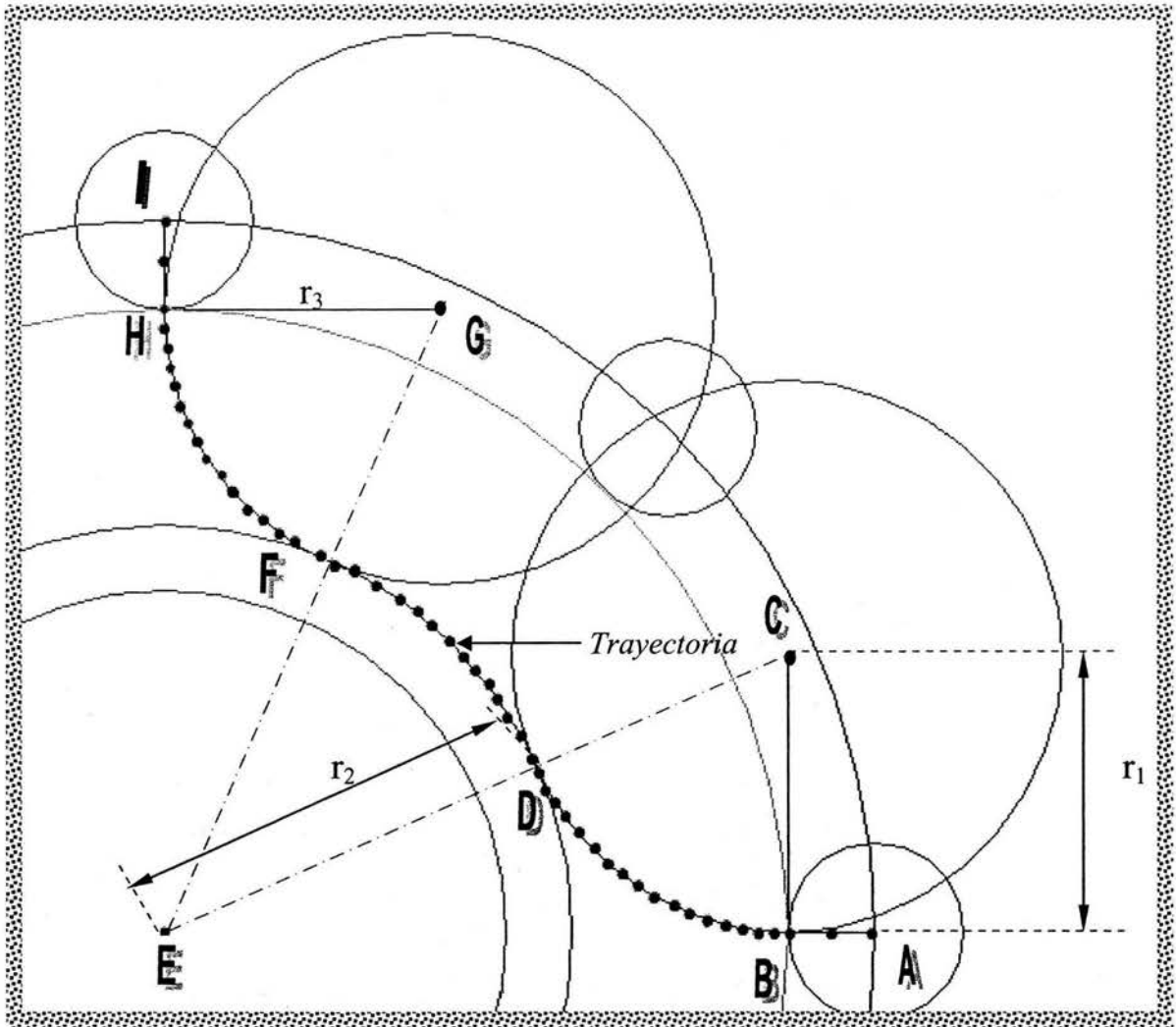


Figura 4.8. Trayectoria.

Donde:

$$A = A(x_1, y_1, z_1), \quad B = B(x_2, y_2, z_2), \quad C = C(x_3, y_3, z_3), \quad D = D(x_4, y_4, z_4), \quad E = E(x_5, y_5, z_5),$$

$$F = F(x_6, y_6, z_6), \quad G = G(x_7, y_7, z_7), \quad H = H(x_8, y_8, z_8), \quad I = I(x_9, y_9, z_9).$$

Las ecuaciones paramétricas de la recta son [2]:

$$\bar{P} = \bar{P}_0 + t\bar{u}$$

$$(x, y, z) = (x_0, y_0, z_0) + t(a, b, c)$$

$$x = x_0 + at$$

$$y = y_0 + bt$$

$$z = z_0 + ct$$

La ecuación simétrica: $\frac{x-x_0}{a} = \frac{y-y_0}{b} = \frac{z-z_0}{c}$

La recta que pasa por dos puntos dados $P_1(x_1, y_1)$ y $P_2(x_2, y_2)$ tiene por ecuación [3]:

$$y - y_1 = \frac{y_1 - y_2}{x_1 - x_2} (x - x_1), \quad x_1 \neq x_2,$$

Para el trayecto AB:

$$P_1 = A(x_1, y_1, z_1), \quad P_2 = B(x_2, y_2, z_2)$$

$$\bar{u} = (a, b, c)^T = \frac{\overline{P_2 - P_1}}{\|P_2 - P_1\|} = \frac{\begin{pmatrix} x_2 - x_1 \\ y_2 - y_1 \\ z_2 - z_1 \end{pmatrix}}{\sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2 + (z_2 - z_1)^2}}$$

$$N1 = (x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2 + (z_2 - z_1)^2$$

$$a = \frac{x_2 - x_1}{\sqrt{N1}}, \quad b = \frac{y_2 - y_1}{\sqrt{N1}}, \quad c = \frac{z_2 - z_1}{\sqrt{N1}},$$

El trayecto AB en forma paramétrica:

$$x = x_1 + \left(\frac{x_2 - x_1}{\sqrt{N1}} \right) P(t)$$

$$y = y_1 + \left(\frac{y_2 - y_1}{\sqrt{N1}} \right) P(t) \quad \dots \text{ec(4.22)}$$

$$z = z_1 + \left(\frac{z_2 - z_1}{\sqrt{N1}} \right) P(t)$$

El diámetro (D) de los discos de silicio es de 10 cm, con lo que se puede determinar el punto B;

$$x_2 = x_1 - (D/2), \quad y_2 = y_1, \quad z_2 = z_1. \quad \text{De la tesis doctoral [1] se tiene que } x_1 = y_1 = 400 \text{ mm.}$$

Se requiere la ecuación de la recta que es perpendicular a la recta AB y que pasa por el punto B. Si dos rectas son perpendiculares, el ángulo comprendido entre ellas es de 90° [4, 5],

$$\text{ctg}\theta = \frac{1 + m_1 m_2}{m_2 - m_1}, \quad m_1 m_2 = -1$$

La pendiente de AB es: $m_1 = \frac{y_1 - y_2}{x_1 - x_2}$

Para la pendiente BC:

$$m_1 m_2 = -1, \quad m_2 = \frac{-1}{m_1}, \quad m_2 = \frac{-1}{\left(\frac{y_1 - y_2}{x_1 - x_2} \right)}, \quad m_2 = \frac{-x_1 + x_2}{y_1 - y_2}$$

Por lo que su ecuación es: $y_3 - y_2 = \frac{-x_1 + x_2}{y_1 - y_2} (x_3 - x_2), \quad \begin{matrix} B = B(x_2, y_2, z_2) \\ C = C(x_3, y_3, z_3) \end{matrix}$

Desarrollando: $(-x_1 + x_2)x_3 + (-y_1 + y_2)y_3 + (-x_2^2 - y_2^2 + x_1x_2 + y_1y_2) = 0, \dots \text{ec(4.23)}$

Se va variando r_1 (por geometría $r_1 = r_3$), con lo que va cambiando la trayectoria, el centro del círculo debe estar contenido en la recta BC, la cual es perpendicular a la recta AB, que está sobre el eje horizontal, por lo que el punto C, centro de la circunferencia de radio r_1 (CB), está

contenido en una recta paralela al eje Y, con lo que para desplazar el punto C, se varía la coordenada en y_3 , del punto C, manteniendo fijos x_3 y z_3 .

$$\begin{aligned} z_3 &= 100mm \\ x_3 &= x_2 \\ 0 < y_3 &\leq y_{3MAX} \end{aligned}$$

Para obtener y_{3MAX} , se considera que el límite físico para el movimiento del manipulador está determinado por la condición para la cual el radio de la circunferencia con centro en $(0, 0, z_3)$, es igual a la longitud del último eslabón (l_4), por lo cual se debe determinar primeramente el radio de dicha circunferencia.

Por lo que el centro del círculo de radio r_1 es $C = C(x_2, y_3, z_3)$, que se encuentra en todo momento sobre la recta CB [6]. Las ecuaciones paramétricas de dicha circunferencia son:

$$\begin{aligned} x_{C1} &= r_1 \cos \theta_{C1} + dx_{C1} & dx_{C1} &= x_2 \\ y_{C1} &= r_1 \sen \theta_{C1} + dy_{C1} & dy_{C1} &= y_3 \end{aligned} \quad \dots \text{ec(4.24)}$$

Para determinar r_1 : Sea $P(x, y)$ un punto cualquiera de la circunferencia de centro $C(h, k)$ y radio r , entonces [2]: $|\overline{CP}| = r$, $r = \sqrt{(x-h)^2 + (y-k)^2} \quad \dots \text{ec(4.25)}$

Para nuestro caso $C(h, k) = C(x_2, y_3)$, $P(x, y) = B(x_2, y_2)$:

$$r_1 = \sqrt{(x_2 - x_2)^2 + (y_3 - y_2)^2}, \quad r_1 = \overline{BC}$$

$r_1 = y_3 - y_2$, Por lo que las ecuaciones buscadas son:

$$\begin{aligned} x_{C1} &= (y_3 - y_2) \cos \theta_{C1} + dx_{C1} & dx_{C1} &= x_2 \\ y_{C1} &= (y_3 - y_2) \sen \theta_{C1} + dy_{C1} & dy_{C1} &= y_3 \\ z_{C1} &= z_3 \end{aligned} \quad \dots \text{ec(4.26)}$$

La circunferencia de radio r_1 debe ser tangente a la circunferencia de radio r_2 (EB), esto se logra al dividir la recta CE en dos tramos, ED y CD que serán los radios r_2 y r_1 respectivamente:

$$C = C(x_2, y_3, z_3), \quad D = D(x_4, y_4, z_4), \quad E = E(x_5, y_5, z_5) = E(0, 0, z_5),$$

$$\begin{aligned} \overline{EC} &= \overline{ED} + \overline{DC} \\ \overline{ED} &= \overline{EC} - \overline{DC} = r_2 \end{aligned} \quad \dots \text{ec(4.27)}$$

$$\overline{EC} = \sqrt{(x_2 - 0)^2 + (y_3 - 0)^2} = \sqrt{x_2^2 + y_3^2} \quad \dots \text{ec(4.28)}$$

$$\overline{DC} = \sqrt{(x_2 - x_4)^2 + (y_3 - y_4)^2} \quad \dots \text{ec(4.29)}$$

$$\therefore r_2 = \left(\sqrt{x_2^2 + y_3^2} - \sqrt{(x_2 - x_4)^2 + (y_3 - y_4)^2} \right) \quad \dots \text{ec(4.30)}$$

Para que la ecuación (30) no dependa del punto $D = D(x_4, y_4, z_4)$, r_2 se puede calcular también como: $r_2 = \overline{EC} - \overline{DC}$ pero $\overline{DC} = \overline{BC}$, $r_2 = \overline{EC} - \overline{BC}$.

$$C = C(x_2, y_3, z_3), \quad B = B(x_2, y_2, z_2), \quad E = E(x_5, y_5, z_5) = E(0, 0, z_5),$$

$$\overline{BC} = y_3 - y_2$$

$$\therefore r_2 = \left(\sqrt{x_2^2 + y_3^2} - (y_3 - y_2) \right) \quad \dots \text{ec(4.30B)}$$

Para y_{3MAX} , se sustituye l_4 en la ecuación del radio r_2 , y despejando y_3 , se obtiene el valor máximo permitido, esto es:

$$r_2 = \left(\sqrt{x_2^2 + y_3^2} - (y_3 - y_2) \right)$$

$$r_2 = l_4 = \sqrt{(350)^2 + y_3^2} - (y_3 - 0)$$

Despejando y_3 , se obtiene y_{3MAX} :

$$y_{3MAX} = 382.3676 \text{ mm}$$

Se debe determinar los valores de x_4 y y_4 , que son las coordenadas del punto de intersección entre las dos circunferencias.

Teorema 4.1. Si $P_1(x_1, y_1)$ y $P_2(x_2, y_2)$, son los extremos de un segmento $\overline{P_1P_2}$, las coordenadas (x, y) de un punto P que divide a este segmento en la razón dada $r = \overline{P_1P} : \overline{PP_2}$ son [7,8]:

$$x = \frac{x_1 + rx_2}{1+r}, \quad y = \frac{y_1 + ry_2}{1+r}, \quad r \neq -1,$$

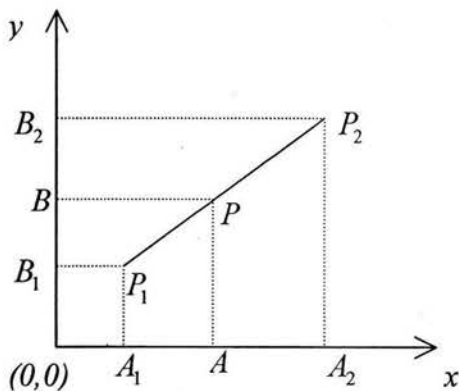


Figura A: Segmento dividido.

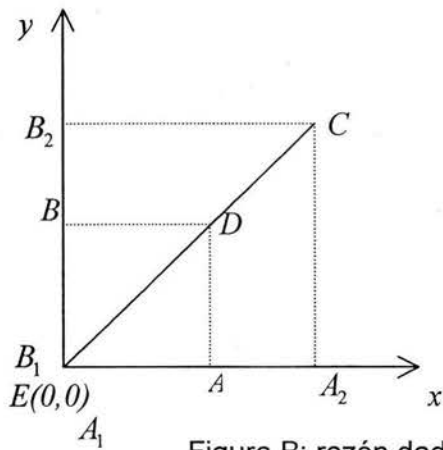
$$r = \frac{\overline{P_1P}}{\overline{PP_2}} = \frac{\overline{A_1A}}{\overline{AA_2}}, \quad \begin{aligned} \overline{A_1A} &= x - x_1 \\ \overline{AA_2} &= x_2 - x \quad \dots \text{ec(4.31)} \end{aligned}$$

$$r = \frac{\overline{P_1P}}{\overline{PP_2}} = \frac{\overline{B_1B}}{\overline{BB_2}}, \quad \begin{aligned} \overline{B_1B} &= y - y_1 \\ \overline{BB_2} &= y_2 - y \quad \dots \text{ec(4.32)} \end{aligned}$$

Si P es el punto medio, entonces $r=1$. Queremos determinar el punto $D(x_4, y_4)$ que divide al segmento (EC) con extremos C y E en la razón $\overline{ED} : \overline{DC} = r = \frac{r_2}{r_1}$, por lo que:

$$r = \frac{(\sqrt{x_2^2 + y_3^2} - (y_3 - y_2))}{y_3 - y_2} \dots \text{ec(4.30C)}$$

$$A_1(0, 0), \quad A(x_4, 0), \quad A_2(x_2, 0), \quad B_1(0, 0), \quad B(0, y_4), \quad B_2(0, y_3)$$



$$r = \frac{\overline{A_1A}}{\overline{AA_2}}, \quad \overline{A_1A} = x_4 - 0$$

$$\overline{AA_2} = x_2 - x_4 \quad \dots \text{ec}(4.33)$$

$$r = \frac{\overline{B_1B}}{\overline{BB_2}}, \quad \overline{B_1B} = y_4 - 0$$

$$\overline{BB_2} = y_3 - y_4 \quad \dots \text{ec}(4.34)$$

Figura B: razón dada r.

$$r = \frac{x_4 - 0}{x_2 - x_4} \dots \text{ec}(4.33a), \quad r = \frac{y_4 - 0}{y_3 - y_4} \dots \text{ec}(4.34a),$$

De las ecuaciones (4.33a) y (4.34a):

$$rx_2 - rx_4 = x_4$$

$$x_4(1+r) = rx_2 \quad \dots \text{ec}(4.35)$$

$$x_4 = \frac{rx_2}{1+r}$$

$$ry_3 - ry_4 = y_4$$

$$y_4 + ry_4 = ry_3$$

$$y_4(1+r) = ry_3 \quad \dots \text{ec}(4.36)$$

$$y_4 = \frac{ry_3}{1+r}$$

Con lo que se obtiene el punto $D(x_4, y_4)$ que indica el fin del trayecto circular BD y comienzo del trayecto DF.

