

NON
621
SÉ 662
TÉS/IMEM
1991

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E TECNOLOGIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA MECÂNICA

**ESTUDO AVALIATIVO DE ALGORITMOS GENÉTICOS APLICADOS A
PROBLEMAS DE IDENTIFICAÇÃO EM ELASTODINÂMICA**

Dissertação apresentada
à Universidade Federal de Uberlândia por:

LUCIANO AFONSO DA SILVA

Como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em
Engenharia Mecânica

Aprovada por:

Prof. Dr. Domingos Alves Rade – (UFU) – Orientador
Prof. Dr. Jesiel Cunha – (UFU) – Co-orientador
Prof. Dr. Carlos Roberto Ribeiro – (UFU)
Prof. Dr. Robson Pederiva – (UNICAMP)

DIRBI/UFU



1000187168

*Aos meus pais, Orozimbo Afonso da
Silva e Maria Luiza Padovani da Silva, pelo
apoio e compreensão, e a Deus cujo amor
proporcionou mais uma vitória em minha vida.*

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Domingos Alves Rade e ao Prof. Dr. Jesiel Cunha, pelo incentivo e orientação fundamentais à realização deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Carlos Roberto Ribeiro e ao Prof. Dr. Roberto Pederiva, membros da Banca Examinadora, pelos conselhos indispensáveis à conclusão do trabalho.

À CAPES (Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pelo suporte financeiro.

E ao Departamento de Engenharia Mecânica e à Coordenação do Curso de Pós-Graduação, por permitir que o trabalho pudesse ser realizado em boas condições.

SUMÁRIO

	PÁGINA
SIMBOLOGIA	
LETRAS LATINAS	viii
LETRAS GREGAS	xiii
I – INTRODUÇÃO	1
II – FUNDAMENTOS DOS ALGORITMOS GENÉTICOS	6
2.1 – INTRODUÇÃO	6
2.2 – HISTÓRICO	7
2.3 – TERMINOLOGIA	8
2.4 – FUNCIONAMENTO DE UM ALGORITMO GENÉTICO	9
2.5 – OPERADORES USUAIS DOS ALGORITMOS GENÉTICOS	15
2.5.1 – Seleção	15
2.5.1.1 – <i>Seleção pelo método da roleta</i>	17
2.5.1.2 – <i>Seleção por Grau</i>	18
2.5.1.3 – <i>Seleção por Torneio</i>	19
2.5.2 – Recombinação (Cruzamento)	19
2.5.2.1 – <i>Recombinação Discreta</i>	19
2.5.2.2 – <i>Recombinação Intermediária</i>	20
2.5.2.3 – <i>Recombinação Aritmética</i>	21
2.5.2.4 – <i>Cruzamento Simples</i>	22
2.5.2.5 – <i>Cruzamento Múltiplo</i>	22
2.5.2.6 – <i>Cruzamento Uniforme</i>	23
2.5.3 – Mutação	24
2.5.3.1 – <i>Mutação binária</i>	24
2.5.3.2 – <i>Mutação Uniforme</i>	24
2.5.3.3 – <i>Mutação Não-Uniforme</i>	25
2.5.3.4 – <i>Mutação Multi-Não-Uniforme</i>	25
2.5.3.5 – <i>Mutação de Contorno</i>	25
2.6 – OPERADORES GENÉTICOS ESPECIAIS	26
2.6.1 – Elitismo	26
2.6.2 – Nicho	26
2.6.3 – Migração	27
2.6.4 – Outros Operadores	28
2.7 – FUNDAMENTOS MATEMÁTICOS – TEOREMA FUNDAMENTAL DOS ALGORITMOS GENÉTICOS	29
2.8 – DESCRIÇÃO DO ALGORITMO E DOS OPERADORES UTILIZADOS NO TRABALHO	39
III – FUNDAMENTOS DE TÉCNICAS DE IDENTIFICAÇÃO	42
PARAMÉTRICA	
3.1 – INTRODUÇÃO	42
3.2 – FORMULAÇÃO MATEMÁTICA DOS PROBLEMAS DE IDENTIFICAÇÃO	44

3.3 – UMA PRIMEIRA AVALIAÇÃO DOS AGS APLICADOS A PROBLEMAS DE IDENTIFICAÇÃO	45
3.3.1 – Avaliação da Robustez à multimodalidade	46
3.3.2 – Avaliação da Robustez ao Ruído	49
IV – LOCALIZAÇÃO E QUANTIFICAÇÃO DE ERROS DE MODELAGEM A PARTIR DE PARÂMETROS MODAIS	53
4.1 – INTRODUÇÃO	53
4.2 – FORMULAÇÃO DA TÉCNICA USADA DA IDENTIFICAÇÃO DE ERROS DE MODELAGEM	55
4.3 – CONSTRUÇÃO DO MODELO DE ELEMENTOS FINITOS	59
4.4 – SIMULAÇÕES NUMÉRICAS	60
4.4.1 – Viga livre-livre com uma única falha, sem ruído.	61
4.4.2 – Viga engastada-livre na presença de ruído – falha perto do engaste.	63
4.4.3 – Viga engastada-livre na presença de ruído – falha distante do engaste.	65
4.4.4 – Identificação Simultânea de Duas Falhas	68
4.4.5 – Ajuste do Modelo da Estrutura “GARTEUR”	70
4.5 – IDENTIFICAÇÃO DE FALHA EM UMA ESTRUTURA REAL, ENSAIADA EM LABORATÓRIO	73
4.5.1 – Procedimento Experimental	74
4.5.2 – Resultados obtidos	79
V – IDENTIFICAÇÃO DE PARÂMETROS DE ELEMENTOS DE SUPORTE	81
5.1 – INTRODUÇÃO	81
5.2 – IDENTIFICAÇÃO DE PARÂMETROS DE ELEMENTOS DE SUPORTE LINEARES A PARTIR DE RESPOSTAS TEMPORAIS	82
5.3 – IDENTIFICAÇÃO DE PARÂMETROS DE ELEMENTOS DE SUPORTE NÃO LINEARES A PARTIR DE RESPOSTAS TEMPORAIS	93
5.4 – IDENTIFICAÇÃO DE PARÂMETROS DE ELEMENTOS DE SUPORTE LINEARES UTILIZANDO ACOPLAMENTO DE SUB-ESTRUTURAS BASEADO EM FRFs	98
5.4.1 – Técnica de Acoplamento de Sub-estruturas	99
5.4.2 – Aplicações Numéricas	103
VI – CONCLUSÕES GERAIS E PERSPECTIVA FUTURAS	111
VII – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	113

Silva, L. A., 1999, "Estudo Avaliativo de Algoritmos Genéticos Aplicados a Problemas de Identificação em Elastodinâmica", Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

Resumo

Este trabalho tem como objetivo o estudo avaliativo de uma metodologia computacional de otimização, denominada algoritmos genéticos, quando aplicada a alguns problemas de identificação paramétrica, no domínio da elastodinâmica. Tais algoritmos são baseados nas idéias de seleção natural, criadas por Darwin, e ao contrário dos algoritmos clássicos, que procuram a solução do problema a partir de um único ponto do espaço de busca, os algoritmos genéticos operam simultaneamente com um grande número de pontos. Desta forma são aumentadas as chances de que o mínimo global da função objetivo seja atingido. Os problemas analisados são formulados como problemas de otimização em que as funções objetivo representam as diferenças entre o comportamento dinâmico observado experimentalmente e aquele previsto pelos modelos analíticos. Num capítulo introdutório são apresentados os fundamentos dos algoritmos genéticos e também um breve estudo comparativo com os métodos clássicos de otimização, onde critérios de robustez com relação à multimodalidade e à presença de ruído são avaliados. O enfoque principal é dado aos seguintes problemas inversos: ajuste de modelos de elementos finitos, avaliação de danos estruturais e identificação de parâmetros físicos — inércia, rigidez e amortecimento — de elementos de suporte lineares e não lineares. Diversas aplicações numéricas são realizadas. A primeira trata do problema de ajuste de modelos, tendo como objetivo a localização e quantificação de erros de modelagem ou falhas estruturais. Estes erros são tratados como reduções na rigidez, e sua determinação é feita a partir da confrontação dos autovalores e autovetores das estruturas com erro e sem erro. Esta metodologia é aplicada a sistemas simulados numericamente e a uma estrutura simples ensaiada em laboratório. A identificação de parâmetros físicos de suportes é abordada com dois enfoques: no primeiro, são determinados parâmetros de suportes lineares e não lineares a partir das respostas dinâmicas temporais. Na segunda abordagem, os parâmetros são identificados considerando uma técnica de acoplamento de sub-estruturas usando funções resposta em freqüência. Aplicações são feitas a estruturas simuladas numericamente. Com base nos resultados obtidos, a avaliação do desempenho dos algoritmos genéticos é feita em termos da precisão das soluções e da robustez em relação a ruídos aleatórios presentes nos dados utilizados.

Palavras-Chave: Algoritmos genéticos. Identificação paramétrica. Ajuste de Modelos. Elementos de suporte. Acoplamento de sub-estruturas. Problemas inversos.

Silva, L. A., 1999, "Assessment Study of Genetic Algorithms Applicable to Identification Problems in Elatodynamic", Ms. C. Dissertation, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

Abstract

The objective of this work is to perform an assessment study of a optimization methodology, know as genetic algorithms, when applied to some parameter identification problem in elastodynamics. These algorithms are based on natural selection principles, created by Darwin, and unlike the classical algorithms, which seek the solution of the problem starting from a single point of the search space, the genetic algorithms operate simultaneously with a great number of points. Thus, the chances that the global minimum of the objective function is reached are increased. The parameter identification problems are formulated as optimization problems where the objective functions represent the differences between the experimentally observed dynamic behavior and the previsions of the analytical models. The basis of genetic algorithms and also a brief comparative study to classical methods of optimization are presented, where robustness to noise and the presence of local minima is evaluated. The main focus is given to the following inverse problems: finite element model adjustment, evaluation of structural damage, and identification of physical parameters - mass, stiffness and damping - of linear and non-linear support elements. Several numerical applications are presented. The first deals with the problem of model adjustment, and the objective is the location and extension of modeling errors. These errors are treated as stiffness variations, and their assessment is made by comparing the eigenvalues and eigenvectors of the structure with and without modeling errors. This methodology is applied to numerically simulated systems and also to a simple structure, tested in laboratory. For the identification of support parameters, two methodologies are used: in the first one, linear and non-linear support parameters are identified from the time-domain responses. In the second one, the parameters are identified considering a sub-structure coupling technique using frequency response functions. Applications to numerically simulated structures are performed. Based on numerical simulation examples, the genetic algorithms are appraised in terms of accuracy of the obtained solutions and robustness to random noise present in the used data.

Key-words: Genetic algorithms. Parametric identification. Model updating. Supporting elements. Sub-structure coupling. Inverse problems.