Las ecuaciones de la circunferencia con radio r_2 con centro en el punto $E(0, 0)$ en forma paramétrica son:

$$\begin{aligned} x_E &= r_2 \cos \theta_E \\ y_E &= r_2 \text{sen} \theta_E \quad \dots \text{ec(4.37)} \\ z_E &= z_3 \end{aligned}$$

Para determinar los segmentos de trayectoria restantes, se comienza por la trayectoria HI. El punto inicial es $H = H(x_8, y_8, z_8)$ y el punto final es $I = I(x_9, y_9, z_9)$.

$$\bar{u}_2 = (a, b, c)^T = \frac{\overline{I-H}}{\|I-H\|} = \frac{\begin{pmatrix} x_9 - x_8 \\ y_9 - y_8 \\ z_9 - z_8 \end{pmatrix}}{\sqrt{(x_9 - x_8)^2 + (y_9 - y_8)^2 + (z_9 - z_8)^2}} \quad \dots \text{ec(4.38)}$$

$$N2 = (x_9 - x_8)^2 + (y_9 - y_8)^2 + (z_9 - z_8)^2$$

$$a_2 = \frac{x_9 - x_8}{\sqrt{N2}}, \quad b_2 = \frac{y_9 - y_8}{\sqrt{N2}}, \quad c_2 = \frac{z_9 - z_8}{\sqrt{N2}},$$

El trayecto HI en forma paramétrica:

$$\begin{aligned} x &= x_8 + \left(\frac{x_9 - x_8}{\sqrt{N2}} \right) (Pt - dtRecta1 - dtArco1 - dtArco2 - dtArco3) \\ y &= y_8 + \left(\frac{y_9 - y_8}{\sqrt{N2}} \right) (Pt - dtRecta1 - dtArco1 - dtArco2 - dtArco3) \quad \dots \text{ec(4.39)}^6 \\ z &= z_8 + \left(\frac{z_9 - z_8}{\sqrt{N2}} \right) (Pt - dtRecta1 - dtArco1 - dtArco2 - dtArco3) \end{aligned}$$

donde: $x_8 = x_9$, $y_8 = y_9 - (D/2)$, $z_8 = z_9$.

⁶ Las distancias dtRecta1, dtArco1, dtArco2 y dtArco3 se determinan en la siguiente sección de este capítulo (Perfil de Trayectoria).

La recta que es perpendicular a HI:

$$m_4 = \frac{-1}{m_3}, \quad m_4 = \frac{-1}{\left(\frac{y_8 - y_9}{x_8 - x_9} \right)}, \quad m_4 = \frac{-x_8 + x_9}{y_8 - y_9}$$

La ecuación de dicha recta es:
$$y_G - y_8 = \frac{-x_8 + x_9}{y_8 - y_9} (x_G - x_8), \dots \text{ec(4.40)}$$

En el caso del círculo con centro en G, $r_3 = r_1$, dicho centro debe estar sobre la recta HG, que es paralela al eje X, por lo que para desplazar el punto G a lo largo de la recta HG, se debe ir variando la coordenada X del punto G.

$$\begin{aligned} z_7 &= z_9 \\ x_7 &= y_3 \quad \text{dado que } r_1 = r_3 \\ y_7 &= y_8 \end{aligned}$$

El centro del círculo de radio r_3 es $G = G(y_3, y_8, z_9)$, las ecuaciones de la circunferencia en forma paramétrica son:

$$\begin{aligned} x_{C2} &= r_1 \cos \theta_{C2} + dx_{C2} & dx_{C2} &= y_3 \\ y_{C2} &= r_1 \text{sen} \theta_{C2} + dy_{C2} & dy_{C2} &= y_8 \quad \dots \text{ec(4.41)} \\ z_{C2} &= z_9 \end{aligned}$$

El punto de intersección de las circunferencias con radios r_2 y r_3 se puede encontrar aplicando nuevamente el teorema 4.1. Queremos encontrar el punto $F = F(x_6, y_6)$ que divide al segmento EG con extremos $G = G(y_3, y_8)$ y $E = E(0, 0)$ en la razón $\overline{EF} : \overline{FG} = r = r_2 : r_3$ y como $r_3 = r_1$, $r = r_2 : r_1$, por lo que en este caso también:

$$r = \frac{(\sqrt{x_2^2 + y_3^2} - (y_3 - y_2))}{y_3 - y_2}$$

Procediendo de forma similar que para la determinación del punto D:

$$r = \frac{x_6 - 0}{y_3 - x_6} \dots \text{ec(4.42)}, \quad r = \frac{y_6 - 0}{y_8 - y_6} \dots \text{ec(4.43)},$$

De las ecuaciones (4.42) y (4.43):

$$ry_3 - rx_6 = x_6$$

$$x_6(1+r) = ry_3 \dots \text{ec(4.44)}$$

$$x_6 = \frac{ry_3}{1+r}$$

$$ry_8 - ry_6 = y_6$$

$$y_6 + ry_6 = ry_8$$

$$y_6(1+r) = ry_8 \dots \text{ec(4.45)}$$

$$y_6 = \frac{ry_8}{1+r}$$

Por lo que el trayecto inicia en A hacia B (ecuación 4.22), al llegar al punto $B(x_2, y_2)$, el trayecto continúa a lo largo del arco de circunferencia de radio r_1 (ecuación 4.26) hasta el punto $D(x_4, y_4)$, para continuar sobre el arco de circunferencia de radio r_2 (ecuación 4.37) hasta el punto $F(x_6, y_6)$, donde sigue la trayectoria circular $r_3 = r_1$ (ecuación 4.41), hasta llegar al punto $H(x_8, y_8)$ para continuar el segmento rectilíneo HI (ecuación 4.39), finalizando en el punto $I(x_9, y_9)$.

✓ 4.7 Perfil de trayectoria

De la ecuación 3.14, se realiza la siguiente transformación: $V_{MAXIMA} = m \frac{dt}{t_f} = indice_m \left(\frac{dt}{t_f} \right)$, para el presente caso $indice_m = 1.666$, este valor fue obtenido en el trabajo doctoral [1].

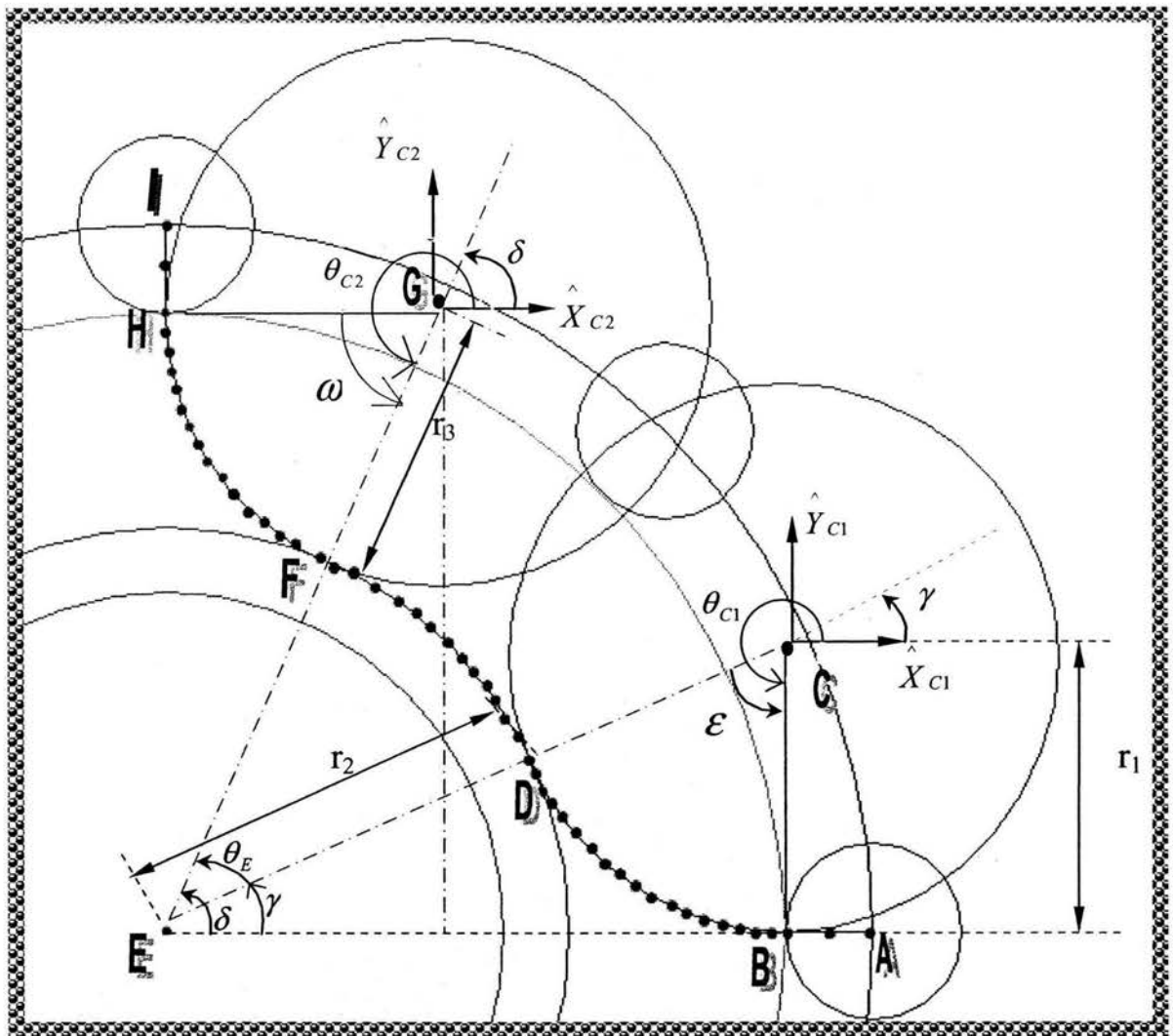


Figura 4.9. Distancia recorrida.

Por ser opuesto por el vértice $\delta = \omega$. De la figura:

$$\gamma = \tan^{-1} \left(\frac{y_3}{x_2} \right), \quad \epsilon = \tan^{-1} \left(\frac{x_2}{y_3} \right), \quad \delta = \tan^{-1} \left(\frac{y_8}{y_3} \right), \quad \theta_E = \delta - \gamma$$

$$\theta_{C1} = \gamma + 180 + \epsilon$$

$$\theta_{C2} = \delta + 180$$

... ec(4.45a)

Para poder variar un ángulo con el perfil de octavo grado es conveniente tomar los ángulos de la siguiente forma:

$$\theta_{C1} = -(90 + \varepsilon_{variable})$$

$$\theta_{C2} = -(180 - \delta) + \omega_{variable}$$

$$\theta_E = \delta_{variable} + \gamma$$

Con lo que los ángulos que variarán son: $\varepsilon_{variable}$, $\delta_{variable}$ y $\omega_{variable}$.

$$q(t) = \left(\left(\frac{70 d_{TOTAL}}{t_f^3} \right) t^3 - \left(\frac{315 d_{TOTAL}}{t_f^4} \right) t^4 + \left(\frac{546 d_{TOTAL}}{t_f^5} \right) t^5 - \left(\frac{420 d_{TOTAL}}{t_f^6} \right) t^6 + \left(\frac{120 d_{TOTAL}}{t_f^7} \right) t^7 \right) +$$

$$índice - m \left(\frac{dt}{t_f} \right) \left(-\frac{32 t^3}{t_f^2} + \frac{160 t^4}{t_f^3} - \frac{288 t^5}{t_f^4} + \frac{224 t^6}{t_f^5} - \frac{64 t^7}{t_f^6} \right)$$

De la figura 4.9, el trayecto ABDFHI es la distancia total ($d_{TOTAL}=dt$), esto es:

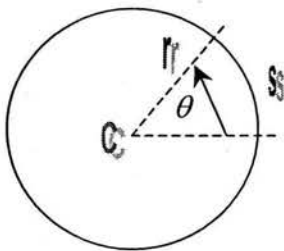
$$|\overline{AB}| + arco\overline{BD} + arco\overline{DF} + arco\overline{FH} + |\overline{HI}| = dt$$

$$A = A(x_1, y_1), \quad B = B(x_2, y_2), \quad D = D(x_4, y_4), \quad F = F(x_6, y_6), \quad H = H(x_8, y_8), \quad I = I(x_9, y_9)$$

$$|\overline{AB}| = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2} \quad \dots \text{ec(4.46)}$$

$$|\overline{HI}| = \sqrt{(x_9 - x_8)^2 + (y_9 - y_8)^2} \quad \dots \text{ec(4.47)}$$

Arco de circunferencia [2]:



$$\theta = \frac{s}{r} [rad] \quad \pi rad = 180^\circ$$

$$s = r\theta \dots \text{ec(4.48)}$$

Para el arco BD; $r = r_1$, $r_1 = y_3 - y_2$, $\theta = \varepsilon$ (Figura 4.9), $\varepsilon = \tan^{-1} \left(\frac{x_2}{y_3} \right)$, $s = arco\overline{BD}$, por lo que:

$$\text{arco } \overline{BD} = (y_3 - y_2)\varepsilon \quad \dots \text{ ec(4.49)}$$

Para el arco DF;

$$r = r_2 \text{ (ecuación 4.30b)}, \theta = \theta_E \text{ (Figura 4.9)}, \theta_E = \delta - \gamma = \cot^{-1}\left(\frac{y_3}{y_8}\right) - \tan^{-1}\left(\frac{y_3}{x_2}\right), s = \text{arco } \overline{DF}, \text{ por}$$

lo que:

$$\text{arco } \overline{DF} = r_2 \theta_E \quad \dots \text{ ec(4.50)}$$

$$\text{Para el arco FH; } r = r_3 = r_1, \theta = \omega \text{ (Figura 4.9)}, \omega = \tan^{-1}\left(\frac{y_8}{y_3}\right), s = \text{arco } \overline{FH}, \text{ por lo que:}$$

$$\text{arco } \overline{FH} = r_1 \omega \quad \dots \text{ ec(4.51)}$$

$$\text{Así que } dt = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2} + \sqrt{(x_9 - x_8)^2 + (y_9 - y_8)^2} + |(y_3 - y_2)\varepsilon| + |r_2 \gamma| + |r_1 \omega| \quad \dots \text{ ec(4.52)}$$

Los ángulos que dependen del polinomio de octavo grado, se expresan de la siguiente forma:

$$\varepsilon_{\text{variable}} = \frac{(Pt - dtRecta1 -) * 180}{(y_3 - y_2) * \pi}$$

$$\delta_{\text{variable}} = \frac{(Pt - dtRecta1 - dtArco1) * 180}{r_2 * \pi}$$

$$\omega_{\text{variable}} = \frac{(Pt - dtRecta1 - dtArco1 - dtArco2) * 180}{(y_3 - y_2) * \pi}$$

✓ 4.8 Tiempo mínimo

Se debe determinar el tiempo de proceso mínimo para el cual el máximo par motriz de la articulación i sea coincidente con los límites del actuador i . El par motriz máximo obtenido en el proceso ocurre en un tiempo t^* :

$$f_i(t^*) = \tau_i(t^*) = \tau_{iMAX} \dots \text{ec(4.53)}$$

$$t^* \in [0, t_f] \quad t_f = \text{tiempo de proceso.}$$

Se genera una función que depende del par motriz máximo del motor en la articulación i y del tiempo t^* :

$$g_i(\tau_{MAX MOTOR i}, t^*) = \frac{\tau_{MAX MOTOR i}}{f_i(t^*)} \dots \text{ec(4.54)}$$

Existen tres casos posibles para $g_i(*, *)$, estos son:

Caso 1. Valores de $f_i(t^*)$ a la izquierda de la cota del par motriz máximo del motor.

$$g_i(*, *) > 1, \quad \forall f_i(t^*) < \tau_{MAX MOTOR i} \dots \text{ec(4.55)}$$

Caso 2. Valores de $f_i(t^*)$ a la derecha de la cota del par motriz máximo del motor.

$$g_i(*, *) < 1, \quad \forall f_i(t^*) > \tau_{MAX MOTOR i} \dots \text{ec(4.56)}$$

Caso 3. Valores de $f_i(t^*)$ igual a la cota del par motriz máximo del motor.

$$g_i(*, t_s^*) = 1, \quad \forall f_i(t_s^*) = \tau_{MAX MOTOR i}, \quad t_s^* \in [0, t_{f \text{ Solución}}] \dots \text{ec(4.57)}$$

La solución del problema es el caso 3 (t_s^*), para ello se debe (1) minimizar la función $g_i(*, *)$ para el caso 1, ó (2) maximizar $g_i(*, *)$ para el caso 2. Para (1), se puede optar por maximizar

$g_i^{-1}(*, *)$ en lugar de minimizar $g_i(*, *)$, ya que $g_i(*, *)$ tiene comportamiento asintótico para valores a la izquierda de la solución, así que la ec(4.55) es sustituida por:

$$g_i^{-1}(*, *) > 1, \quad \forall f_i(t^*) < \tau_{MAX\ MOTORI} \dots \text{ec(4.58)}$$

Tiempo Mínimo

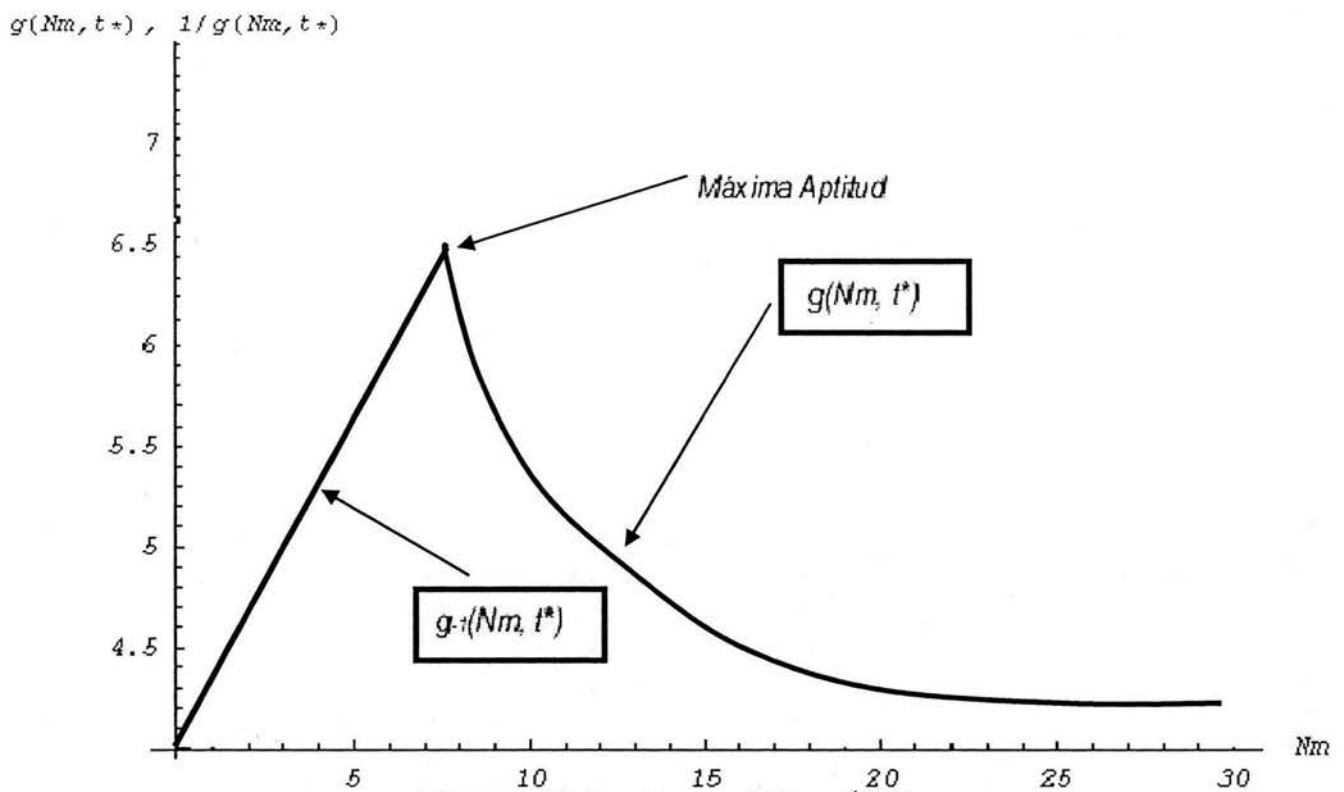


Figura 4.10. Funciones $g(*, *)$ y $g^{-1}(*, *)$

Tiempo Mínimo

$g(Nm, t^*)$, $1/g(Nm, t^*)$

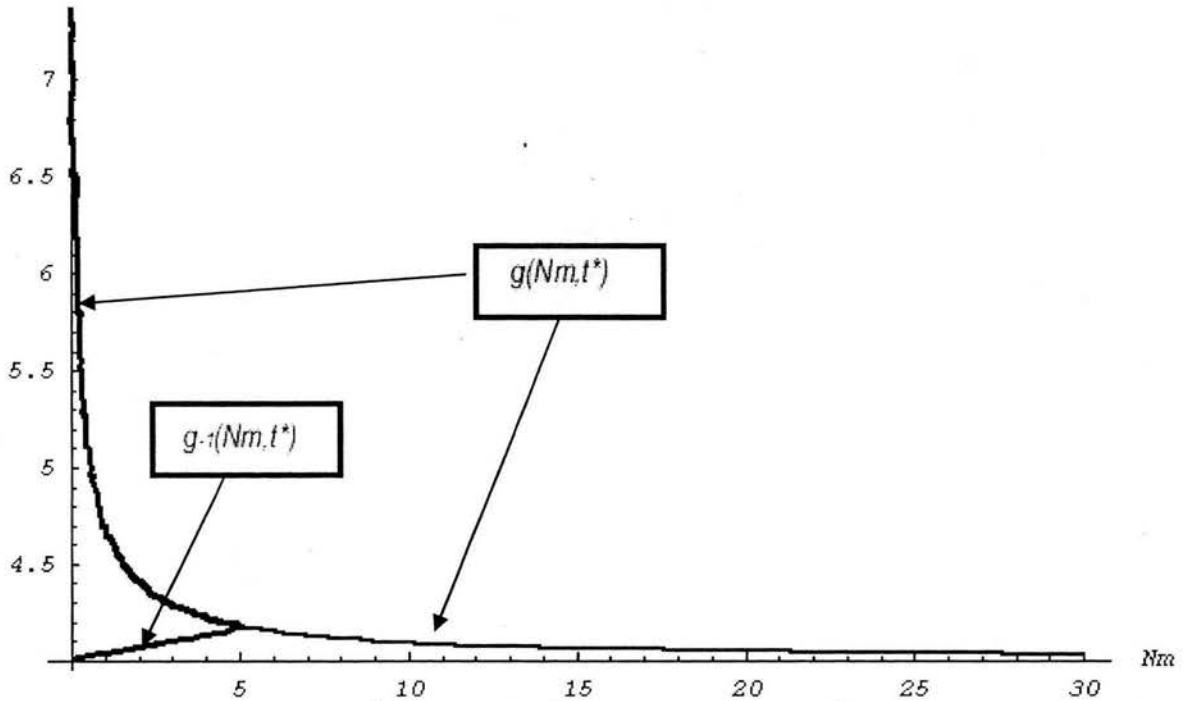


Figura 4.11. La evolución de $g_i(Nm, t^*)$ para $\forall f_i(t^*) < \tau_{MAX\ MOTOR\ i} \vee \forall f_i(t^*) > \tau_{MAX\ MOTOR\ i}$, además de $g_i^{-1}(Nm, t^*)$ válida únicamente para $\forall f_i(t^*) < \tau_{MAX\ MOTOR\ i}$.

Genotipo para el tiempo mínimo:

Se utilizan cadenas de cromosomas que representan t_f , la longitud de la cadena depende de la precisión requerida (lugares decimales). El dominio de la variable t_f se encuentra en el rango $[t_{f\ min}, t_{f\ máx}]$ y su longitud es:

$$T_m = t_{f\ máx} - t_{f\ min} \dots \text{ec(4.59)}$$

La precisión depende del número de lugares decimales:

$$\text{Precisión} = n\text{-ésimas}; n = 1 \times 10^{pd}; \quad pd = 1, \dots, \dots \text{ec(4.60)}$$

Por lo que el rango $[t_{f\ min}, t_{f\ máx}]$ debe ser dividido en:

$$ndivT_{min} = (T_m)(n) \dots \text{ec(4.61)}$$

Esto significa que la cadena binaria o genotipo debe tener k bits:

$$2^{k-1} < ndivT_{min} < 2^k \dots \text{ec(4.62)}$$

La forma primitiva se representa como sigue:

$$\langle b_{k-1} b_{k-2} \dots b_0 \rangle \dots \text{ec(4.63)}$$

Añadiendo la información de t_f, T_m y la precisión, dicha forma primitiva será:

$$\left([t_{f \text{ min}}, t_{f \text{ máx}}] pd, \langle b_{k-1} b_{k-2} \dots b_0 \rangle \right) \dots \text{ec(4.64)}$$

Fenotipo para el tiempo mínimo:

La transformación de la representación genotípica a su respectivo fenotipo, se efectúa en dos pasos:

Paso 1: Conversión de la cadena binaria $\langle b_{k-1} b_{k-2} \dots b_0 \rangle$ de base 2 a base 10:

$$\left(\langle b_{k-1} b_{k-2} \dots b_0 \rangle \right)_2 = \left(\sum_{i=0}^{k-1} b_i 2^i \right)_{10} = t_f \dots \text{ec(4.65)}$$

Paso 2: Valor real correspondiente, mediante traslado puro de coordenadas:

$$t_f = t_{f \text{ min}} + t_f \left(\frac{T_m}{2^k - 1} \right), \dots \text{ec(4.66)}$$

Generalización a otras articulaciones:

- ♦ Obtener $t_{fi \text{ Solución}}$ para la articulación i .
- ♦ Si $\tau_j(t_i^*) > \tau_{MAX \text{ MOTOR } j}$; $t_f^* \in [0, t_{fi \text{ Solución}}]$ i, j articulaciones

- ♦ Entonces obtener $t_{f j \text{ Solución}}$ para la articulación j , éste será el tiempo de proceso más corto.
- ♦ Si no, $t_{f j \text{ Solución}}$ es el tiempo de proceso más corto.

✓ 4.9 Parámetros del algoritmo genético

- ♦ Cadena $\langle t_{\text{proceso}} \rangle$:

- Espacio de búsqueda: $t_f \in [0.0001 \text{ seg}, 10.0000 \text{ seg}]$.
- Número de genes: 17 (se obtuvo para una precisión de cuatro lugares decimales mediante la siguiente relación $2^{16} \leq (10.0000 - 0.0001)(1 \times 10^4) \leq 2^{17}$)
- Cadena genotípica: $\langle [0.00001, 10.0000], 4, \langle e_{16} e_{15} e_{14} \dots e_0 \rangle \rangle$

- ♦ Cadena $\langle y_3 \rangle$:

- Espacio de búsqueda: $y_3 \in [0.0001 \text{ mm}, (y_{3 \text{ MAX}}) \text{ mm}]$.
- Número de genes: 17 (se obtuvo para una precisión de cuatro lugares decimales mediante la siguiente relación $2^{16} \leq ((y_{3 \text{ MAX}}) - 0.0001)(1 \times 10^4) \leq 2^{17}$)
- Cadena genotípica: $\langle [0.00001, (y_{3 \text{ MAX}})], 4, \langle b_{16} b_{15} b_{14} \dots b_0 \rangle \rangle$

- ♦ Número de individuos en todo el espacio de búsqueda:

$$2^{17} + 2^{17} = 262144$$

- ♦ Número de puntos de cruce:

2, distribuidos uno por cada cadena.

- ♦ Tamaño de la población:

100 individuos

- ◆ Índice de mutación:

2 genes mutados por cada 2000 transferidos.

- ◆ Dirección del algoritmo genético:

La presión de los individuos de la población de cada generación se ejerce mediante la maximización de las funciones dadas por las ecuaciones (4.55) y (4.58).

- ◆ Paro del algoritmo genético y entrega de resultados:

El algoritmo genético se detiene y entrega resultados cuando la diferencia de calificación entre el primer y el último individuo de una pila ordenada, que va almacenando los 50 mejores individuos de las generaciones ocurridas, es menor a 0.0001. El resultado es el individuo con mayor calificación contenido en esa pila.

- ◆ Resultados:

Se analizan en el siguiente capítulo.

✓ 4.10 Bibliografía

[1] Juárez Campós Ignacio. *"Sobre las regiones geométricas articulares y su aplicación en el mejoramiento del desempeño de un manipulador mediante estrategias evolutivas"*. Tesis doctoral. División de Estudios de Posgrado de la Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional Autónoma de México (2002).

[2] Lehmann H. Charles. *Geometría Analítica*, Ed. Limusa (1990).

[3] Palmer H. Graham, F. Wallace John. *Analytic Geometry*, Prentice Hall, Inc. 1943.

[4] Joseph H. Kindle, Ph. D. Theory and Problems of Plane and Solid Analytic Geometry, Schaum Publishing Co. 1950.

[5] Gerald C. Preston, Anthony R. Lovaglia. Modern Analytic Geometry, Harper and Row, Publishers. 1971.

[6] Ross R. Middlemiss. Analytic Geometry, Second Edition, 1955.