SIMBOLOGIA

LETROS LATINAS

AGs	- Algoritmos Genéticos
pop	- População
l	- Indivíduo
c_j	- Limite inferior do domínio da variável
d_j	- Limite superior do domínio da variável
x_j	- Valor decimal da variável dentro de seu domínio e com a devida precisão
m_j	- Comprimento da cadeia binária do indivíduo j
F	- Índice de aptidão total da população
p_j	- Probabilidade de seleção do indivíduo j
q	- Probabilidade de seleção acumulada de um indivíduo
p_c	- Probabilidade de cruzamento
p_m	- Probabilidade de mutação
Ng	- Valor máximo do grau para o método de seleção por grau
Min	- Valor esperado do indivíduo com grau 1
Max	- Valor esperado do indivíduo com grau Ng
$Val_{Esp}(l, t)$	- Valor esperado para cada indivíduo l no tempo t
T	- Número de indivíduos escolhidos na seleção por torneio
$nvar$	- Valor da variável gerada após a mutação
var_L	- Limite inferior da variável a ser mutada
Δvar	- Diferença entre o limite superior e inferior da variável

r_n	- Valor aleatório entre 0 e 1
var_u	- Limite superior da variável
var	- Variável a ser mutada
r	- Relação entre o valor da geração atual e o número máximo de gerações
b	- Parâmetro de forma usado na mutação não-uniforme
H	- Esquema
$o(H)$	- Ordem de um esquema H
$aval(H, t)$	- Aptidão do esquema numa geração qualquer
p	- Quantidade de indivíduos da população representados pelo esquema H numa geração qualquer
$\overline{F(t)}$	- Aptidão média da população
K^m	- Matriz de rigidez do modelo de elementos finitos
M^m	- Matriz de massa do modelo de elementos finitos
K^e	- Matriz de rigidez da estrutura real
M^e	- Matriz de massa da estrutura real
ΔK	- Erros de modelagem associados a rigidez
ΔM	- Erros de modelagem associados a massa
K_j^m	- Matriz de rigidez associada ao j -ésimo subdomínio
M_j^m	- Matriz de massa associada ao j -ésimo subdomínio
k_j	- Coeficiente de rigidez adimensional escalar de combinação linear
m_j	- Coeficiente de massa adimensional escalar de combinação linear
k_j^*	- Parâmetro adimensional de rigidez, atribuído a cada um dos j -ésimos subdomínios do modelo

m_j^*	- Parâmetro adimensional de massa, atribuído a cada um dos j-ésimos subdomínios do modelo
FRFs	- Funções resposta em freqüência
J_1	- Função Objetivo baseada nos autovalores
J_2	- Função Objetivo baseada nos autovalores e autovetores
J_3	- Função Objetivo baseada nos autovalores e nas frequências de anti-resonância
v	- Número de auto-soluções utilizadas no ajuste
na	- Número de FRFs calculadas para a obtenção das freqüências de anti-resonância
c	- Número de graus de liberdade instrumentados
vpc	- Variável de projeto contínua
vpd	- Variável de projeto discreta
J_{pen}	- Função de penalidade
$H_{ij}(\omega)$	- Elemento ij da matriz de flexibilidade dinâmica
GARTEUR	- Group for Aeronautical Research and Technology in Europe
ES_j	- Elemento de suporte j
$y(t)$	- Resposta temporal experimental
$\hat{y}(t)$	- Resposta temporal do modelo
EMQ	- Erro médio quadrático normalizado
σ_y^2	- Variância da resposta temporal experimental
$F(t)_{ES}$	- Força total imprimida pelo suporte na estrutura principal
$y_i(t_j)$	- Resposta simulada sem ruído no i -ésimo sensor, no instante t_j
$\tilde{y}_i(t_j)$	- Resposta contaminada pelo ruído no i -ésimo sensor, no instante t_j

r_j	- Número real aleatório, com distribuição uniforme, pertencente ao intervalo [-1 1]
$ y_i _{\max}$	- Amplitude máxima da resposta no intervalo de tempo considerado
e_{\max} e e_{\min}	- Valores máximo e mínimo dos erros aleatórios, respectivamente
$\{X_p\}_R$	- Coordenadas livres de P
$\{X_p\}_C$	- Coordenadas acopladas de P
$\{X_s\}_T$	- Coordenadas livres de S
$\{X_s\}_C$	- Coordenadas acopladas de S
$\{X_a\}_R$	- Coordenadas livres de A
$\{X_a\}_T$	- Coordenadas livres de A
$\{X_a\}_C$	- Coordenadas acopladas de A
$\{X_p\}$	- Vetor das amplitudes da resposta harmônica de P
$\{X_s\}$	- Vetor das amplitudes da resposta harmônica de S
$\{X_a\}$	- Vetor das amplitudes da resposta harmônica de A
$\{F_p\}$	- Vetor das amplitudes da força de excitação harmônica de P
$\{F_s\}$	- Vetor das amplitudes da força de excitação harmônica de S
$\{F_a\}$	- Vetor das amplitudes da força de excitação harmônica de A
$[H_p]$	- Matriz das FRFs de P
$[H_s]$	- Matriz das FRFs de S
$[H_a]$	- Matriz das FRFs de A
J_E	- Função erro utilizada na técnica de acoplamento de sub-estruturas

$H_{ij}^\phi(w)$

- Componente da FRF após a introdução do ruído

LETROS GREGAS

α	- Fator de escala pertencente ao intervalo $[-d; 1+d]$
$\delta(H)$	- Comprimento característico de um esquema H
$\xi(H, t)$	- Número de indivíduos numa população representados por um dado esquema H numa geração qualquer
λ_j^m, λ_j^e	- j-ésimas freqüências naturais do modelo e experimentais, respectivamente
$\gamma_{j,k}^m, \gamma_{j,k}^e$	- j-ésimas anti-ressonâncias do modelo e experimentais pertencentes a k-ésima FRF
ϕ_j^m	- j-ésimo autovetor medido
ϕ_j^e	- j-ésimo autovetor experimental
$\lambda_j^A, \hat{\lambda}_j^A$	- j-ésimas frequências naturais medidas e analíticas da estrutura acoplada
$\gamma_j^A, \hat{\gamma}_j^A$	- j-ésimas anti-ressonâncias medidas e analíticas da estrutura acoplada
v	- Números aleatórios uniformemente distribuídos no intervalo $[-1; 1]$
φ	- Porcentagem de ruído a ser adicionada

CAPÍTULO I

INTRODUÇÃO

O estudo de problemas em Ciência e Engenharia envolve, na quase totalidade dos casos, uma etapa de modelagem matemática do processo em estudo. Quando se tratam sistemas simples, envolvendo fenômenos bem conhecidos, esta modelagem pode ser feita pela via puramente analítica, empregando as leis físicas que regem os fenômenos envolvidos. Entretanto, quando se tratam sistemas complexos, a modelagem exclusivamente analítica pode revelar-se inadequada, imprecisa ou mesmo impossível. Nestes casos, deve-se fazer uso de técnicas de identificação que objetivam a construção de modelos empregando dados mistos analítico-experimentais. Na maioria das vezes, nestes procedimentos, parte-se de um modelo teórico com uma estrutura definida *a priori*, contendo, porém, um conjunto de parâmetros a serem determinados. A determinação dos parâmetros é feita de modo a assegurar a melhor correlação possível entre as previsões do modelo e os dados experimentais. Do ponto de vista matemático, este problema, conhecido como *identificação paramétrica*, pode ser formulado como um problema de otimização em que as variáveis de projeto são os parâmetros do modelo e a função custo a ser minimizada expressa a diferença entre as previsões do modelo e os dados experimentais.

Vários problemas práticos de Engenharia inserem-se na classe dos problemas de identificação, podendo-se citar, a título de exemplo:

- identificação de propriedades termofísicas a partir de medidas de temperatura;
- ajuste de modelos de elementos finitos a partir de dados vibratórios;
- localização e quantificação de falhas estruturais a partir das respostas dinâmicas;
- identificação de parâmetros modais (freqüências naturais, fatores de amortecimento, modos de vibração) a partir de ensaios dinâmicos.

Diversas técnicas clássicas de otimização têm sido utilizadas na resolução dos problemas de identificação, tais como as técnicas de mínimos quadrados ordinários e ponderados, mínimos quadrados não lineares (método de Newton e de Gauss-Newton), método do Gradiente Conjugado, etc (Walter e Pronzato, 1994). De modo geral, todos eles

experimentam, em maior ou menor grau, dificuldades relacionadas à não convergência e à existência de mínimos locais da função custo.

Recentemente, novas técnicas de otimização têm aparecido e vêm tendo sua gama de aplicação continuamente aumentada. Durante os últimos 30 anos, diferentes técnicas relacionadas aos algoritmos evolucionários surgiram: algoritmos genéticos (AGs), desenvolvidos principalmente nos Estados Unidos por Holland (1975), estratégias evolutivas, desenvolvidas na Alemanha por Rechenberg (1973) e Schwefel (1981) e a programação evolucionária (Fogel et al. 1966). Cada uma delas constitui uma aproximação diferente. Entretanto, todas são inspiradas nos mesmos princípios da evolução natural.

Os algoritmos genéticos são métodos de busca estocásticos que imitam a evolução biológica natural. Operam num conjunto de soluções aplicando o princípio da sobrevivência dos mais aptos para produzir uma solução cada vez melhor. A cada geração, um novo conjunto de aproximações é criado pelo processo de seleção dos indivíduos, de acordo com o nível de aptidão associado ao problema, e a procriação é feita entre estes indivíduos através de operadores extraídos da genética natural. Este processo leva à evolução de indivíduos que se adaptam melhor ao seu ambiente que os indivíduos a partir dos quais eles foram criados, tal como na adaptação natural. Os algoritmos genéticos modelam os processos naturais, através de operadores básicos tais como seleção, cruzamento, mutação, etc, que serão detalhados posteriormente. A Figura 1.1 mostra a estrutura básica de um algoritmo genético simples.

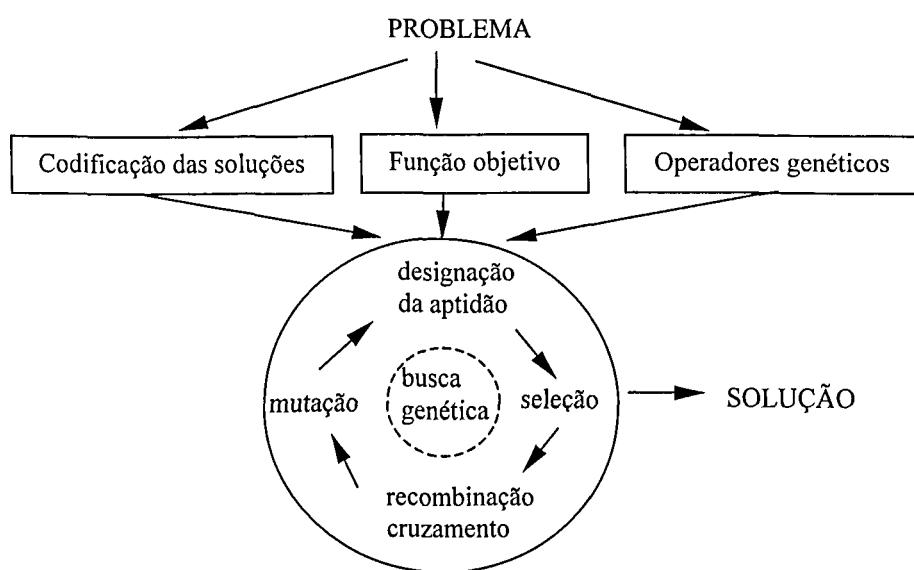


Figura 1.1 – Estrutura de um algoritmo genético simples.