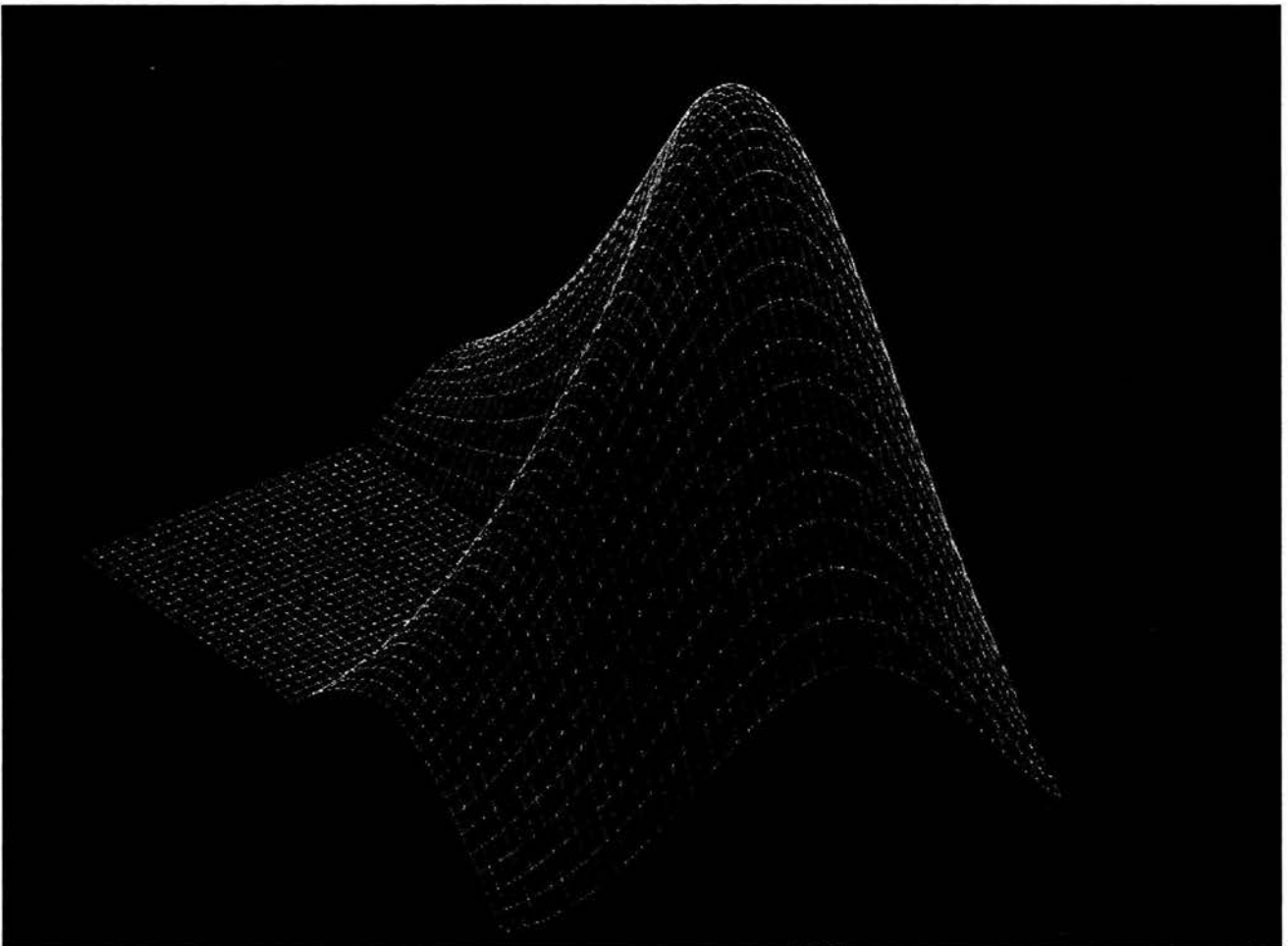
[7] William F. Osgood, Ph. D. Plane and Solid Analytic Geometry. The MacMillan Company 1958.

[8] Edward S. Smith, Meyer Salkover, Howard K. Justice. Analytic Geometry, John Wiley and Sons, Inc. 1943.

Resultados Obtenidos

5

Resultados Obtenidos



✓ **Resultados y Conclusiones**

Los resultados utilizando el algoritmo genético para encontrar la mejor trayectoria geométrica, considerando el torque y el tiempo de proceso mínimo como restricciones se muestran en la siguiente tabla:

<i>Tiempo de proceso:</i>	<i>3.75 seg</i>
<i>Coordenada Y3:</i>	<i>199.61 mm</i>
<i>Generación de convergencia:</i>	<i>273</i>

Tabla 5.1. Resultados del algoritmo genético.

La productividad empleando los datos de la tabla anterior y la ecuación de la sección 4.2 es:

<i>Productividad:</i>	<i>11520 (ciclos/jornada)</i>
-----------------------	-------------------------------

Tabla 5.2. Productividad.

El tiempo de búsqueda requerido para llegar a los resultados anteriores utilizando una plataforma de cálculo Pentium IV a 2.4 GHz fue de 4 horas con 47 minutos.

En el trabajo doctoral "*Sobre las regiones geométricas articulares y su aplicación en el mejoramiento del desempeño de un manipulador mediante estrategias evolutivas*", se empleó una trayectoria recta, y el tiempo óptimo fue de 0.94 seg., con lo que se observa que al variar la trayectoria por la que se desplaza el órgano terminal del manipulador, varía asimismo el tiempo de proceso óptimo, que en el presente caso es de 3.75 seg. Para ambos casos se utilizó un perfil de suavización basado en un polinomio de octavo grado, con lo que no existen durante el trayecto, movimientos bruscos que puedan ocasionar elevados torques en los actuadores.

A continuación se muestra la gráfica obtenida para la calificación de cada generación en la cual se observa como va mejorando este parámetro conforme avanzan las generaciones, para la primera generación la calificación fue de 36.63 y para la generación en que se detiene el proceso fue de 96.71 esto debido a que la aptitud de cada individuo es mayor.

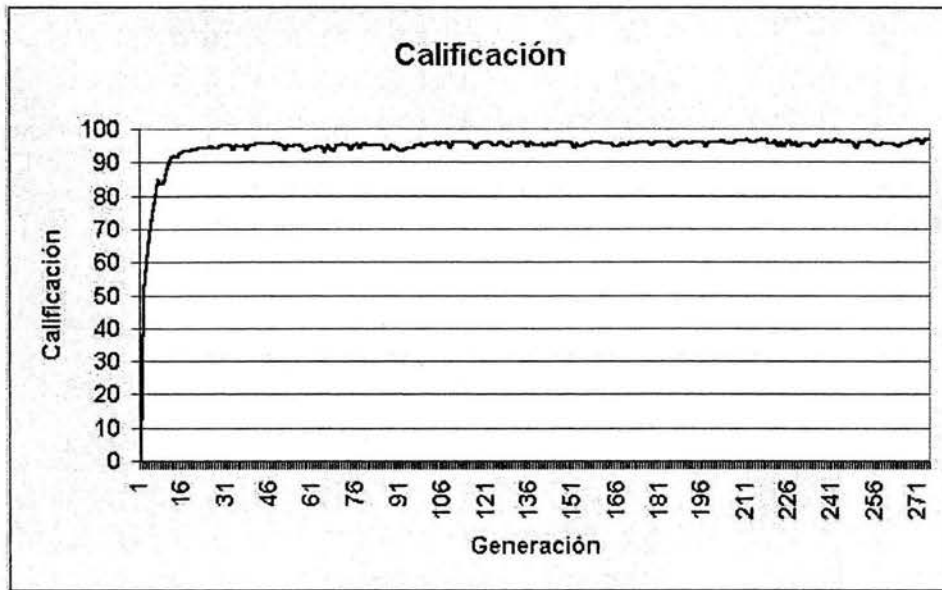


Figura 5.1. Calificación de cada Generación.

El torque en cada generación va mejorando, esto se puede verificar al observar que al inicio del proceso de búsqueda los torques resultantes se encuentran fuera de los rangos permisibles, posteriormente se acercan a los valores permitidos hasta llegar a un valor óptimo. En la figura siguiente se muestran los torques resultantes en las primeras generaciones del proceso de búsqueda, los cuales están muy por encima de los valores buscados.

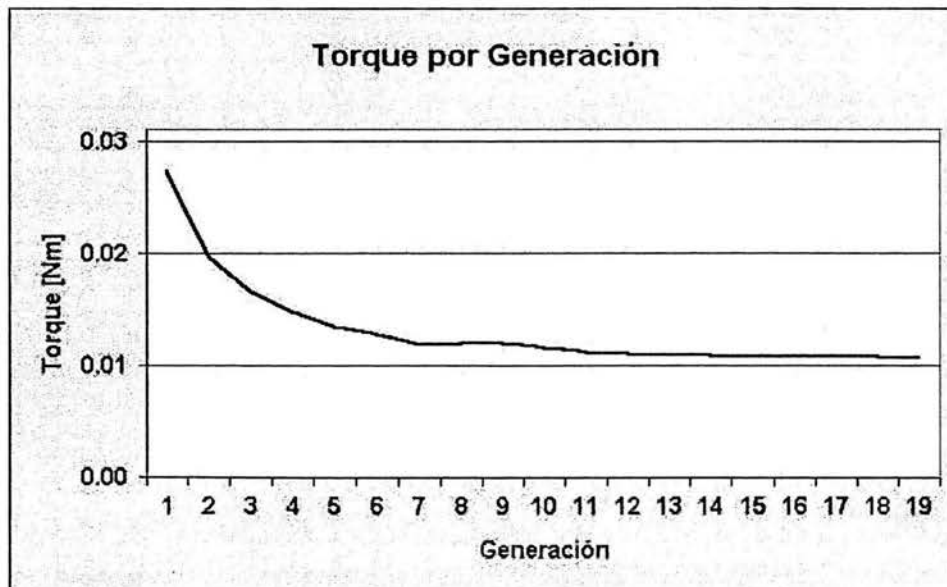


Figura 5.2. Torque obtenido en las primeras generaciones.

Conforme avanza el proceso de búsqueda evolutivo, los individuos de cada generación van mejorando su aptitud, por lo que la calificación de cada generación tiende a incrementarse, esto implica que los valores obtenidos del torque se acercan cada vez más a los valores permitidos (0.01 [Nm]), en la gráfica siguiente se puede observar esta tendencia:

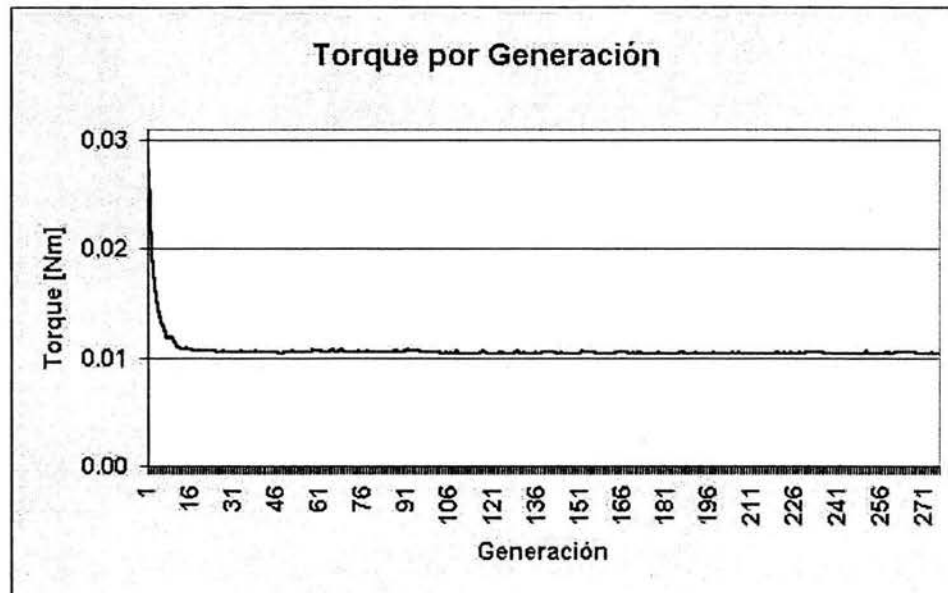


Figura 5.3. Torque por Generación.

Se puede afirmar que el resultado obtenido empleando el método de búsqueda evolutiva, para encontrar la mejor trayectoria geométrica por la que se desplazará un manipulador PRRRd, en un tiempo mínimo y aprovechando al máximo el par motriz, en efecto, cumple con las restricciones, dando lugar a una trayectoria suavizada gracias al empleo de un polinomio de octavo grado. Con lo cual es afirmativa la Hipótesis del presente trabajo, la cual menciona, que existe una región geométrica que proporciona la máxima productividad sin sobrepasar los pares motrices máximos, en un tiempo mínimo para el transporte de discos de silicio por parte de un manipulador PRRRd, que emplea un perfil de trayectoria de octavo grado con índice_m y longitudes de eslabones fijos.

Trabajos a realizar:

Como se mencionó en el trabajo doctoral [1], los eslabones se han considerado como simples paralelepípedos, por lo cual se puede aplicar la misma metodología a un manipulador cuyas dimensiones sean reales.

Para el presente trabajo se utilizó un perfil de trayectoria octal, que es una función polinomial de grado 8, se puede hacer un análisis empleando Splines, como el caso de un Spline con dos puntos virtuales y cuatro puntos reales o alguna otra variante, con lo cual el perfil de suavización se modifica y se puede llevar a cabo una comparación de los resultados así obtenidos.

Apéndice A.

✓ A.1. Introducción

Se describe el programa realizado en Visual Basic, que se emplea para obtener la máxima productividad de un manipulador transportador de discos de silicio tomando en cuenta el tiempo mínimo y el mejor lugar geométrico, teniendo como restricción el par motriz en los actuadores, el programa se llama "Buscador Evolutivo con Algoritmos Genéticos".

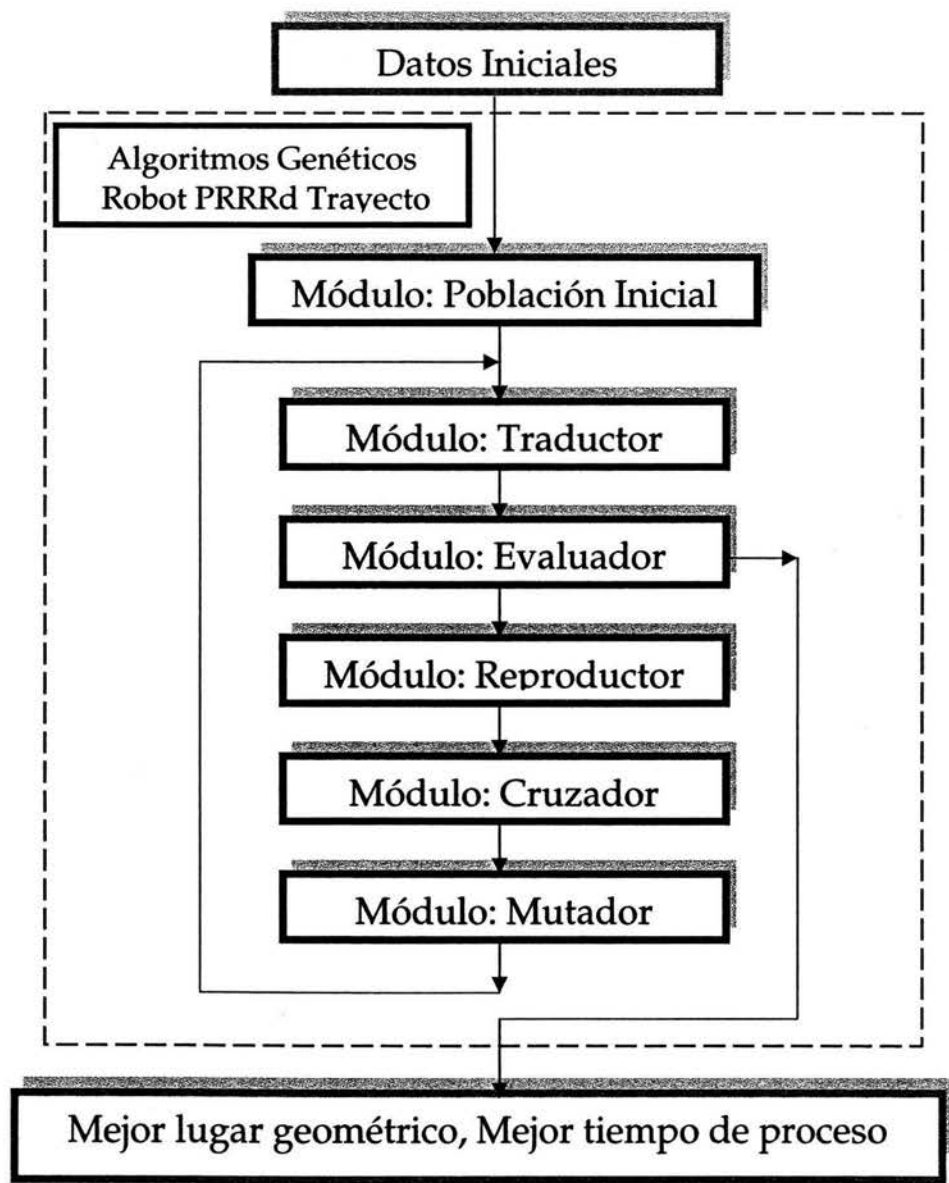


Figura A.1. Estructura del programa.