Nas estratégias evolutivas a população consiste apenas de um único indivíduo. Também há apenas um operador genético usado no processo evolutivo: a mutação. A idéia presente é a representação dos indivíduos como um par de vetores, ou seja, $v=(x, \sigma)$. O primeiro vetor x representa um ponto no espaço de busca; o segundo vetor σ é um vetor de desvios padrões. A mutação na data t é realizada pela troca de x por:

$$x^{t+1} = x^t + N(0, \sigma),$$

onde $N(0, \sigma)$ é um vetor de números aleatórios independentes com distribuição gaussiana de média zero e desvio padrão σ . O resultado da troca (indivíduo mutado) é aceito como novo membro da população, caso sua aptidão seja maior e todas as restrições (caso exista alguma) sejam satisfeitas. Por exemplo, se f é uma função objetivo sem restrições a ser maximizada, um novo indivíduo (x^{t+1}, σ) substitui o antigo (x^t, σ) se $f(x^{t+1}) > f(x^t)$. Caso contrário, a população continua inalterada.

A programação evolucionária é uma técnica na qual os candidatos, representados como máquinas de estado-finito, são evoluídos pela mutação aleatória de seus diagramas de transição de estado e os mais aptos são escolhidos. O ressurgimento pelo interesse na programação genética, foi em parte estimulado por Koza (1992) através da programação genética. A programação genética é um método de otimização evolucionário no qual a estrutura de candidatos evoluem para uma determinada expressão na vizinhança do ótimo que minimize ou maximize a função custo. Ela tem sido aplicada a muitas tarefas de otimização, incluindo a identificação de modelos não lineares a partir de dados experimentais (Gray et al., 1996) e o projeto de filtros não lineares para cancelamento de ruído (Esparcia-Alcúzau e Sharman, 1996). No que se refere a estes algoritmos, existe uma variedade de aplicações, dentre as quais algumas podem ser citadas:

- Programação automática;
- Economia;
- Sistemas imunes;
- Ecologia;
- Genética de população;
- Evolução e aprendizado;
- Sistemas sociais.

Estas aplicações estão entre as várias que demonstram a aplicabilidade dos AGs.

A correta previsão do desempenho dinâmico de estruturas flexíveis depende da precisão dos modelos analíticos que representam tais estruturas. Devido à complexidade de certas estruturas, uma forma bastante comum de técnica de modelagem é a baseada na construção de modelos de elementos finitos. Entretanto, é conhecido que estes modelos raramente representam fielmente as características dinâmicas de uma estrutura real. Larson e Zimmerman (1993) usaram estruturas simples a fim de explorar o uso dos AGs para o refinamento de modelos. Eles usaram uma estrutura metálica e assumiram que o modelo analítico estava incorreto. O refinamento do modelo foi feito considerando como parâmetro de correção dos AGs o módulo de elasticidade da estrutura. Stabb e Bleloch (1995) desenvolveram um método, baseado nos AGs, para o posicionamento ótimo de sensores, que consiste na redução do número de graus de liberdade do modelo. Os AGs diferem de outros métodos, por exemplo a Redução de Guyan, pelo fato de realizarem a redução do modelo a partir da quantidade exata de graus de liberdade a serem trabalhados.

No trabalho de Tanaka e Nakamura (1994), o método de análise inversa foi proposto para a identificação de falhas em problemas de elastodinâmica através do uso dos algoritmos genéticos e do algoritmo de filtro de Kalman estendido. Da mesma forma, outros autores fizeram uso de algoritmos híbridos, tais como Furuya e Haftka (1996), que combinaram algoritmos genéticos e determinísticos para determinação de posições ótimas de atuadores em estruturas espaciais. Naquele trabalho, os autores usaram um algoritmo determinístico para primeiramente fazer uma estimativa das posições quase ótimas dos atuadores e então montaram a população inicial dos algoritmos genéticos com estas posições. A proposta do procedimento híbrido visa a redução do custo computacional da otimização genética.

Trabalhos mais recentes, envolvendo estudos avaliativos dos algoritmos genéticos aplicados a alguns tipos de problemas foram realizados: Benle (1998) investigou o uso dos AGs para a otimização de malhas em modelos de elementos finitos. Braga (1998) realizou um estudo comparativo entre os AGs e os algoritmos convencionais em aplicações à otimização de sistemas mecânicos.

O presente trabalho visa o estudo avaliativo do desempenho dos Algoritmos Genéticos e suas possibilidades de aplicação em problemas de identificação de sistemas mecânicos.

O interesse no estudo dos AGs é motivado pela sua fácil implementação e adaptação, e também por se tratar de uma ferramenta de otimização robusta.

O trabalho é constituído de seis capítulos, organizados da seguinte maneira:

O Capítulo I contém a introdução geral do trabalho.

O Capítulo II apresenta uma introdução aos algoritmos genéticos. Os fundamentos matemáticos e exemplos de aplicação são ilustrados. Também são detalhados alguns operadores genéticos mais comuns.

No Capítulo III uma breve introdução aos problemas de identificação é apresentada. Também é feita uma comparação dos algoritmos genéticos com os métodos tradicionais de otimização.

O Capítulo IV ilustra, como primeira aplicação dos algoritmos genéticos, o problema de ajuste de modelos de elementos finitos. São apresentadas algumas aplicações numéricas em estruturas simuladas e também uma aplicação a uma estrutura ensaiada em laboratório.

O Capítulo V apresenta aplicações à identificação de parâmetros de elementos de suporte lineares e não lineares. São feitas abordagens no domínio do tempo e no domínio da freqüência.

Por fim, no Capítulo VI, são destacadas as conclusões gerais acerca do trabalho.

CAPÍTULO II

FUNDAMENTOS DOS ALGORITMOS GENÉTICOS

2.1 - INTRODUÇÃO

Os Algoritmos Genéticos são métodos generalizados de busca e otimização baseados nos mecanismos de seleção e genética natural.

Na natureza, os indivíduos de uma mesma espécie competem entre si em busca de alimentação, abrigo, sobrevivência, etc. Aqueles mais aptos tendem a possuir um maior número de descendentes e têm, portanto, maior probabilidade de que os seus genes sejam propagados para as gerações posteriores. A combinação destes genes pode ainda produzir um novo indivíduo com um grau de adaptação no meio ambiente bem maior que o dos seus progenitores.

Os AGs operam da mesma forma. Cada indivíduo representa uma possível solução do problema em estudo. A cada indivíduo é atribuída uma pontuação, ou grau de adaptação, de modo que aos mais aptos é dada uma maior probabilidade de reprodução para a geração seguinte. Esta reprodução é feita através da clonagem dos indivíduos mais bem adaptados e do cruzamento de dois indivíduos progenitores formando novos indivíduos com características de ambos os pais.

Os métodos de busca e otimização consideram dois componentes importantes, que são: o espaço de busca e a função objetivo. O primeiro é o conjunto das possíveis soluções do problema, e o segundo permite avaliar o grau de otimalidade de cada elemento do espaço de busca.

Diferentemente dos algoritmos clássicos de otimização, os AGs não trabalham com um único ponto do espaço de busca e sim com um conjunto de pontos simultaneamente. Além disso, eles não se limitam pela existência de derivadas da função objetivo e não se baseiam

em hipóteses de continuidade, unimodalidade, etc. Eles requerem apenas os valores da função objetivo associados a diferentes pontos do espaço de busca.

Em resumo, as particularidades que diferem os AGs dos métodos tradicionais são as seguintes:

- não trabalham com as variáveis de projeto e sim com uma codificação das mesmas;
- trabalham simultaneamente com um conjunto de pontos do espaço de busca e não com um único ponto;
- utilizam apenas os valores da própria função objetivo e não utilizam derivadas ou qualquer outro conhecimento auxiliar;
- usam regras de transição probabilísticas e não determinísticas.

Um dos problemas dos métodos tradicionais é que eles não possuem robustez, ou seja, as soluções por eles fornecidas são fortemente influenciadas por fatores tais como: falta de continuidade das funções a serem minimizadas, multimodalidade, existência de ruído nas funções objetivo, e existência de mínimos locais. Devido às suas características, os AGs demonstram ser muito mais robustos que os métodos tradicionais, sendo este o principal motivo do emprego crescente destes algoritmos no estudo de problemas de Engenharia.

2.2 - HISTÓRICO

Em 1958, Charles Darwin, após anos de experimentos e observações, apresentou sua teoria de evolução através da seleção natural, trabalho este que também foi desenvolvido em paralelo por Wallace. Em meados do século XX, foi criado o princípio básico da Genética Populacional, que surgiu da combinação da genética e das idéias de Darwin e Wallace sobre seleção natural. Esta junção, que é a teoria da evolução conhecida hoje em dia, diz que a mutação e a recombinação genética são os responsáveis pela variabilidade entre indivíduos de uma população de organismos que se reproduzem sexualmente. Nos anos 50 e 60, vários cientistas da área computacional estudaram os sistemas evolucionários com o propósito de usar a evolução como uma ferramenta de otimização em problemas de

Engenharia. A idéia destes cientistas era utilizar operadores inspirados na genética e seleção natural que pudessem evoluir uma população de candidatos à solução de um determinado problema. Vários outros pesquisadores, Box (1959), Friedman (1959), Bledsoe (1961), Reed et al. (1967), também trabalharam nesta mesma época desenvolvendo algoritmos de otimização inspirados na evolução, embora os seus trabalhos não tenham tido o mesmo reconhecimento que tiveram os algoritmos genéticos, as estratégias evolutivas, e a programação evolucionária. Mas foi nas décadas de 60 e 70 que os algoritmos genéticos começaram a ser desenvolvidos. Foram inventados por John Holland tendo como objetivo inicial o estudo de fenômenos de adaptação que ocorrem na natureza, com o propósito de desenvolver caminhos nos quais os mecanismos de adaptação natural pudessem ser importados a sistemas computacionais.

2.3 - TERMINOLOGIA

Sendo os AGs baseados num processo natural, a sua terminologia é usualmente associada àquela usada na genética natural.

Todos os organismos vivos são formados por células, e cada célula contém o mesmo conjunto de um ou mais *cromossomos* - cadeias de DNA. Um cromossomo pode ser conceitualmente dividido em *genes* - blocos funcionais de DNA, cada um dos quais codificando uma proteína em particular. Pode-se imaginar que um gene transporte uma determinada característica, como por exemplo a cor dos olhos. Os genes podem assumir determinados valores (neste caso: azul, preto, verde, etc.) chamados de *alelos*. Cada gene é localizado numa posição (*locus*) particular do cromossomo.

Muitos organismos têm cromossomos múltiplos em cada célula. O material genético completo (todos os cromossomos juntos) é chamado de *genoma*. O termo *genótipo* refere-se a um conjunto particular de genes contidos em um genoma. O organismo formado pela interação do genótipo com o ambiente, devido ao desenvolvimento fetal e pós-fetal, é conhecido como *fenótipo*.

Os organismos podem ser *diplopoides*, tendo os cromossomos arranjados em pares, ou *haplopoides*, cujo genótipo é formado por cromossomos simples. Na natureza, a maioria das espécies que se reproduzem sexualmente são diplopoides, incluindo o Homem, que tem 23 pares de cromossomos em cada célula somática.

Nos AGs, o termo *cromossomo* refere-se a um candidato à solução do problema e é dito *cadeia* ou *indivíduo*, freqüentemente codificado de forma binária. Os genes são bits únicos ou pequenos blocos de bits adjacentes que codificam os elementos que fazem parte da cadeia binária. O alelo numa representação binária pode ser 0 ou 1. Na genética artificial o genótipo é conhecido como *estrutura* ou *população*. Embora não haja nenhuma noção de fenótipo no contexto dos AGs, têm havido recentes pesquisas com AGs em que se trabalham ambos os níveis genotípicos e fenotípicos (por exemplo, a codificação binária de uma rede neural e a rede neural propriamente dita).

A correspondência entre a terminologia da genética natural e a dos AGs é sumarizada na Tabela 2.1.

Tabela 2.1 - Comparaçao entre a terminologia da genética natural e a dos AGs

Natural	Algoritmo Genético
<i>Cromossomo</i>	<i>Indivíduo, cadeia</i>
<i>Gene</i>	<i>bit</i>
<i>Alelo</i>	<i>valor do bit</i>
<i>Locus</i>	<i>posição do bit</i>
<i>Genótipo</i>	<i>população, estrutura</i>
<i>Fenótipo</i>	<i>estrutura decodificada, conjunto de parâmetros</i>

2.4 - FUNCIONAMENTO DE UM ALGORITMO GENÉTICO

Na solução de problemas através dos AGs é necessária a representação das variáveis de uma forma tal que os operadores dos AGs possam trabalhar adequadamente sobre elas. A forma mais conhecida é a representação binária dos indivíduos. Este processo é

conhecido como *codificação*. Assim como a codificação, uma outra definição também importante é a *função de avaliação* associada a função *objetivo* que se deseja otimizar.

Esta última associa um valor numérico, conhecido como *grau de adaptação*, a cada indivíduo da população. Quando possível, esta função deve ser de cálculo rápido, uma vez que ela deve ser avaliada para todos os indivíduos da população, o que tende a elevar o esforço computacional.

O funcionamento dos AGs será ilustrado com o auxílio do seguinte exemplo, no qual se busca a maximização de uma função de duas variáveis dada por:

$$f(x_1; x_2) = 5 + x_1 \cdot \sin(4\pi x_1) + x_2 \cdot \sin(20\pi x_2), \quad (2.1)$$

com:

$$-2 \leq x_1 \leq 4 \text{ e } 1 \leq x_2 \leq 7$$

Para a codificação binária das variáveis será assumida uma precisão de dois dígitos decimais. A primeira variável possui o domínio [-2;4] de comprimento 6. A precisão requerida indica que o domínio seja dividido em 6×100 (600) partes iguais. Isto indica que uma cadeia binária de 10 dígitos é suficiente para representar a primeira variável no indivíduo, já que:

$$2^9 < 600 < 2^{10}$$

Como a segunda variável também possui um domínio de comprimento 6, cada indivíduo da população será representado por 20 bits, sendo os 10 primeiros destinados a representar x_1 e os 10 últimos destinados a representar x_2 .

Para ilustrar o funcionamento dos AGs será usada uma população de $pop = 4$ indivíduos ($I_j, j=1 \text{ a } 4$), onde os 80 bits são inicializados aleatoriamente. Assume-se que a população inicial seja então dada por:

$I_1 =$																			
x_1										x_2									
1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20

$I_2 =$	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20

$I_3 =$	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	1
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20

$I_4 =$	0	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20

Para a j -ésima variável ($j=1,2$) o mapeamento da cadeia binária de 10 posições $\langle b_9b_8\dots b_0 \rangle$, em sua representação na base decimal é dado pela relação:

$$x_j = c_j + \text{decimal}(x'_j) \times \frac{d_j - c_j}{2^{m_j} - 1}$$

onde:

- $\text{decimal}(x'_j) = (\sum_{i=0}^9 b_i \times 2^i)$ é o valor decimal da variável;
- d_j e c_j representam respectivamente os limites superior e inferior do domínio da variável;
- x_j é o valor decimal da variável dentro de seu domínio e com a devida precisão;
- m_j é o comprimento da cadeia binária representando a variável.

Assim, para o indivíduo I_1 , os valores das variáveis são:

$$x_1 = -2 + \text{decimal}(1011010011) \times \frac{4 - (-2)}{2^{10} - 1} = -2 + 723 \times \frac{6}{1023} = 2,24$$

$$x_2 = 1 + \text{decimal}(1001001010) \times \frac{7 - 1}{2^{10} - 1} = 1 + 586 \times \frac{6}{1023} = 4,43$$

Portanto, para cada indivíduo da população, os valores da função (2.1) são dados por:

$$\text{aval}(I_1) = f(2,24; 4,43) = 9,49$$

$$\text{aval}(I_2) = f(-1,36; 5,34) = 6,80$$

$$\text{aval}(I_3) = f(1,91; 5,36) = 0,12$$

$$aval(I_4) = f(-0,18; 3,08) = 2,20$$

Seguindo a avaliação dos indivíduos vem a seleção. Nesta fase os indivíduos mais aptos, ou seja, os que conduzem a maiores valores da função objetivo, tendem a ser selecionados para continuar a existir nas gerações futuras, e os que conduzem a menores valores da função objetivo tendem a desaparecer nas gerações futuras. Existem vários métodos de seleção, mas neste exemplo o método usado será aquele conhecido como *método da roleta*, que será apresentado em detalhe na Seção 2.5.1.1. O índice de aptidão total da população é definido segundo:

$$F = \sum_{i=1}^4 aval(I_i) = 18,61$$

A probabilidade de seleção de cada indivíduo é definida como sendo proporcional ao seu índice de adaptação:

$$p_1 = aval(I_1)/F = 0,50$$

$$p_2 = aval(I_2)/F = 0,36$$

$$p_3 = aval(I_3)/F = 0,00$$

$$p_4 = aval(I_4)/F = 0,11$$

E as probabilidades acumuladas são:

$$q_1 = p_1 = 0,50$$

$$q_2 = p_1 + p_2 = 0,87$$

$$q_3 = p_1 + p_2 + p_3 = 0,88$$

$$q_4 = p_1 + p_2 + p_3 + p_4 = 1,00$$

A seleção é feita a partir da tiragem de uma sequência de quatro números aleatórios entre 0 e 1. Admite-se que estes números tenham sido:

0,52

0,09

0,65

0,41

O primeiro número é maior que q_1 e menor que q_2 , indicando que o indivíduo P_2 foi selecionado. O segundo número indica que P_1 foi selecionado. Ao final da seleção, a nova população será:

$$I'_1 = I_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I'_2 = I_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I'_3 = I_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I'_4 = I_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

Fica claro que, nesta fase, os indivíduos que possuem uma menor probabilidade de seleção (p_3 e p_4) são descartados.

Após a seleção, é feita a recombinação, ou cruzamento, dos indivíduos. Na sua forma mais simples, esta operação consiste na seleção de indivíduos dois a dois, com troca de material genético entre ambos. Para isto, é definida uma probabilidade de cruzamento p_c que indica o número de indivíduos que sofrerão o cruzamento. Como a população do exemplo é pequena, considera-se que apenas os dois primeiros indivíduos (I'_1 e I'_2) sejam recombinados.

Antes de proceder ao cruzamento, é preciso determinar em que localização da cadeia ele será feito. Esta escolha também é aleatória. Supondo que a troca seja feita a partir da posição 9, inclusive, temos:

$$I'_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I'_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

Os novos indivíduos serão:

$$I''_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I''_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

E a população atual será:

$$I'_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I''_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I''_3 = I'_3 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I''_4 = I'_4 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

O próximo operador, mutação, consiste em alterar o valor de alguns genes escolhidos dentre o conjunto de genes de toda a população. A probabilidade de mutação p_m é um valor pequeno que indica a quantidade de genes que serão mudados. Se p_m for igual a 0,05, temos que do total de 80 genes, 4 sofrerão mutação. Esta escolha é feita aleatoriamente. Supondo que os 4 genes escolhidos tenham sido aqueles cujas posições estão hachuradas abaixo, a nova população será:

$$I''_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & \text{■} & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I''_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & \text{■} & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I''_3 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$I''_4 =$	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20

Esta última fase representa o fim de uma iteração, ou geração. A próxima geração possuirá indivíduos cujos valores da função objetivo serão:

$$\text{aval}(I''_1) = f(-1,36; 5,18) = -1,26$$

$$\text{aval}(I''_2) = f(2,23; 2,33) = 7,77$$

$$\text{aval}(I''_3) = f(0,13; 5,35) = 5,12$$

$$\text{aval}(I''_4) = f(2,24; 4,43) = 9,49$$

Como a população trabalhada neste exemplo é pequena, ainda não foi possível ver, na segunda geração, uma melhora no índice de adaptação do “melhor” indivíduo. No entanto, houve um acréscimo no índice de aptidão total da população de 18,61 para 21,12.

Trabalhando com uma população maior, é certo que, ao final de algumas gerações, a maioria dos indivíduos apresentará valores iguais que corresponderá ao valor máximo da função objetivo.

2.5 – OPERADORES USUAIS DOS ALGORITMOS GENÉTICOS

Os operadores são procedimentos básicos que transformam a população ao longo de várias gerações em busca da solução do problema de otimização. No exemplo da seção anterior, foram mencionados e ilustrados, com um exemplo, os principais operadores dos AGs. Nesta seção, estes operadores são apresentados de forma mais detalhada.

2.5.1 – Seleção

A seleção determina quais indivíduos serão escolhidos para a recombinação (ou cruzamento). O propósito da seleção é enfatizar os indivíduos mais aptos na população,

considerando que os seus descendentes terão índices de aptidão superiores nas gerações subseqüentes. Um método de seleção rigoroso significa que indivíduos altamente adaptados, porém não ótimos, tomarão rapidamente toda a população, reduzindo a diversidade necessária para a evolução dos indivíduos; um método pouco rigoroso significa um processo de evolução muito lento. A escolha do método de seleção para um determinado tipo de problema ainda é uma questão em aberto na literatura dos AGs. Existem alguns trabalhos que comparam alguns métodos, (Goldberg e Deb, 1991), (Hancock, 1994).

O primeiro passo na seleção é a designação do valor do índice de aptidão. Cada indivíduo recebe uma probabilidade de reprodução que depende do seu próprio índice, associado à função objetivo e aos índices de todos os outros indivíduos na população.

Neste ponto é conveniente apresentar a terminologia empregada em diversos métodos de seleção (Baker, 1987), (Blickle e Thiele, 1995).

- Pressão seletiva: probabilidade do melhor indivíduo ser selecionado, comparada à probabilidade média de seleção de todos os indivíduos.
- Bias: diferença absoluta entre o índice de aptidão normalizada de um indivíduo e sua probabilidade esperada de reprodução.
- Expansão: intervalo de possíveis valores para o número de descendentes de um dado indivíduo.
- Perda de diversidade: proporção de indivíduos de uma população que não é selecionada durante a fase de seleção.
- Intensidade de seleção: valor médio do índice de aptidão esperado da população após a aplicação de um método de seleção.
- Variância de seleção: variância esperada da distribuição de aptidão da população após a aplicação de um método de seleção.

São apresentados, a seguir, os fundamentos dos principais métodos de seleção.