El parámetro *Índice_m* y las longitudes de los eslabones ya fueron determinados en el trabajo de tesis doctoral de Juárez Campos Ignacio (2000 DEPI UNAM).

El proyecto está dividido en varios módulos que forman parte del módulo de máxima jerarquía llamado "Algoritmos Genéticos Robot PRRRd Trayecto". La figura anterior muestra los módulos aquí mencionados.

✓ **A.2. Módulo Población Inicial**

En este modulo se generan los individuos de forma aleatoria, utilizando para ello la función RND que toma valores entre 0 y 1, cada individuo se representa de forma genotípica, para este caso la cadena tiene dos partes, la primera corresponde a y_3 y la segunda al tiempo de proceso $t_{proceso} = tf$, como se observa en la siguiente ecuación:

$$Individuo(n) = \langle\langle y_3 \rangle\rangle \langle\langle t_{proceso} \rangle\rangle \dots ec(A1)$$

Cada segmento se forma por una cadena de bits (0 ó 1), cada uno de estos bits se asigna a una variable denominada **gen(*,*,*)**, donde la primer parte representa al individuo, la segunda el segmento y la tercera parte es el bit constitutivo de ese segmento.

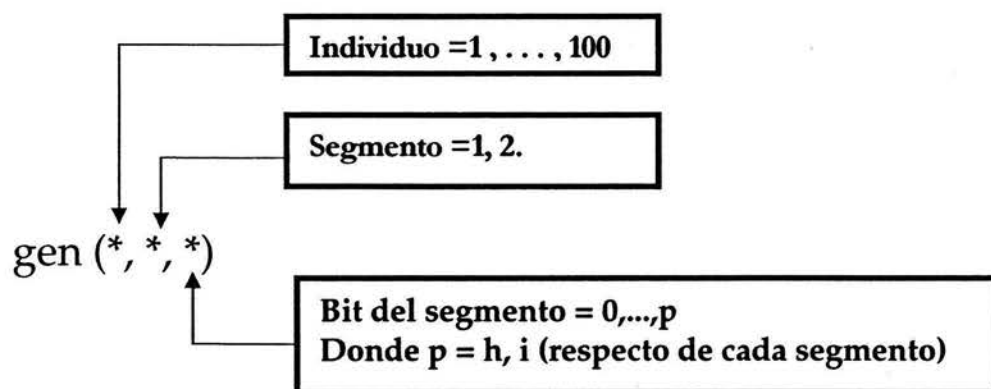


Figura A.1.2. Argumentos de los genes de la cadena genotípica

La cadena para un individuo n , donde h, i son las longitudes de los segmentos menos uno, quedaría representada de la siguiente forma:

Individuo(n)	$gen(n,1,0), \dots, gen(n,1,h), gen(n,2,0), \dots, gen(n,2,i)$
------------------	--

El diagrama de flujo siguiente representa el módulo "Población Inicial", el cual incluye dos módulos uno para cada segmento, los cuales se muestran en las figuras A3 y A4.

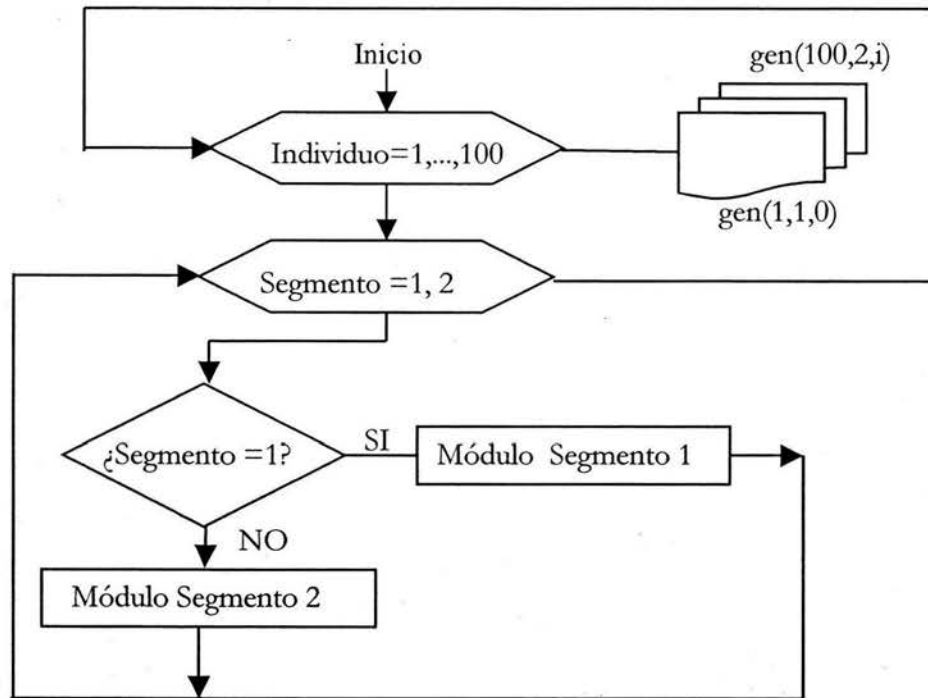


Figura A2. Módulo Población Inicial.

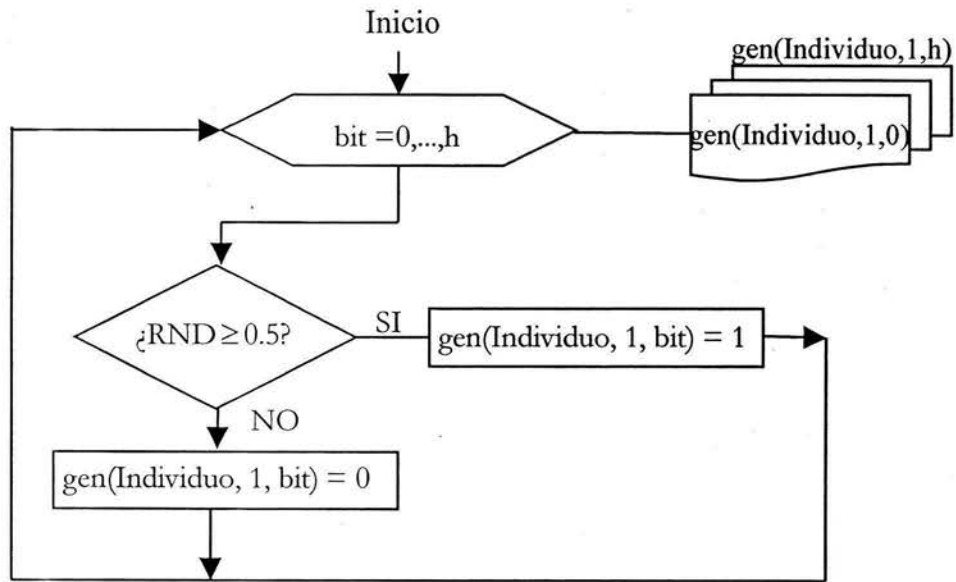


Figura A3. Módulo Segmento1

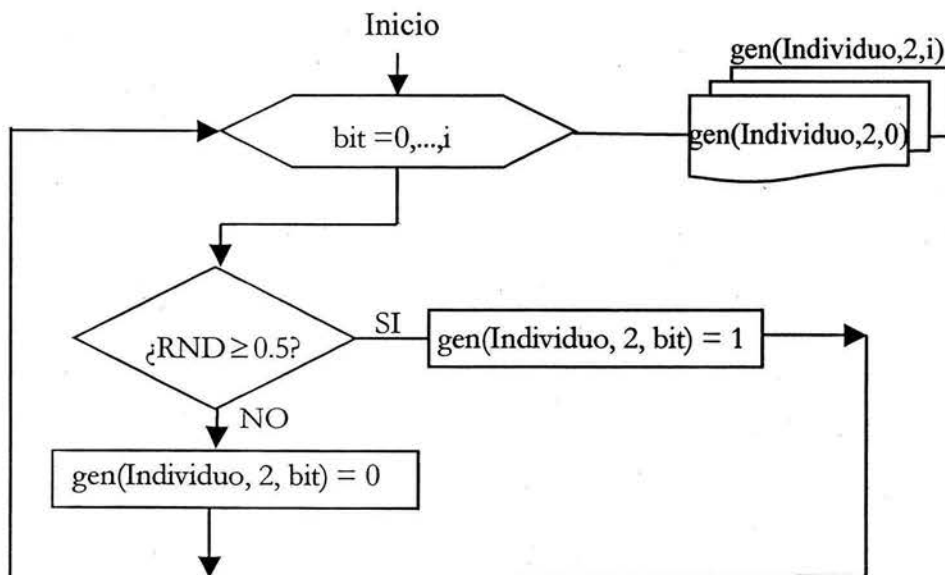


Figura A4. Módulo Segmento2

El módulo "Población Inicial", se relaciona con el resto del programa de la siguiente forma:

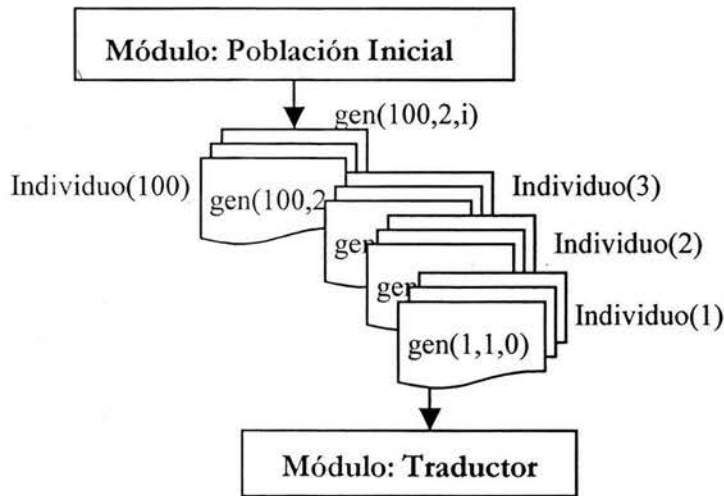


Figura A5. Relación del módulo "Población Inicial" con el resto del programa.

✓ A.3. Módulo Traductor

Los datos provenientes del módulo "Población Inicial", los cuales pertenecen a 100 individuos que en conjunto transmiten $100(h+i+2)$ bits, que son transportados por medio de $gen(*, *, *)$, son transformados a su forma decimal. Los datos pueden provenir asimismo de ciclos posteriores al primero.

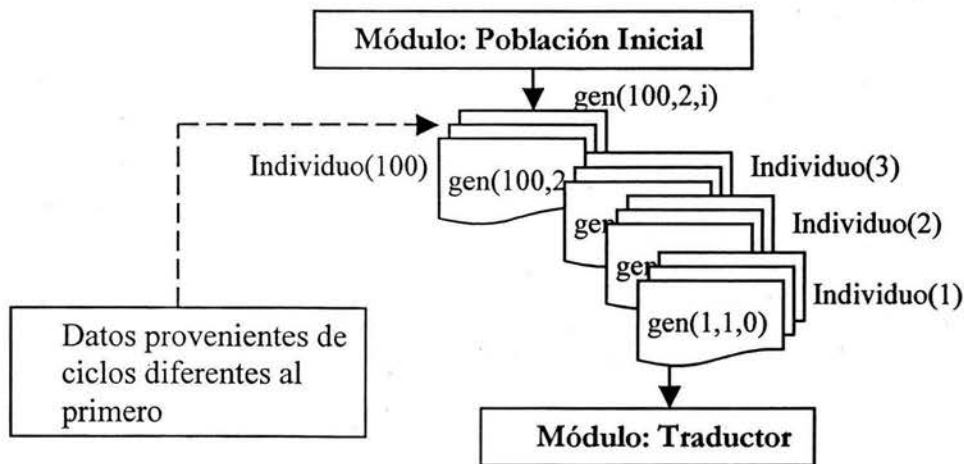


Figura A6. Origen de los datos que toma el módulo "Traductor".

La información recibida en el módulo traductor, después de realizar las operaciones necesarias, envía los resultados al módulo evaluador.

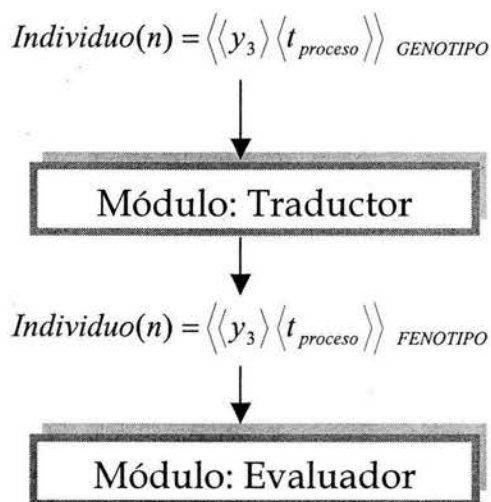


Figura A7. Relación del módulo Traductor con el resto del programa.

El módulo traductor toma los individuos generados en el módulo población inicial; uno a la vez, así como cada segmento de la cadena genotípica, separando de esta forma el tiempo de proceso de la coordenada y_3 . Para el segundo segmento que es el tiempo de proceso, el módulo traductor utiliza las ecuaciones 65 y 66, que se resumen en la siguiente ecuación:

$$t_{\text{proceso}}(\text{individuo}(u)) = t_{\text{proceso mínimo}} + \left(\sum_{z=0}^{h-1} \text{gen}(u, h, z) 2^z \right) \left(\frac{t_{\text{proceso máximo}} - t_{\text{proceso mínimo}}}{2^h - 1} \right) \dots \text{ec(A1)}$$

Para el mismo individuo u , el módulo traductor encuentra el valor de y_3 , de la siguiente forma:

$$y_3(\text{individuo}(u)) = y_{3 \text{ mínimo}} + \left(\sum_{z=0}^{i-1} \text{gen}(u, i, z) 2^z \right) \left(\frac{y_{3 \text{ máximo}} - y_{3 \text{ mínimo}}}{2^i - 1} \right) \dots \text{ec(A2)}$$

Una vez que el módulo traductor ha terminado, envía la información fenotípica al módulo evaluador.

✓ A.4. Módulo Evaluador

En este módulo se recibe la información en forma fenotípica del módulo traductor, se dan datos adicionales como el perfil de trayectoria, coordenadas de los puntos de la región geométrica, espesores, alturas, materiales y las longitudes de los eslabones, con lo que en este módulo se calculan los torques en cada actuador del manipulador, relacionando el tiempo de proceso y la región geométrica por la que se desplaza el órgano terminal.

Una vez que se calculan los pares motrices en las articulaciones, se realiza la evaluación por medio de las funciones aptitud y objetivo, descritas en el capítulo 4, cada individuo recibe una calificación comprendida entre los números 0 y 1 para cada caso calculado por el programa, de esta forma los individuos con mejores calificaciones tendrán mayores oportunidades de reproducirse que aquellos con menores calificaciones. El módulo entrega los datos de aptitud o calificación de la generación que se está procesando y la aptitud de cada uno de los individuos de dicha generación.

El módulo traductor contiene módulos subordinados que calculan la geometría de trayectoria (módulo Geometría_Trayectoria), las fuerzas y momentos articulares (módulo Dinámica) que emplea las ecuaciones de Newton-Euler.