2.5.1.1 – Seleção pelo método da roleta

O esquema de seleção mais simples é a seleção pela roleta. É um algoritmo estocástico que envolve os seguintes procedimentos:

Os indivíduos são associados a segmentos contíguos de uma linha, de modo que o comprimento do segmento associado a um indivíduo seja proporcional a seu índice de adaptação. Um número aleatório, compreendido entre zero e o comprimento total da linha, é gerado. É então selecionado o indivíduo cujo segmento contenha o valor do número aleatório. O procedimento é repetido até ser atingido o número total de indivíduos da população. Esta técnica é análoga à rotação de uma roleta, com fatias proporcionais, em tamanho, aos índices de aptidão dos indivíduos, como mostrado na Figura 2.1.

A Tabela 2.2 mostra as probabilidades de seleção para 11 indivíduos, junto com os seus índices de aptidão. O indivíduo I_1 é o mais bem adaptado e ocupa o maior intervalo, enquanto que o indivíduo I_{10} , como o segundo menos adaptado, tem a menor fatia da roleta (Figura 2.1). O indivíduo I_{11} , o menos adaptado de todos, tem um índice de aptidão nulo e não tem nenhuma chance de reprodução, estando ausente da roleta.

Tabela 2.2 – Probabilidades de seleção e índices de aptidão

Indivíduo	I_1	I_2	I_3	I_4	I_5	I_6	I_7	I_8	I_9	I_{10}	I_{11}
Índice de aptidão	2,0	1,8	1,6	1,4	1,2	1,0	0,8	0,6	0,4	0,2	0,0
Probabilidade de seleção	0,18	0,16	0,15	0,13	0,11	0,09	0,07	0,06	0,3	0,2	0,0

Para a seleção dos indivíduos, uma seqüência de números aleatórios uniformemente distribuídos (entre 0 e 1) é independentemente gerada, por exemplo:

Amostras: $A_1=0,81$; $A_2=0,32$; $A_3=0,96$; $A_4=0,01$; $A_5=0,65$; $A_6=0,42$;
 $A_7=0,25$; $A_8=0,10$; $A_9=0,17$; $A_{10}=0,90$; $A_{11}=0,40$.

A Figura 2.1 mostra o resultado do processo de seleção dos indivíduos da Tabela 2.2, dadas as amostras (A_j , $j=1,11$) acima. Após o processo são selecionados os indivíduos I_1 com 3 cópias, I_2 e I_3 com 2 cópias, I_5 , I_6 , I_8 e I_9 com 1 cópia cada.

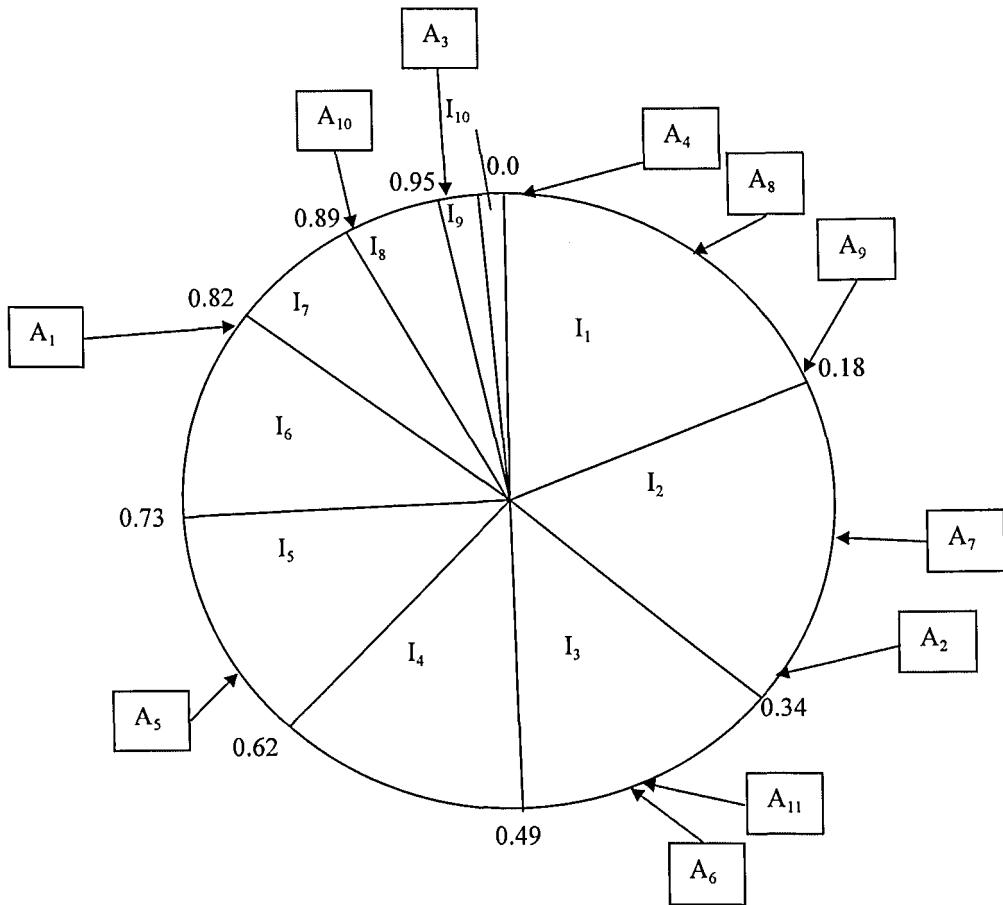


Figura 2.1 – Exemplo de seleção pelo método da roleta.

2.5.1.2 – Seleção por Grau

Trata-se de um método de seleção alternativo cuja proposta é a prevenção da convergência precoce. Na versão proposta por Baker (1985) os indivíduos recebem um grau de acordo com sua aptidão, e o valor esperado de cada indivíduo depende mais do seu grau do que de sua aptidão. A seleção por grau pode ser do tipo linear, não linear ou ainda baseada na distribuição geométrica normalizada.

Na seleção linear por grau, cada indivíduo recebe um grau, em ordem crescente de índice de aptidão, variando de 1 a Ng . O valor esperado para cada indivíduo I no tempo t é dado pela expressão:

$$Val_{Esp}(I, t) = \text{Min} + (\text{Max} - \text{Min}) \times \frac{\text{grau}(I, t) - 1}{Ng - 1},$$

onde Min é o valor esperado do indivíduo com grau 1 e Max é o valor esperado do indivíduo com grau Ng (este é escolhido pelo usuário). Dadas as restrições que $Max \geq 0$ e $\sum_i Val_{Esp}(l, t) = N$ (desde que o tamanho da população seja mantido constante), pode-se concluir que: $1 \leq Max \leq 2$ e $Min = 2 - Max$.

2.5.1.3 – Seleção por Torneio

Na seleção por torneio (Goldberg e Deb, 1991), um número T de indivíduos é aleatoriamente escolhido da população e o melhor deste grupo é selecionado como progenitor. O parâmetro da seleção por torneio é T , que tem o seu valor no intervalo $[2; pop]$.

2.5.2 – Recombinação (Cruzamento)

As definições estão separadas em dois grupos que relacionam a recombinação, nome dado quando os valores dos parâmetros não são codificados, e o cruzamento, para codificação binária. Indivíduos tomados para recombinação ou cruzamento são chamados de progenitores, enquanto que os resultantes são denominados de descendência.

2.5.2.1 – Recombinação Discreta

A recombinação discreta (Mühlenbein e Schlierkamp-Voosen, 1993), realiza uma troca nos valores da variáveis entre os indivíduos. Considerem-se os dois indivíduos a seguir, com três variáveis cada:

$$I_1 = 12 \quad 25 \quad 5$$

$$I_2 = 123 \quad 4 \quad 34$$

Cada variável do novo indivíduo (ou descendência) é escolhida aleatoriamente com igual probabilidade. Por exemplo:

Amostra 1: 2 2 1
 Amostra 2: 1 2 1,

resultando:

$$l'_1 = 123 \quad 4 \quad 5 \\ l'_2 = 12 \quad 4 \quad 5$$

2.5.2.2 – Recombinação Intermediária

Na recombinação intermediária (Mühlenbein e Schlierkamp-Voosen, 1993), os valores das variáveis na descendência são escolhidos ao redor e entre os valores das variáveis dos progenitores, de acordo com a seguinte regra:

$$l' = l_1 + \alpha(l_2 - l_1),$$

onde α é um fator de escala escolhido aleatoriamente no intervalo $[-d;1+d]$. Na recombinação intermediária, $d=0$, e para recombinação intermediária estendida, $d>0$, sendo $d=0,25$ uma boa escolha, de acordo com o trabalho de Mühlenbein e Schlierkamp-Voosen (1993). Cada variável na descendência é o resultado da combinação de variáveis, dada pela expressão acima, com um novo α escolhido para cada variável. Considerando os dois indivíduos:

$$l_1 = 12 \quad 25 \quad 5 \\ l_2 = 123 \quad 4 \quad 34,$$

com os seguintes valores de α escolhidos para cada variável:

$$Amostra 1: 0,5 \quad 1,1 \quad -0,1 \\ Amostra 2: 0,1 \quad 0,8 \quad 0,5,$$

resultam os indivíduos:

$$l'_1 = 67,5 \quad 1,9 \quad 2,1$$

$$l'_2 = 23,1 \quad 8,2 \quad 19,5$$

Existe também a recombinação em linha, em que apenas um valor de α é usado para todas as variáveis de cada progenitor (Mühlenbein e Schlierkamp-Voosen, 1993).

2.5.2.3 – Recombinação Aritmética

De acordo com este método, dois indivíduos são tomados e é feita uma interpolação ao longo da linha formada pelos mesmos, da seguinte forma:

Toma-se um valor aleatório 'a' no intervalo $[0, 1]$.

Criam-se os novos indivíduos perfazendo a interpolação:

$$l'_1 = l_1 \cdot a + l_2 \cdot (1 - a)$$

$$l'_2 = l_1 \cdot (1 - a) + l_2 \cdot a$$

Exemplo:

$$l_1 = 12 \quad 25 \quad 5$$

$$l_2 = 123 \quad 4 \quad 34,$$

Se $a = 0,45$, então:

$$l_1 = 73,05 \quad 13,45 \quad 20,95$$

$$l_2 = 61,95 \quad 15,55 \quad 18,05.$$

2.5.2.4 – Cruzamento Simples

No cruzamento simples, uma posição k , variando de $[1, 2, \dots, m-1]$, onde m é o número de bits na cadeia binária, é escolhida aleatoriamente e os valores dos bits após a posição k são trocados entre os indivíduos. Tomando como exemplo cadeias binárias de comprimento 11:

$$I_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

$$I_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

Se a posição de troca escolhida for a 5^a, tem-se que os novos indivíduos serão:

$$I'_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

$$I'_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

2.5.2.5 – Cruzamento Múltiplo

A diferença em relação ao cruzamento simples está no número de posições em que se realiza a troca de variáveis binárias. Neste caso, pode-se ter várias posições. Tomando como exemplo as cadeias anteriores, tem-se:

$$I_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

$$I_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

Considerando que três posições de cruzamento tenham sido escolhidas, sendo elas a 2^a, a 6^a e a 10^a, vem:

$$I'_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

$$I'_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

2.5.2.6 – Cruzamento Uniforme

Tanto o cruzamento simples quanto o múltiplo definem posições para a troca de variáveis binárias entre dois indivíduos. O cruzamento uniforme generaliza este procedimento fazendo de cada posição um ponto de cruzamento em potencial (Syswerda, 1989). Para tanto é utilizada uma máscara de cruzamento, criada aleatoriamente, do mesmo comprimento das cadeias, que indicará de qual progenitor o descendente adquirirá os bits. Considerem-se os indivíduos:

$$I_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

$$I_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

Para cada variável, o progenitor que contribui com o valor de sua variável para a descendência é escolhido aleatoriamente com igual probabilidade. O descendente 1 será criado pelos bits do progenitor 1 se sua correspondente máscara for 1, ou pelos bits do progenitor 2 se sua máscara for 0. O descendente 2 é criado usando o inverso da máscara. Considerando que as máscaras de cruzamento sejam:

Máscara 1: 0 1 1 0 0 0 1 1 0 1 0

Máscara 2: 1 0 0 1 1 1 0 0 1 0 1,

após o cruzamento, os novos indivíduos criados serão:

$$I'_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

$$I'_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 \\ \hline \end{array}$$

2.5.3 – Mutação

A seguir são apresentados cinco tipos de mutação, sendo que o primeiro é usado na codificação binária e os quatro restantes são usados quando não há codificação.