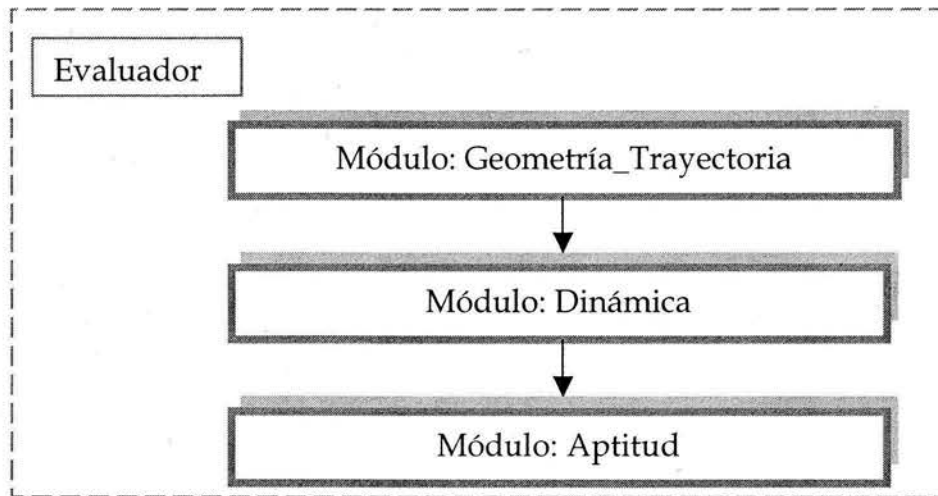


Figura A8. Módulos subordinados del módulo Evaluador.

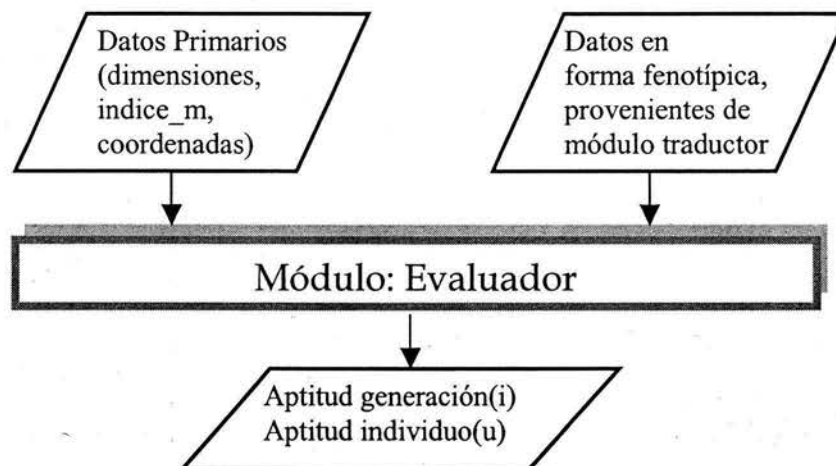


Figura A9. Datos de entrada y salida al módulo Evaluador.

El módulo Aptitud, califica a cada individuo y cada generación cuando concluye un ciclo completo (una generación). La calificación de los individuos se entrega de dos formas, absoluta y relativa. Para la forma absoluta, se utilizan las funciones de aptitud:

$$aptitud_abs(u) = g_{individuo\ u}(*, *) \dots ec(A3)$$

Para la forma relativa, se utiliza la siguiente ecuación:

$$aptitud_rel(u) = 100 \left(\frac{aptitud_abs(u)}{\sum_{i=1}^{100} aptitud_abs(i)} \right) \dots ec(A4)$$

El módulo funciona de la siguiente manera:

Paso 1: Se obtiene el pico máximo de la articulación i ($i=1,2,3,4$) del individuo u . Dicho dato se calculó en el módulo Dinámica.

Paso 2: Se obtiene la aptitud del individuo u , con las ecuaciones 55, 56 y A3.

Paso 3: Se obtiene la calificación absoluta de la generación j con la siguiente ecuación:

$$aptitud_genera(j) = \sum_{i=1}^{100} aptitud_abs(i) \dots ec(A5)$$

El módulo evaluador entrega la aptitud de la generación, las calificaciones absolutas de cada uno de los individuos y sus calificaciones relativas.

✓ A.5. Módulo Reproductor

Una vez que han sido evaluados los individuos, se reproducen tomando en cuenta su aptitud relativa, se ordenan dichos individuos de forma serial y descendente, la suma total de la aptitud relativa de todos los individuos es 100. Utilizando la función RND, que toma un valor de manera aleatoria entre 0.0000 y 1.0000, se selecciona al individuo n -ésimo que se encuentra dentro del rango de la escala de aptitudes, esto es:

$$\sum_{i=1}^{n-1} aptitud_rel(i) \leq RND * 100 \leq \sum_{j=1}^n aptitud_rel(j) \dots ec(A6)$$

Se repite esta operación tantas veces como individuos tenga la población, para con ello producir la nueva población del mismo tamaño que la anterior.

En este módulo se puede presentar el caso en que un individuo sea seleccionado en más de una ocasión, esto depende de la calificación que haya obtenido.

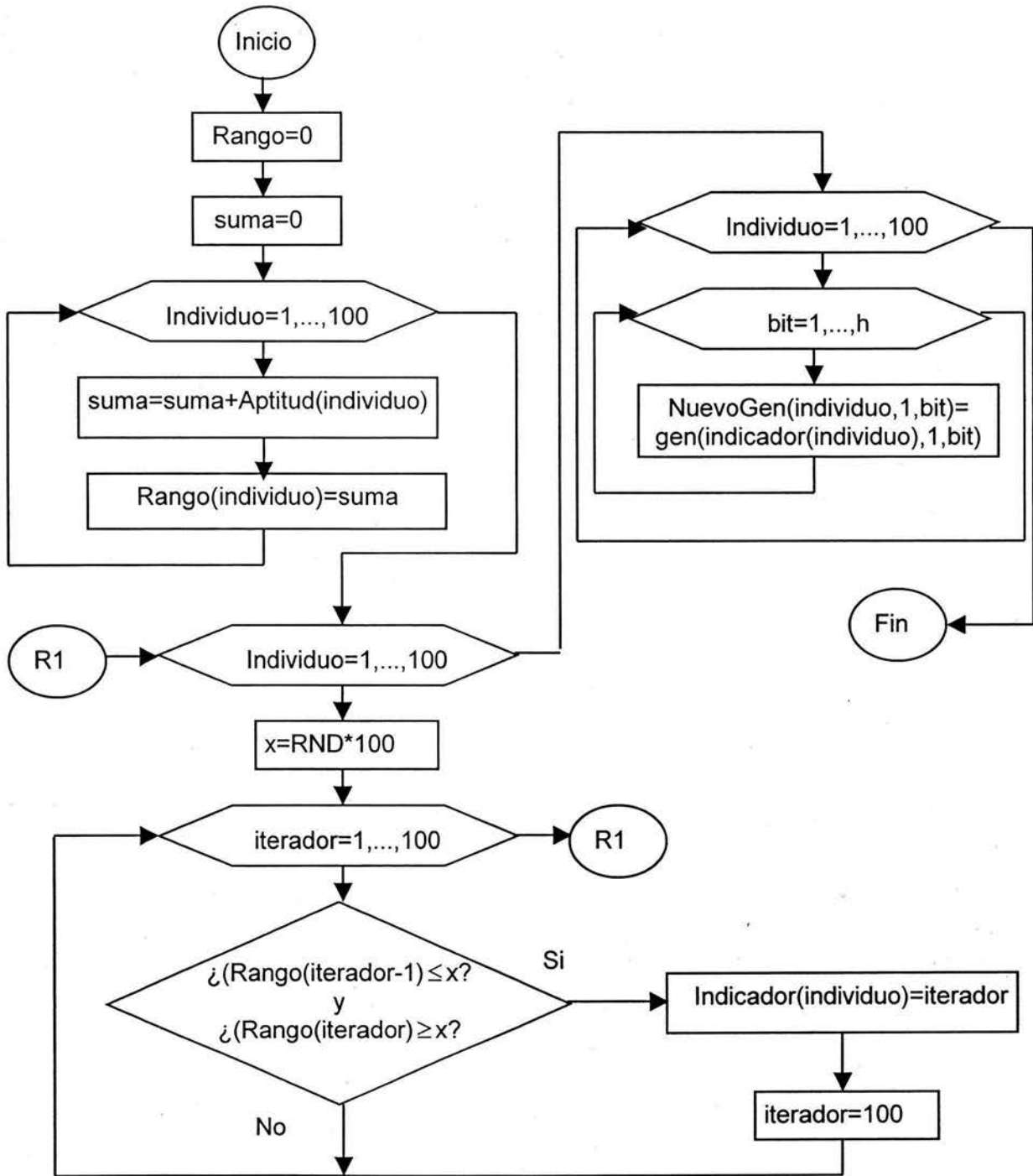


Figura A10. Parte 1 Módulo Reprodutor, para el segmento 2 se cambia h por i.

El módulo reproductor recibe la información que proviene del módulo evaluador, la aptitud relativa de los individuos de la población analizada, por su parte el módulo reproductor

entrega una nueva población de individuos, aquellos con mejores cualidades genéticas ó incluso algunos con bajas cualidades que fueron seleccionados, con lo que se incrementa la riqueza genética.

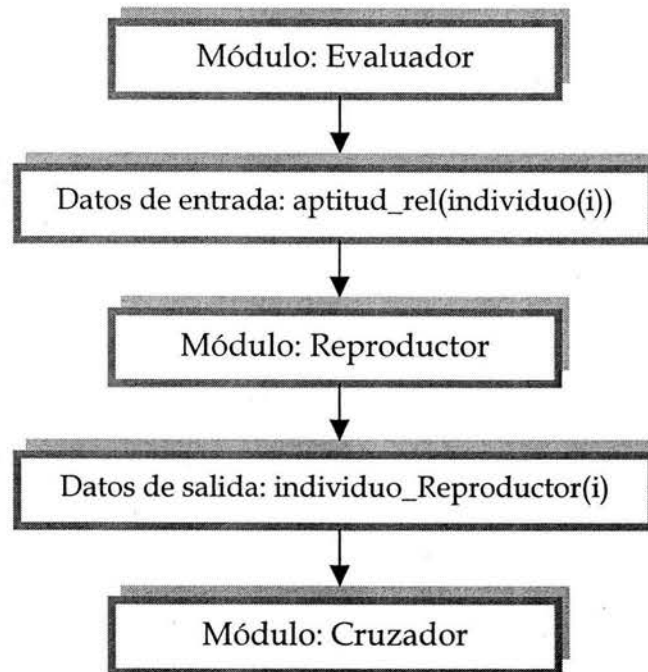


Figura A11. Relación del módulo Reprodutor con otras partes del programa.

✓ A.6. Módulo Cruzador

La nueva población de individuos generados en el módulo anterior, son utilizados en el módulo cruzador para crear la nueva población (hijos), los cuales contienen la información genética de sus predecesores, los pasos a seguir para tal fin son los siguientes:

Paso 1: Se forman las parejas con los individuos entregados por el módulo reproductor.

Paso 2: Se selecciona la información genética que cada padre transmitirá a sus hijos.

Paso 3: Creación de la nueva generación.

Paso 4: Se sustituye la generación de progenitores por su descendencia.

Existe una subrutina encargada de seleccionar las parejas llamado Selección_Parejas, el cual de manera aleatoria selecciona dos individuos, denominados Compañero1 y Compañero2.

Para seleccionar el material genético que será transmitido por cada progenitor existe la subrutina llamada Puntos_Cruce, la cual se encarga de seleccionar de forma aleatoria el punto de cruce de la cadena genotípica, esto sucede para cada segmento, es decir las cadenas genotípicas los progenitores se mezclan para crear las cadenas genotípicas de sus descendientes.

Para crear la población de descendientes la subrutina llamada Descendientes, transmite las cadenas genotípicas provenientes de la mezcla de las cadenas de los progenitores a los descendientes, creando la población que finalmente sustituye a la población anterior, por medio de la subrutina NuevaPoblación_Cruzador.

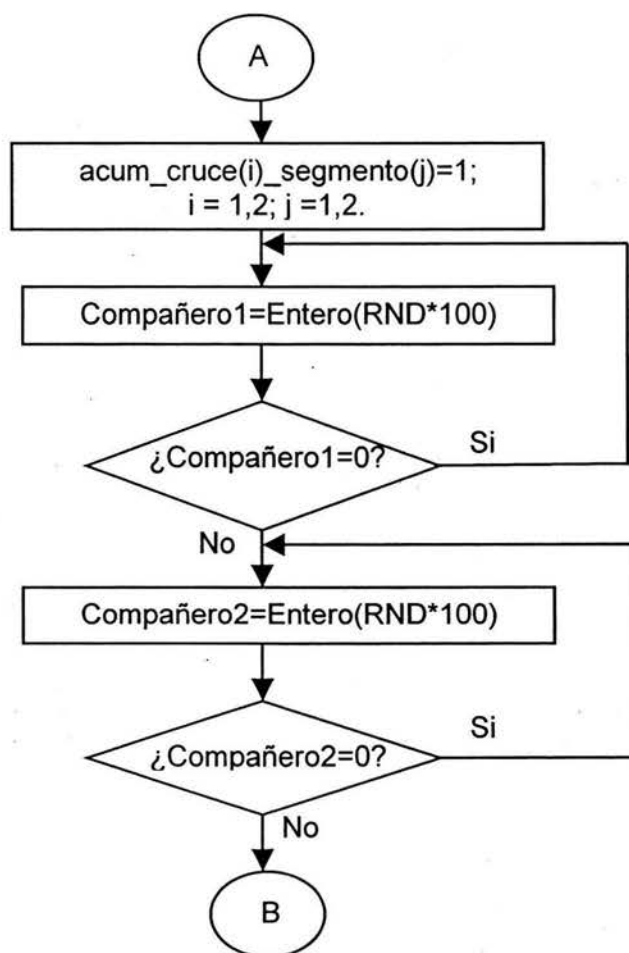


Figura A12. Subrutina Selección_Parejas.

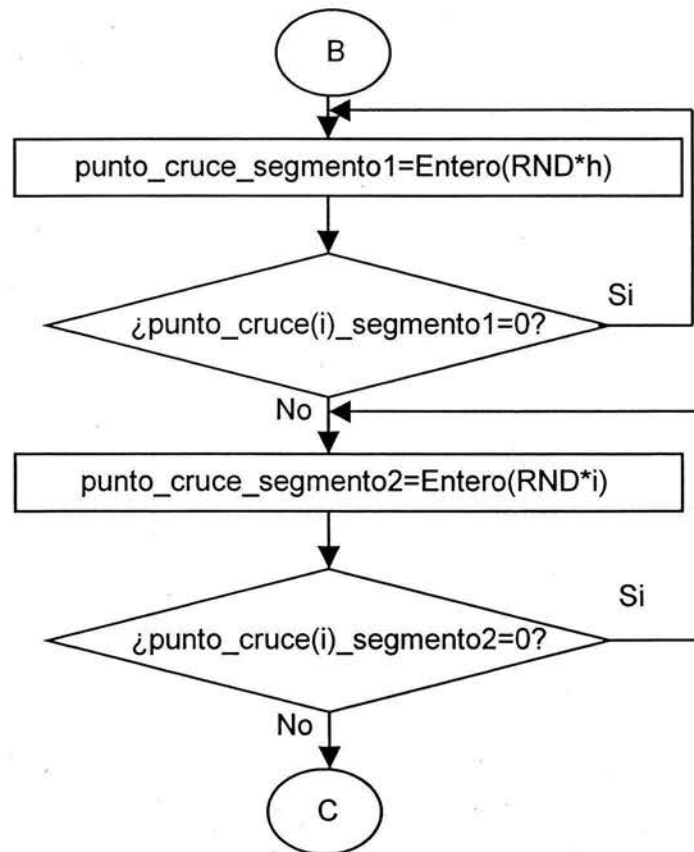


Figura A13. Subrutina Puntos_Cruce.