2.5.3.1 – *Mutação binária*

Este operador efetua a troca dos genes do indivíduo de acordo com uma probabilidade de mutação p_m . Quando um determinado gene é escolhido, seu valor binário é mutado, como ilustrado no exemplo abaixo:

$I =$	<table border="1"> <tr><td>0</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>0</td><td>0</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>0</td><td>1</td><td>0</td></tr> <tr><td>1</td><td>2</td><td>3</td><td>4</td><td>5</td><td>6</td><td>7</td><td>8</td><td>9</td><td>10</td><td>11</td></tr> </table>	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0													
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11														
↓																								
$I' =$	<table border="1"> <tr><td>0</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>0</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>0</td><td>1</td><td>0</td></tr> <tr><td>1</td><td>2</td><td>3</td><td>4</td><td>5</td><td>6</td><td>7</td><td>8</td><td>9</td><td>10</td><td>11</td></tr> </table>	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0													
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11														

2.5.3.2 – *Mutação Uniforme*

A mutação uniforme altera uma das variáveis do indivíduo, baseada numa probabilidade de distribuição uniforme. A posição pos no indivíduo, indicando a variável a ser mutada, é escolhida aleatoriamente, e a nova variável ($nvar$) é gerada usando a relação:

$$nvar = var_L + r_n * \Delta var,$$

onde var_L é o limite inferior da variável a ser mutada, Δvar é a diferença entre o limite superior e inferior da variável, e r_n é um valor aleatório entre 0 e 1.

2.5.3.3 – *Mutação Não-Uniforme*

A mutação não-uniforme altera uma das variáveis do indivíduo baseada numa probabilidade de distribuição não-uniforme. A distribuição Gaussiana começa larga e vai se estreitando até uma distribuição pontual à medida em que o número de gerações vai aumentado. A variável mutada é dada pela relação:

$$nvar = var + delta_u \quad \text{ou} \quad nvar = var - delta_L$$

$$\text{com : } delta_u = (var_u - var) * [r_n * (1-r)]^b$$

$$delta_L = (var - var_L) * [r_n * (1-r)]^b,$$

onde var_u é o limite superior da variável, var é a variável a ser mutada, r é a relação entre a atual geração e o número máximo de gerações, e b é o parâmetro de forma da distribuição ($b=3$ é um valor freqüentemente usado).

2.5.3.4 – *Mutação Multi-Não-Uniforme*

Este operador altera todos as variáveis de um indivíduo, baseado numa probabilidade de distribuição não-uniforme, empregando a mesma sistemática da mutação não-uniforme.

2.5.3.5 – *Mutação de Contorno*

A mutação de contorno altera uma das variáveis do indivíduo de tal forma que esta nova variável possa tomar os valores de var_u ou var_L .

2.6 – OPERADORES GENÉTICOS ESPECIAIS

Na seções anteriores foram apresentados os três operadores básicos dos AGs: seleção, cruzamento (ou recombinação) e mutação. Além destes, vários outros operadores especiais foram, e vêm sendo propostos, com o objetivo de conferir outras características particulares à evolução dos parâmetros. Alguns destes operadores são apresentados a seguir.

2.6.1 – Elitismo

De uma geração a outra pode ocorrer que indivíduos bem adaptados não sejam selecionados. O elitismo (De Jong, 1975) é um operador adicional aos métodos de seleção, que tem por fim forçar uma porção dos indivíduos mais bem adaptados a se manterem de uma geração a outra.

2.6.2 – Nicho

É um operador que permite aos AGs a identificação de ótimos múltiplos (globais e locais) num domínio multimodal, através da formação de nichos definidos pelo ótimo múltiplo, onde cada nicho contém determinados membros da população. Vários métodos têm sido implementados para induzir a formação de nichos, Cavicchio (1970), De Jong (1975), Goldberg e Richardson (1987), e mais recentemente a formação de *nichos dinâmicos* (Miller e Shaw, 1995).

2.6.3 – Migração

A migração parte de um modelo onde a população é dividida em múltiplas subpopulações. Até um determinado número de gerações (denominado tempo de isolamento) cada subpopulação é submetida aos operadores tradicionais independentementeumas das outras. Após o tempo de isolamento, um certo número de indivíduos é distribuído entre as subpopulações (migração). A troca de informações entre as subpopulações, bem como a alteração da diversidade genética ocorrida é determinada pelo número de indivíduos trocados (taxa de migração), pelo método de seleção dos indivíduos para a migração e pelo esquema de migração, (Tanese, 1989), (Starkweather et al, 1991).

A seleção dos indivíduos para migração pode ser:

- aleatória;
- baseada na aptidão.

Existem várias possibilidades de proceder à migração entre as subpopulações, sendo que as mais conhecidas são:

- migração entre todas as subpopulações;
- migração na forma de anel;
- migração na vizinhança.

A migração entre todas as subpopulações - a mais geral de todas - é descrita a seguir:

A Figura 2.2 ilustra como ocorre a migração em uma população com 4 subpopulações. As subpopulações 2, 3 e 4 montam um conjunto contendo os seus indivíduos mais bem adaptados. Deste conjunto, um indivíduo é escolhido aleatoriamente para substituir o indivíduo menos adaptado da subpopulação 1. O ciclo se repete para cada subpopulação.

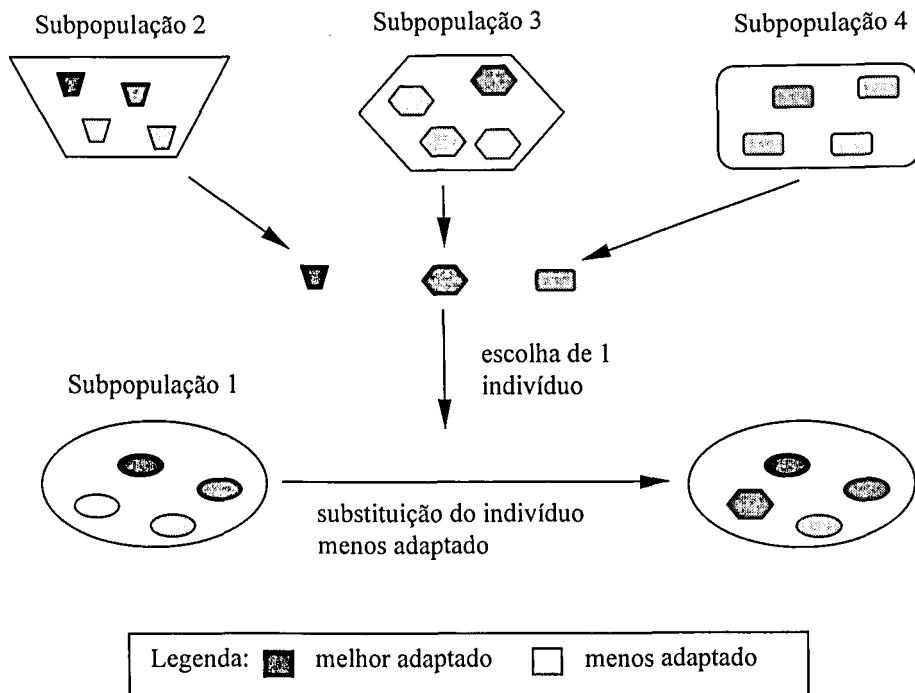


Figura 2.2 - Exemplo de migração de indivíduos entre todas as subpopulações.

2.6.4 - Outros Operadores

Alem destes operadores, existem ainda uma série de outros operadores que podem ser encontrados na literatura (Goldberg, 1989). Há os operadores de reordenação, sendo que o mais conhecido é a *inversão*. O objetivo dos operadores de reordenação é rearranjar a posição dos alelos de tal forma a permitir uma propagação mais eficiente dos esquemas. Há também uma série de micro-operadores, conhecidos como operadores de baixo nível, usados nos AGs, tais como: segregação, translocação, deleção, diferenciação sexual, duplicação intracromossomal, etc. A maioria destes operadores possuem uma difícil implementação, enquanto que outros são mais utilizados para problemas específicos, o que talvez explique seu pouco uso.

A seção seguinte fornece alguns elementos que permitem entender porque ao AGs conseguem chegar ao valor ótimo de uma função, desde que devidamente orientados de acordo com o problema em questão.

2.7 - FUNDAMENTOS MATEMÁTICOS – TEOREMA FUNDAMENTAL DOS ALGORITMOS GENÉTICOS.

Na Seção 2.4, os principais aspectos dos AGs foram ilustrados através de um exemplo que permite perceber, intuitivamente, a capacidade de um procedimento aleatório conduzir a uma solução ótima de um dado problema. Nesta seção, buscar-se-á expor, de forma mais rigorosa, os fundamentos matemáticos subjacentes aos AGs. A exposição que segue é inspirada nos trabalhos de Goldberg (1989) e Michalewisc (1991).

Os AGs têm como plataforma a representação das soluções na forma de cadeias binárias e a noção de *esquema* — definido como um padrão que permite a exploração de similaridades entre os cromossomos. Um esquema é formado pela introdução de um símbolo “*indiferente*” (*) no alfabeto de genes.

Como exemplo, considerem-se as cadeias e esquemas com 10 posições. O esquema:

*	1	1	1	1	0	0	1	0	0
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

representa duas cadeias:

$\left\{ \begin{array}{ c c c c c c c c c c } \hline 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array} \right , \begin{array}{ c c c c c c c c c c } \hline 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array} \right\}$

e o esquema :

*	1	*	1	1	0	0	1	0	0
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

representa quatro cadeias:

$$\left\{ \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}, \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}, \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}, \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array} \right\}$$

Fica claro que o esquema (1 0 0 1 1 1 0 0 0 1) representa apenas uma cadeia: (1001110001), e o esquema (* * * * * * * * * *) representa todas as cadeias com 10 posições. Portanto, cada esquema representa exatamente 2^r cadeias, onde r é o número de símbolos (*). Por outro lado, cada cadeia de comprimento m é representada por 2^m esquemas. A cadeia

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array},$$

por exemplo, é representada por 2^{10} esquemas:

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}$$

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline * & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}$$

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & * & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}$$

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & * & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}$$

⋮

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & * \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}$$

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline * & * & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}$$

$$\begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline * & 0 & * & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}$$

:

1	0	0	1	1	1	0	0	*	*
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

*	*	*	1	1	1	0	0	0	1
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

:

*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

Assim, (*) é um meta-símbolo que permite descrever todas as semelhanças potenciais entre as cadeias de um certo comprimento e alfabeto. Considerando uma cadeia de comprimento m pertencente ao alfabeto binário, existe um total de 3^m esquemas possíveis, pois cada uma das m posições pode assumir o valor 0, 1 ou *. Numa população com pop indivíduos, entre 2^m e $pop2^m$ diferentes esquemas podem ser representados. De uma forma geral, para os alfabetos de k caracteres, existem $(k+1)^m$ esquemas.