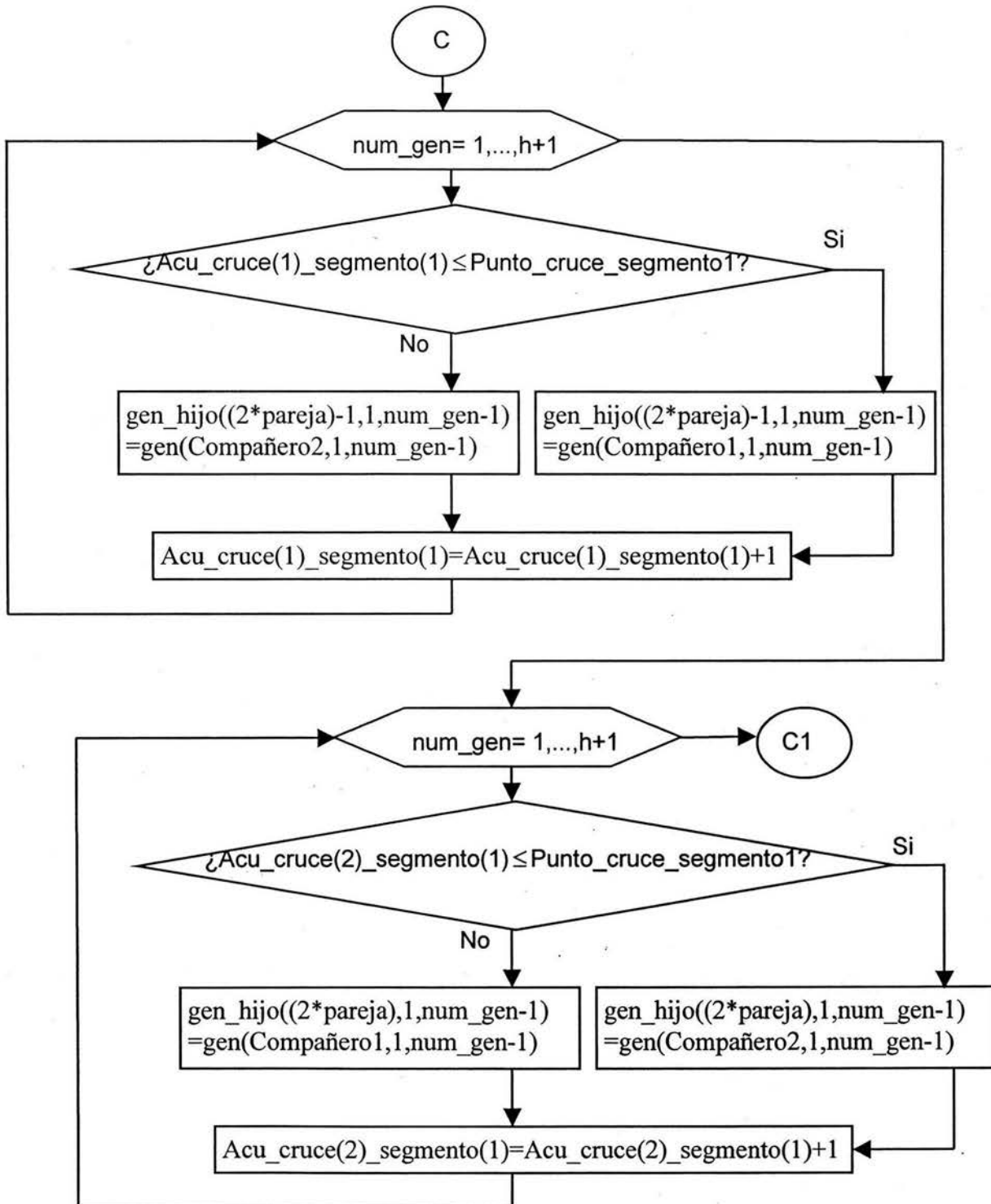


Figura A14. Parte 1 Subrutina Descendientes.

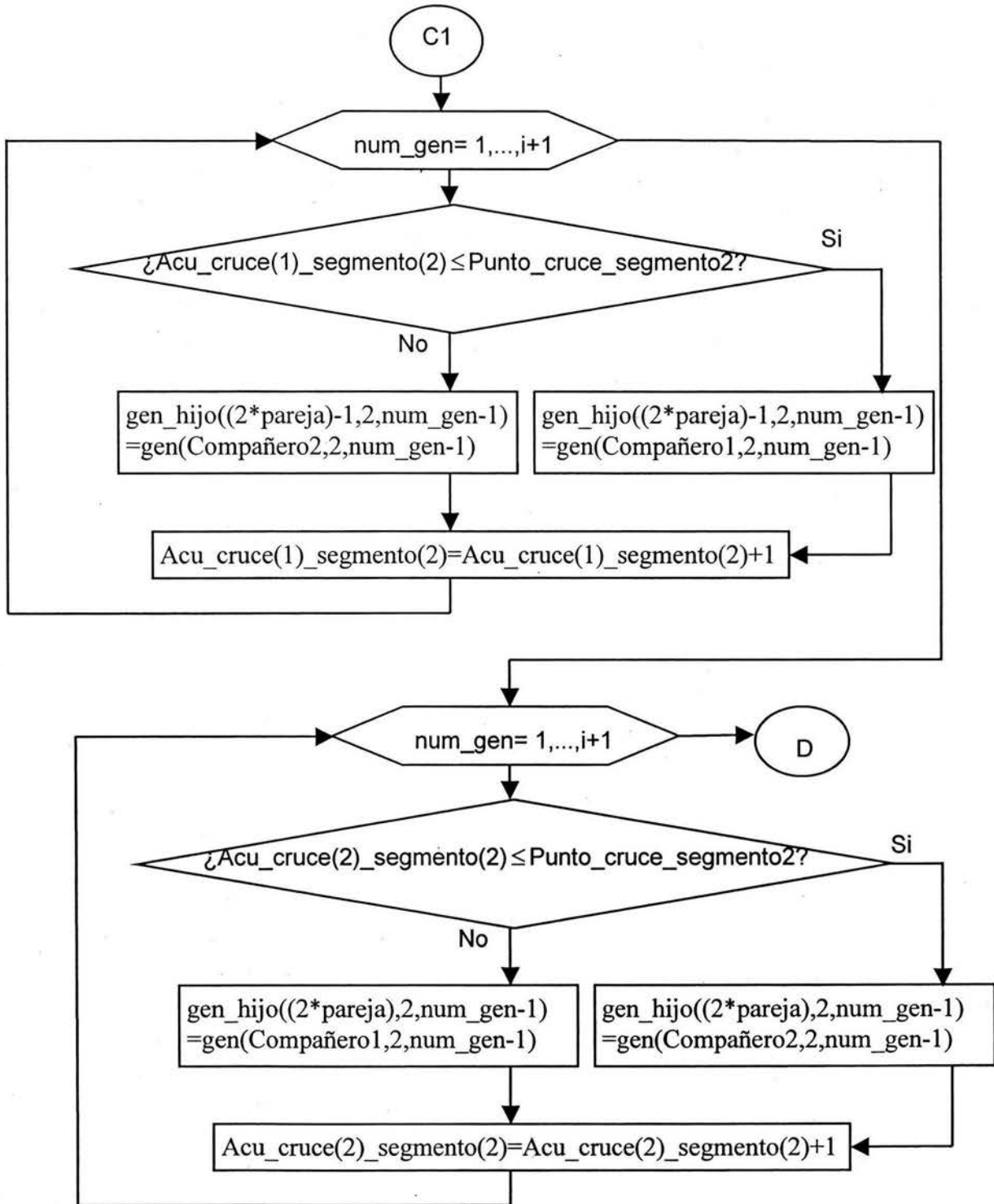


Figura A15. Parte 2 Subrutina Descendientes.

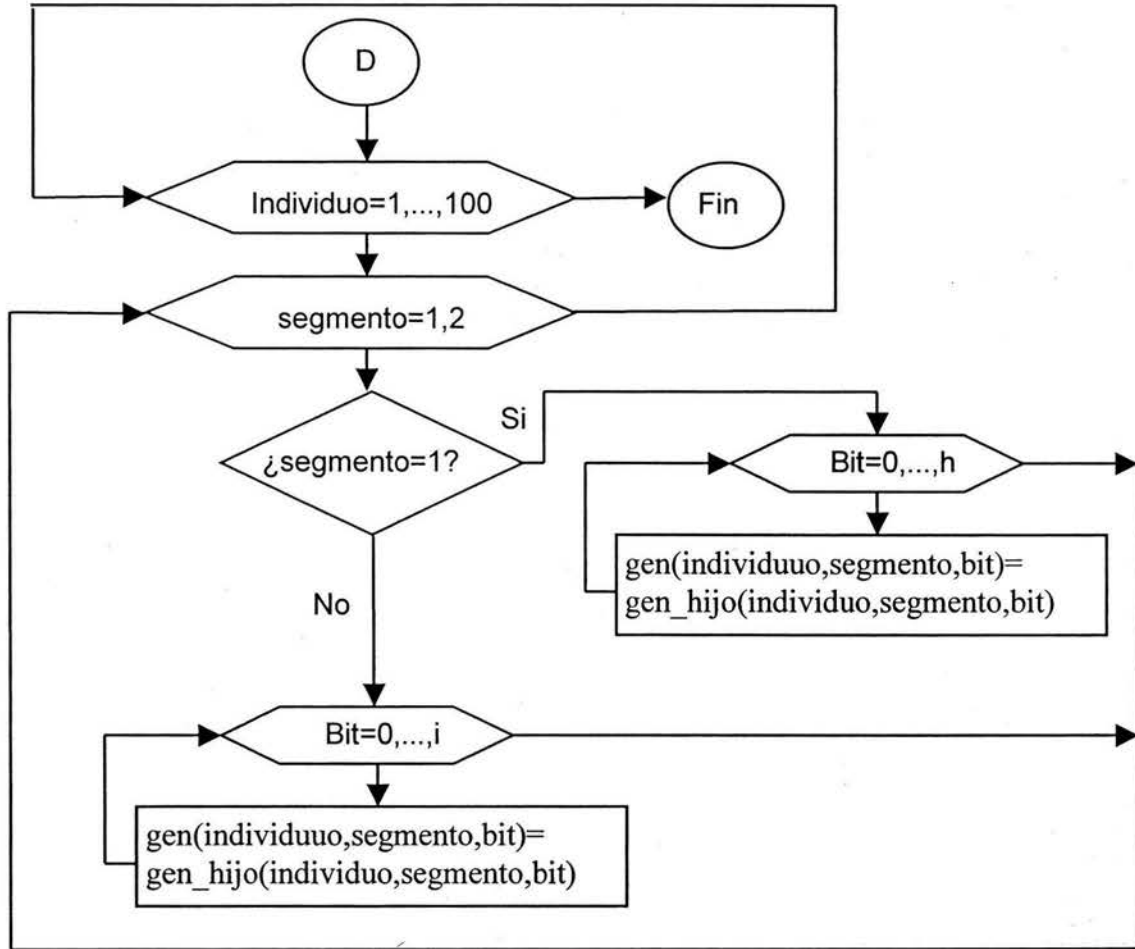


Figura A16. Subrutina NuevaPoblación_Cruzador.

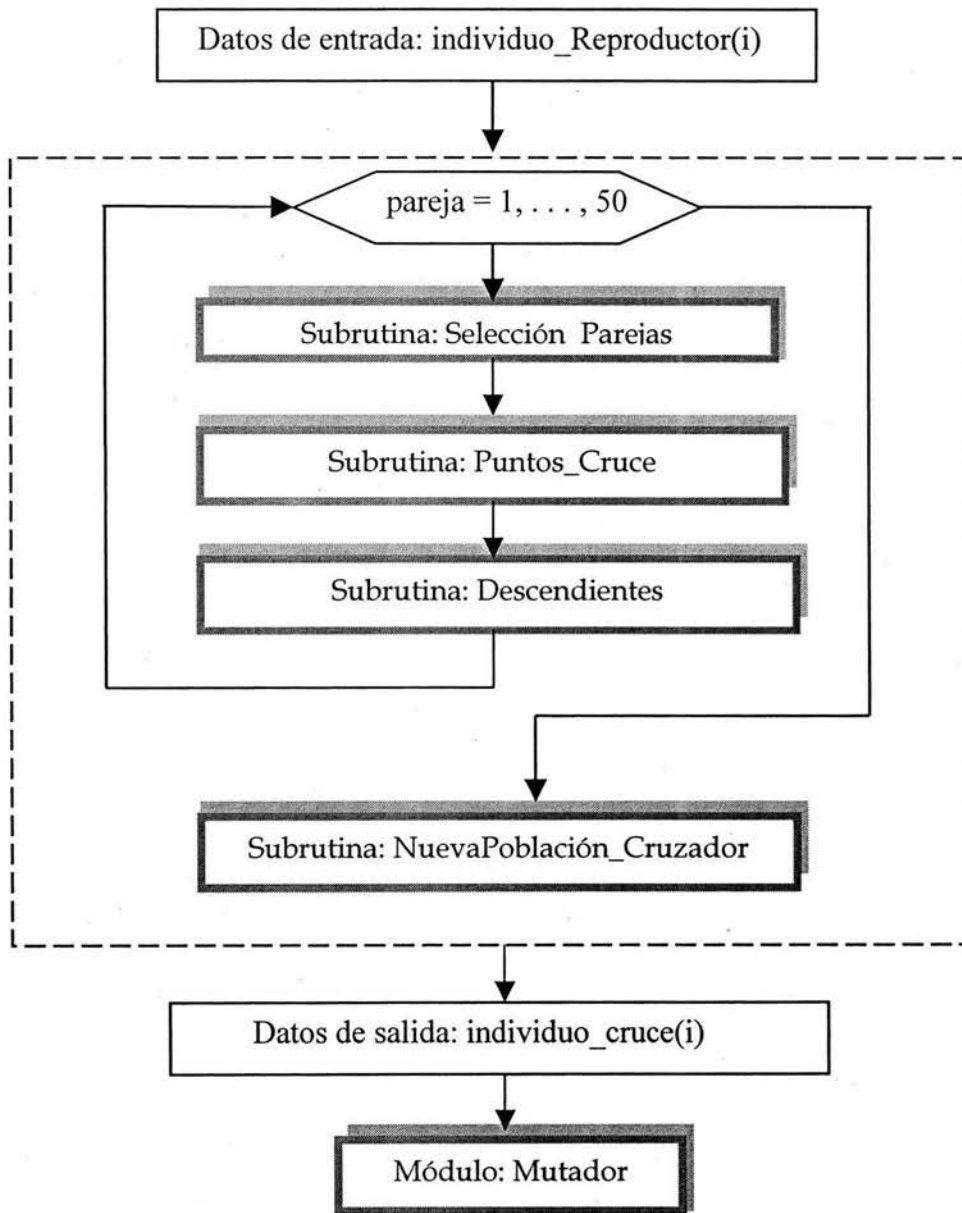


Figura A17. Módulo Cruzador y su relación con otras partes del programa.

✓ **A.7. Módulo Mutador**

En este módulo se muta algún o algunos de los individuos de la población, mediante un factor mutante, esta mutación se lleva a cabo a través de la modificación de al menos un gen de la cadena genotípica de por lo menos un individuo de la población, dado que la cadena genotípica contiene unos y ceros, la mutación transforma uno de estos valores, es decir, si el gen a mutar es 1 se transforma en 0 y viceversa.

La mutación previene la pérdida de diversidad genética de la población, si la mutación es grande la calificación de la población no será alta, y oscilará entre valores bajos y altos, si la mutación es baja, se perderá diversidad genética con lo que la calificación será baja y se estabilizará en ciclos reducidos. La literatura recomienda que se de un factor mutante que cambie 2 por cada 2000 genes transferidos, Goldberg (1989)⁷.

Para el presente caso cada generación contiene $100 \cdot (h+i+2)$ genes. Para determinar el factor mutante se utiliza la siguiente ecuación:

$$factor_mutante\% = 100 \left(\frac{Entero \left[2 \left(\frac{población(h+i+2)}{bits_transferidos} \right) \right]}{población(h+i+2)} \right) \dots ec(A7)$$

Con lo que se mutan 2 de cada 2000 genes transferidos, si se desea mutar más genes se utiliza la siguiente ecuación:

$$factor_mutante\% = 100 \left(\frac{Entero \left[bits_mutados_bt \left(\frac{población(h+i+2)}{bits_transferidos} \right) \right]}{población(h+i+2)} \right) \dots ec(A8)$$

⁷ Goldberg, D. E. "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning". Addison-Wesley Publishing Company. 1989.

donde *bits_mutados_bt* puede tomar valores enteros positivos entre 0 y el valor de *bits_transferidos*.