Dentro deste conceito existem duas propriedades importantes relativas aos esquemas: *ordem* e *comprimento característico*.

A *ordem* de um esquema H (denotada por $o(H)$) é o número de posições fixas, diferentes de (*), dentro deste esquema. Por exemplo, os esquemas:

$H_1 =$	*	*	0	1	0	1	*	*	1	0
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

$H_2 =$	1	1	*	*	*	*	*	1	0	*
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10

possuem as seguintes ordens:

$$o(H_1) = 6, \text{ e } o(H_2) = 4.$$

O *comprimento característico* ($\delta(H)$) é a distância entre a primeira e a última posição fixa dentro da cadeia. Por exemplo,

$$\delta(H_1) = 10 - 3 = 7, \text{ e } \delta(H_2) = 9 - 1 = 8.$$

Quando o esquema tiver apenas uma posição fixa, seu comprimento característico será zero.

A noção da ordem de um esquema é útil no cálculo da probabilidade de sobrevivência à mutação, enquanto que a noção de comprimento característico é útil no cálculo da probabilidade de sobrevivência ao cruzamento.

A simulação do processo evolutivo em um algoritmo genético ocorre em dois passos: seleção e recombinação (ou cruzamento). A seguir, serão analisados os efeitos destes dois processos no número esperado de esquemas numa população.

Considere-se que num determinado momento da simulação a população seja composta pelos seguintes indivíduos:

$$I_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I_3 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I_4 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I_5 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I_6 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

Seja $\xi(H, t)$ o número de indivíduos numa população representados por um dado esquema H no tempo (ou geração) t . Por exemplo, para o esquema:

$H_0 =$	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	1	1	1	*	*	*	*	*	*
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20

$\xi(H_0, t) = 3$, pois existem três cadeias, I_2 , I_3 e I_6 , representadas pelo esquema H_0 .

Existe uma outra propriedade conhecida como *aptidão* do esquema numa geração qualquer, $aval(H, t)$. Ela é definida como a aptidão média de todos os indivíduos da população representados pelo esquema H , ou seja:

$$aval(H, t) = \sum_{j=1}^p aval(I_j) / p \quad (2.2)$$

onde p é a quantidade de indivíduos $\{I_1, \dots, I_p\}$ da população, representados pelo esquema H na geração t .

• Efeito da seleção

Após a reprodução, ter-se-á $\xi(H, t+1)$ indivíduos representados pelo esquema H . Como a probabilidade de seleção, para indivíduos representados pelo esquema H , é dada por $aval(H, t) / F(t)$, o número de indivíduos representados pelo esquema H é $\xi(H, t)$, e o número de indivíduos da população é pop , então:

$$\xi(H, t+1) = \xi(H, t) \cdot pop \cdot aval(H, t) / F(t) \quad (2.3)$$

Levando em conta a aptidão média da população $\overline{F(t)} = F(t) / pop$, pode-se rescrever:

$$\xi(H, t+1) = \xi(H, t) \cdot aval(H, t) / \overline{F(t)} \quad (2.4)$$

Com base na equação (2.4), conclui-se que:

- se $\frac{aval(H, t)}{\overline{F(t)}} < 1$: o número de indivíduos representados pelo esquema H diminuirá na geração $t+1$.

- se $\frac{aval(H,t)}{\overline{F(t)}} > 1$: o número de indivíduos representados pelo esquema H aumentará na geração t+1.

Considere-se agora um dado esquema H, tal que:

$$aval(H,t) = \overline{F(t)} \cdot (1+\varepsilon), \text{ com } \varepsilon \text{ constante, tal que:}$$

$\Rightarrow \varepsilon > 0$: adaptação de H acima da média ($aval(H,t) = \overline{F(t)} + \varepsilon \cdot \overline{F(t)}$)

$\Rightarrow \varepsilon < 0$: adaptação de H abaixo da média.

Neste caso:

$$\xi(H,t+1) = \xi(H,t) \cdot \overline{F(t)} \cdot (1+\varepsilon) / \overline{F(t)} = \xi(H,t) \cdot (1+\varepsilon).$$

Considerando as gerações anteriores, a equação acima é usada recursivamente:

$$\begin{aligned} \xi(H,t) &= \xi(H,t-1) \cdot (1+\varepsilon) \\ &\quad \searrow \quad \xi(H,t) = \xi(H,t-2) \cdot (1+\varepsilon)^2 \\ \xi(H,t-1) &= \xi(H,t-2) \cdot (1+\varepsilon) \\ &\quad \vdots \\ \xi(H,t) &= \xi(H,0) \cdot (1+\varepsilon)^t \end{aligned}$$

Portanto, na reprodução, o número de indivíduos representados por um dado esquema H evolui de forma exponencialmente crescente se $\xi(H)$ estiver acima da média, e exponencialmente decrescente se $\xi(H)$ estiver abaixo da média.

Sendo assim, para H_0 , que possui três indivíduos (I_2, I_3 e I_6), vem:

$$aval(H_0,t) = (6,80 + 0,12 + 8,29)/3 = 5,07,$$

e a aptidão média da população é:

$$\overline{F(t)} = \sum_{i=1}^6 aval(I_i) / pop = 31/6 = 5,17.$$

A razão entre a aptidão do esquema H_0 e a aptidão média da população é;

$$aval(H_0, t) / \overline{F(t)} = 0,9807,$$

significando que o esquema H_0 está abaixo da média e que irá receber um número exponencialmente decrescente de indivíduos nas próximas gerações.

Apesar de alterar a aptidão média da população, o processo de seleção não introduz nenhum novo indivíduo. Esta tarefa é feita por dois outros operadores: cruzamento e mutação.

• **Efeito do cruzamento**

Considerem-se, a título de ilustração, os esquemas abaixo:

$$H_0 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & 1 & 1 & 1 & * & * & * & * & * & * \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$H_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & 1 & 0 & * \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

e que após a seleção, dois indivíduos tenham sido selecionados para o cruzamento, sendo eles:

$$I'_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I'_2 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

e o ponto de cruzamento seja a posição 10, produzindo:

$$I''_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

$$I''_2 = \boxed{\begin{array}{cccccccccccccccccccc} 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \end{array}}$$

Após o cruzamento, apenas o esquema H_0 sobreviveu, visto que a posição 10 preservou a seqüência '111' relativa às posições 13, 14 e 15. O mesmo não aconteceu com H_1 , pois as posições fixas '000', no início, e '10', no fim da cadeia, foram interrompidas pelo cruzamento.

Pelo que foi visto, pode-se dizer que o *comprimento característico* tem uma função importante na probabilidade de sobrevivência/desaparecimento de um dado esquema.

Em geral, a posição de cruzamento é escolhida uniformemente entre $m - 1$ possíveis posições da cadeia, implicando que a probabilidade de destruição de um esquema H é dada por:

$$p_d(H) = \frac{\delta(H)}{m-1}, \quad (2.5)$$

e a de sobrevivência é:

$$p_s(H) = 1 - \frac{\delta(H)}{m-1} \quad (2.6)$$

No exemplo em foco:

$$p_d(H_0) = 2/19, p_s(H_0) = 17/19,$$

$$p_d(H_1) = 18/19, p_s(H_1) = 1/19.$$

As probabilidades acima resultam se o cruzamento ocorrer com probabilidade 1. Para cruzamento com uma probabilidade p_c qualquer, considerando que o cruzamento e a escolha da posição de cruzamento sejam eventos independentes, tem-se:

$$p_d(H) \leq p_c \cdot \frac{\delta(H)}{m-1} \quad (2.7)$$

$$p_s(H) \geq 1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{m-1} \quad (2.8)$$

Então, levando em conta que a seleção e o cruzamento são eventos independentes, o efeito combinado destes dois operadores resulta numa nova fórmula para a evolução dos indivíduos representados por uma dado esquema H:

$$\xi(H, t+1) \geq \xi(H, t) \cdot \text{aval}(H, t) / \bar{F}(t) \cdot \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{m-1} \right]. \quad (2.9)$$

A Equação 2.9 fornece um limite inferior para o número esperado de indivíduos representados pelo esquema H na próxima geração, em função do número atual de indivíduos, representados por H na geração atual, da aptidão relativa do esquema e do comprimento característico. Os esquemas com adaptação acima da média e pequenos comprimentos característicos terão seus indivíduos reproduzidos de forma exponencialmente crescente.

- **Efeito da mutação**

A mutação é responsável pela troca do valor de um gene num determinado indivíduo da população. A mudança ocorre de zero para um ou vice versa, sendo ela aleatória com probabilidade p_m .

Para que um determinado esquema sobreviva, nenhuma de suas posições fixas pode sofrer mutação.

Considere-se novamente o esquema H_0 :

$$H_0 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & * & 1 & 1 & 1 & * & * & * & * & * \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

e um indivíduo pertencente ao esquema H_0 , que sofrerá mutação:

$$I'_2 = \begin{array}{|cccccccccccccccccccc|} \hline 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

Se a mutação ocorrer na posição 2, o novo indivíduo será:

$$I''_2 = \begin{array}{|cccccccccccccccccccc|} \hline 0 & \textcolor{red}{1} & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & \textcolor{red}{1} & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 3 & 4 & 5 & 6 & 7 & 8 & 9 & 10 & 11 & 12 & 13 & 14 & 15 & 16 & 17 & 18 & 19 & 20 \\ \hline \end{array}$$

A mudança no valor do gene não alterou o esquema H_0 . Caso a mutação ocorresse em uma das posições de 13 a 15, o novo indivíduo não mais seria representado pelo esquema H_0 . A quantidade de posições que não podem ser alteradas a fim de não haver destruição do esquema está ligada à *ordem* do esquema.

Como a probabilidade de um gene ser alterado é p_m , a probabilidade de sobrevivência é $1-p_m$. Sendo as mutações eventos mutuamente independentes, a probabilidade de sobrevivência de um dado esquema H é (Goldberg, 1989):

$$p_s(H) = (1-p_m)^{o(H)} \approx 1 - o(H) \cdot p_m, \quad \text{para } p_m \ll 1 \quad (2.10)$$

Com referência ao exemplo acima, com $p_m = 0,01$, tem-se:

$$p_s(H_0) = 1 - 3 \cdot 0,01 = 0,97.$$

Combinando o efeito da seleção, cruzamento e mutação, o número esperado de indivíduos representados por um esquema H na próxima geração é dado por:

$$\xi(H, t+1) \geq \xi(H, t) \cdot \text{aval}(H, t) / \bar{F}(t) \cdot \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{m-1} - o(H) \cdot p_m \right] \quad (2.11)$$

A equação acima é conhecida como *Teorema Fundamental dos Algoritmos Genéticos* ou *Teorema dos Esquemas*: esquemas curtos, de pequena ordem e com índice de adaptação acima da média são acrescidos de forma exponencial nas gerações subsequentes.