Cuando el *factor_mutante* es el dato, se emplea la siguiente ecuación:

$$bits_mutados_bt = Entero_Sup \left[\left(\frac{(factor_mutante \%)(bits_transferidos)}{100} \right) \right] \dots ec(A9)$$

donde la función *Entero_Sup []* entrega el entero más cercano al resultado. Los bits mutados de la población completa se determina con la siguiente ecuación:

$$bits_mutados_pob = Entero \left[\left(\frac{(factor_mutante \%)(población(h+i+2))}{100} \right) \right] \dots ec(A10)$$

La ecuación A10 es la que se emplea en el módulo Mutador. La siguiente figura muestra la relación del módulo Mutador con otras partes del programa:

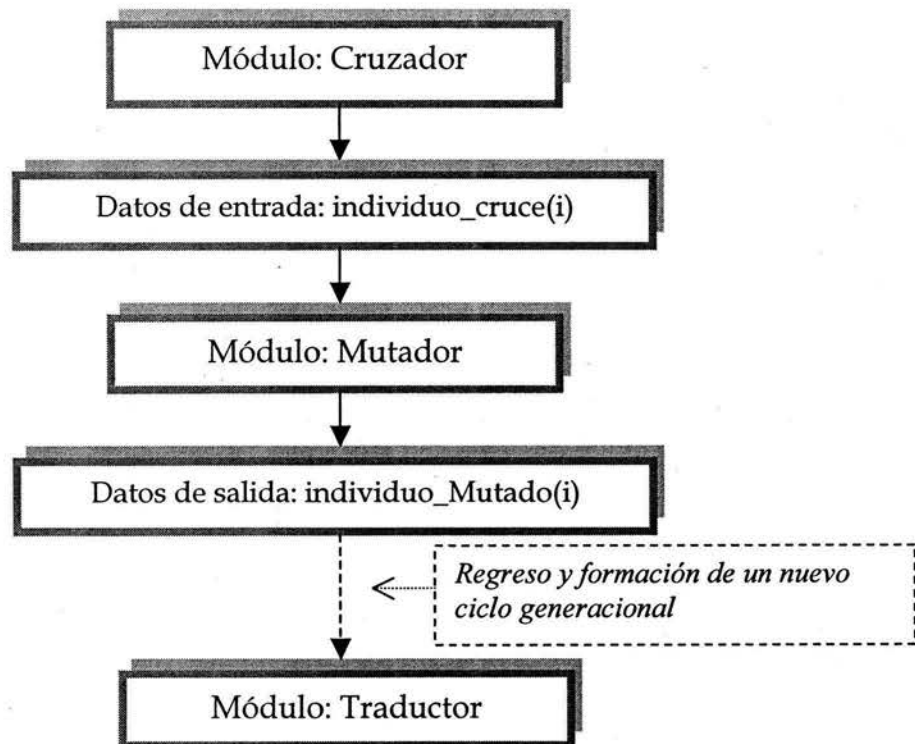


Figura A18. Módulo Mutador y su relación con otras partes del programa.

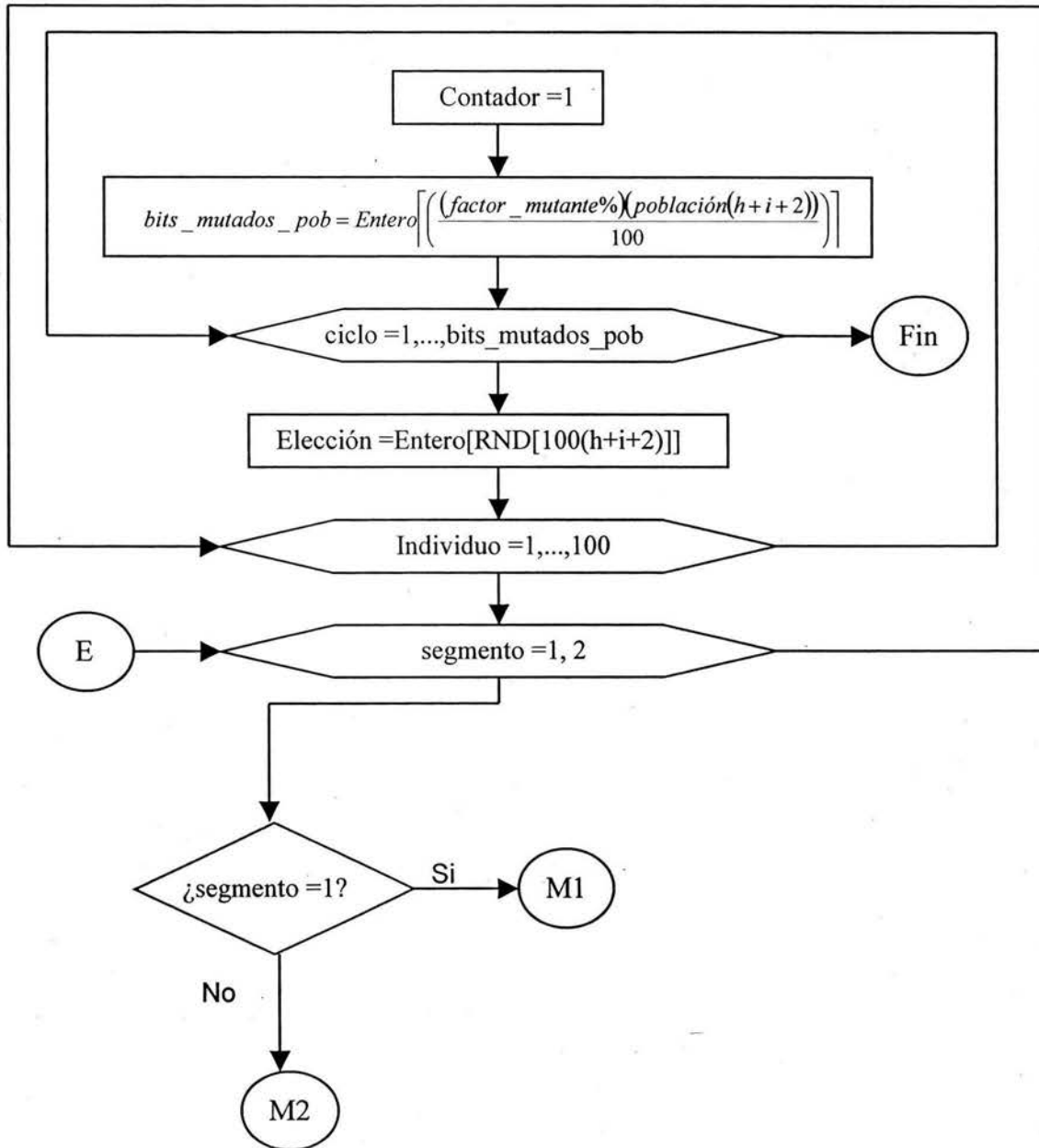


Figura A19. Módulo Mutador.

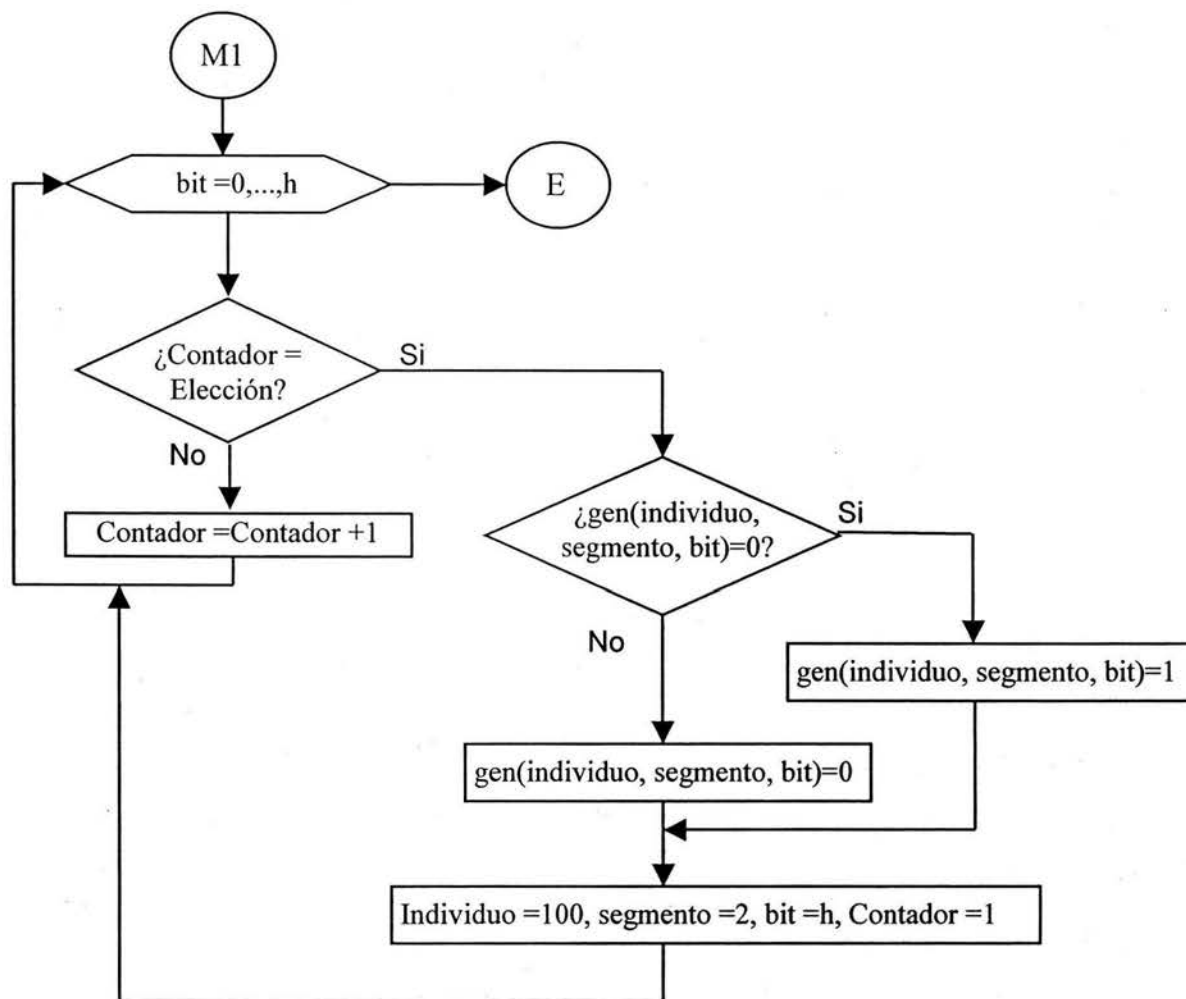


Figura A20. Módulo Mutador (continuación).

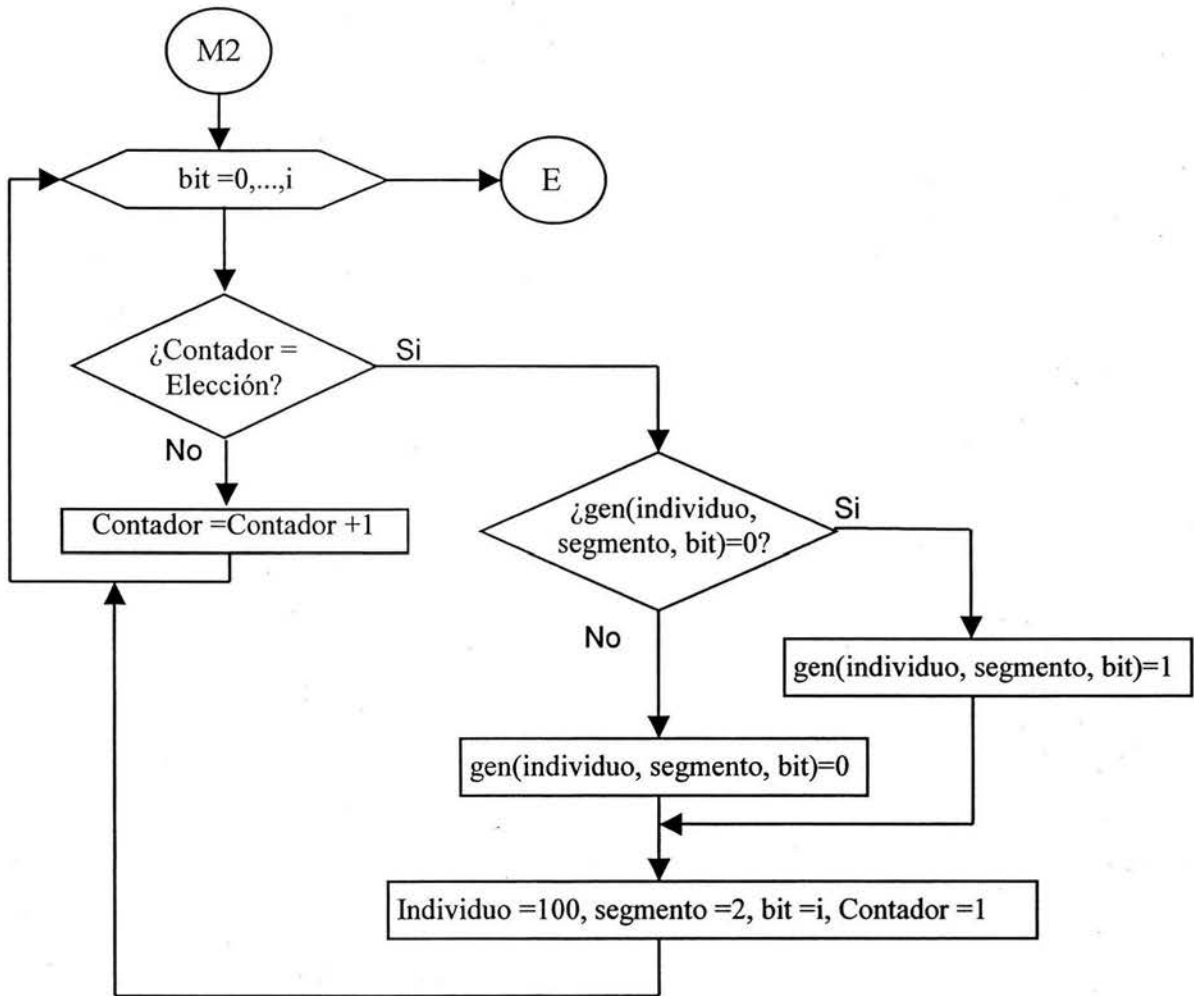


Figura A21. Módulo Mutador (continuación).

Índice alfabético.

A		Huxley	2
adaptación	2, 3	I	
ADN	3, 6, 8	Índice_m	81
anagénesis	10	J	
Anaximandro	3	jerk	23
aptitud relativa	88, 89	L	
B		Lamarck	3, 4
Beagle	4	Leeuwenhoek	5
C		M	
cadena de bits	81	marco de referencia	18, 22
cladogénesis	10	matriz de rotación	20, 21, 22
cromatina	9	Mendel	5, 6, 8
cromosoma	5	mendelismo	8
D		mitosis	5, 10
Darwin	2, 3, 4, 5, 11	mutación	11, 73, 97
Dobzhansky	2, 11	N	
E		Nageli	5, 9
Empédocles	3	P	
especiación	1, 3, 10	productividad	ii, v, 36, 76, 78, 80
Euler	33	progenitores	9
evolucionismo	3	R	
F		recombinación	8, 11, 13
factor mutante	97	S	
G		selección natural	2, 3, 4
gen(*, *, *)	84	Spline	27
generación espontánea	4	T	
genes	2, 3, 6, 8	trayectoria	18, 22
genética clásica	8	tres leyes sobre los caracteres	8
genética evolutiva	8	V	
genética molecular	6, 8	Virchow	5
H			
híbridos	8, 9		
Holland	13, 14, 17		
Hooke	5		