Em resumo, as equações mostram que a seleção aumenta a taxa de amostragem de esquemas com índice de adaptação acima da média, sendo o aumento exponencial. No entanto, nenhum novo esquema é criado por este operador. A introdução de novos esquemas, e portanto, de novos indivíduos, é feita através dos operadores de cruzamento e mutação. O cruzamento habilita um novo indivíduo através da troca de informação genética, enquanto a mutação introduz uma maior variabilidade, ou diversidade, na população.

2.8 – DESCRIÇÃO DO ALGORITMO E DOS OPERADORES UTILIZADOS NO TRABALHO.

O programa básico de algoritmos genéticos utilizado foi desenvolvido por Houck et al. (1996) para o ambiente MATLAB®. Como parte do trabalho aqui apresentado, este foi programado e incrementado, sendo que alguns operadores foram adicionados. Além disso a estrutura do programa foi adaptada às aplicações pretendidas. A Figura 2.3 mostra o fluxograma básico do programa utilizado na implementação do algoritmo genético aos diversos problemas analisados. A Tabela 2.3 sintetiza os operadores implementados no programa.

Tabela 2.3 – Operadores genéticos usados no trabalho.

Operadores		
Seleção	Cruzamento	Mutação
Roleta	Aritmético	Uniforme
Torneio	Simples	Não-Uniforme
Ordenação Baseada na Distribuição Geométrica	Duplo	Multi-Não-Uniforme
Normalizada (OBDGN)	Uniforme	De Contorno
Elitismo		Binária

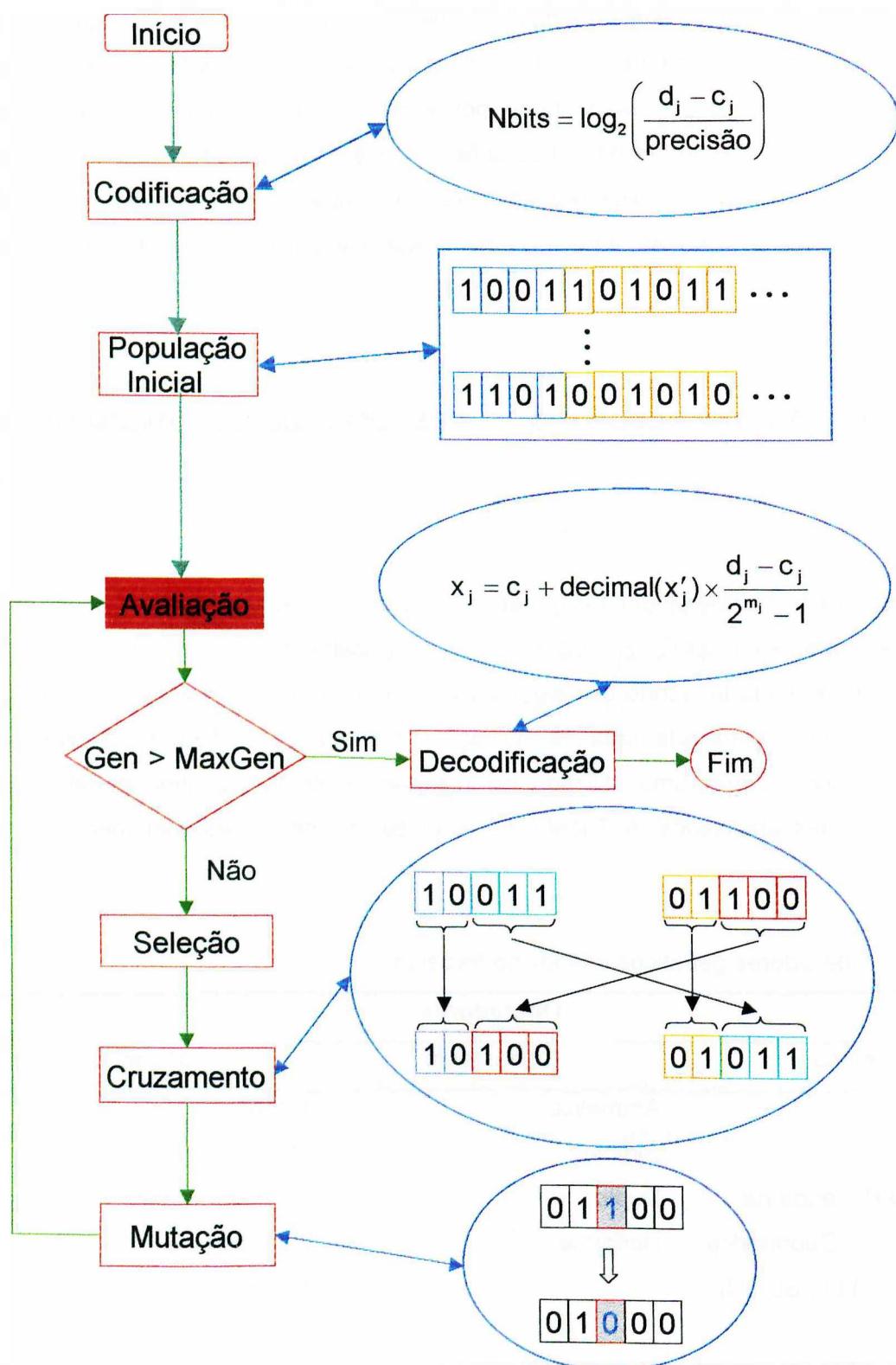


Figura 2.3 - Fluxograma básico do programa utilizado na implementação do algoritmo genético.

Neste trabalho as variáveis foram tratadas com codificação binária e sem codificação. Os métodos de seleção aqui usados são aplicados para os dois casos, pois é um operador que depende apenas do valor da aptidão do indivíduo. O Elitismo tem sua importância pois eles permitem que os indivíduos mais bem adaptados tenham garantia de reprodução para a próxima geração. O método OBDGN assim como o método de seleção por Torneio (este último mais rápido) são métodos que mantém a pressão seletiva baixa quando a variância de seleção é alta (o que normalmente acontece no início das gerações), e aumentam a pressão seletiva quando esta variância é baixa. Como nas gerações iniciais uma pequena parcela dos indivíduos possuem uma elevada aptidão, quando comparada à aptidão média da população, estes dois métodos de seleção reduzem o número excessivo de cópias que tais indivíduos receberiam na próxima geração, evitando, desta forma, a convergência prematura. O método da Roleta, por não contornar este tipo de problema, foi usado somente nas gerações subsequentes, quando a variância da população já não era tão alta.

Não existe uma regra clara a respeito do uso dos operadores de recombinação. O que se verifica é que para o caso sem codificação podem ser usados mais de um operador na mesma geração, tornando mais eficiente o processo de reprodução. As mutações foram feitas com probabilidades variáveis, tendo os seus valores reduzidos ao longo das gerações. Esta estratégia diminui as chances de soluções ótimas serem destruídas nas gerações finais, sendo portanto um procedimento adotado neste trabalho.

Também foi utilizada uma estrutura cromossômica dupla ou diplóide. Em alguns casos, como será visto no Capítulo IV, será feito uso de uma codificação especial. O uso desta codificação especial, em conjunto com uma estrutura diplóide, resulta no que se pode chamar de uma estrutura quase-triplóide. Resultados anteriores já haviam sido obtidos para estrutura quase-diplóide, que é a junção de uma estrutura haplóide com a codificação especial. Os detalhes poderão ser vistos no Capítulo IV.

Capítulo III

FUNDAMENTOS DE TÉCNICAS DE IDENTIFICAÇÃO PARAMÉTRICA

3.1 – INTRODUÇÃO

Na grande maioria dos ramos do conhecimento humano faz-se necessária a obtenção de modelos que representem os fenômenos em estudo. No caso específico da elastodinâmica, tais modelos são de extrema importância para o conhecimento do comportamento dinâmico dos sistemas mecânicos, sendo ainda freqüentemente utilizados em diversas aplicações, tais como monitoramento de integridade estrutural, otimização estrutural e controle.

No âmbito da Engenharia, são usualmente empregados modelos matemáticos, que podem assumir diversas formas, como por exemplo: sistemas de equações diferenciais, algébricas ou integrais (lineares ou não lineares), ou conjunto de parâmetros ou funções características do comportamento (parâmetros modais, funções de resposta em freqüência).

De forma geral, os modelos matemáticos estabelecem as relações entre as entradas (excitações) e as saídas (respostas dinâmicas) do sistema dinâmico, conforme ilustrado na Figura 3.1, onde FT representa a função de transferência, que caracteriza o modelo matemático do sistema.

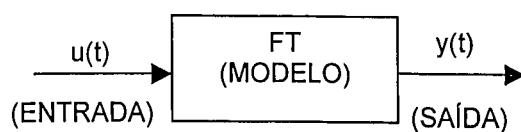


Figura 3.1 – Representação de função de transferência.

Existem basicamente três formas de construir o modelo matemático de um sistema dinâmico:

- Modelagem analítica: consiste em obter o modelo a partir da utilização das leis básicas da Física (Leis de Newton, Princípios de Conservação), aplicáveis ao fenômeno ou processo em estudo. Este tipo de modelagem aplica-se a sistemas mais simples, requerendo, geralmente, a admissão de hipóteses simplificadoras. No âmbito da elastodinâmica, um exemplo de modelagem analítica é a obtenção das equações do movimento de um sistema mecânico discreto ou contínuo mediante a aplicação das Leis de Newton ou das Equações de Lagrange. Neste caso, admitem-se geralmente as hipóteses de amortecimento viscoso e comportamento linear.
- Modelagem experimental: quando se tratam sistemas dinâmicos altamente complexos, a modelagem pela via analítica pode revelar-se proibitivamente complicada e/ou imprecisa. Nestes casos, a obtenção de um modelo é geralmente feita pela via experimental. Com referência à Figura 3.1, isto é geralmente feito medindo-se, experimentalmente, as entradas do sistema e as saídas correspondentes. Esta informação é então processada para a obtenção de um modelo do sistema. Um exemplo típico de modelagem experimental é a obtenção das funções de resposta em freqüência através de ensaios dinâmicos. Estas funções relacionam as entradas e saídas do sistema no domínio da freqüência.
- Modelagem mista analítico-experimental: este terceiro tipo de modelagem resulta da associação dos dois tipos anteriores. Ela se aplica aos casos em que um modelo analítico de estrutura adequada pode ser obtido, contendo, todavia, um conjunto de parâmetros mal-conhecidos, que devem ser ajustados, com base nas observações experimentais. Este processo de modelagem é também conhecido como identificação paramétrica. Com relação à situação ilustrada na Figura 3.1, a função de transferência se escreve $FT=FT(\{p\})$, onde $\{p\}$ indica o conjunto de parâmetros a serem identificados. Esta é uma via de modelagem que tem despertado interesse crescente (Walter e Pronzato, 1994), no qual estão incluídos os problemas de ajuste de modelos de elementos finitos e identificação de parâmetros modais, dentre outros. Na literatura, os problemas de identificação paramétrica são ainda denominados problemas inversos. São estes os problemas tratados no presente trabalho.

3.2 – FORMULAÇÃO MATEMÁTICA DOS PROBLEMAS DE IDENTIFICAÇÃO

No problema de identificação paramétrica deve-se considerar a existência de ruído contaminando os dados experimentais. Uma hipótese comumente empregada é a de que o ruído seja do tipo aditivo, conforme ilustrado na Figura 3.2.

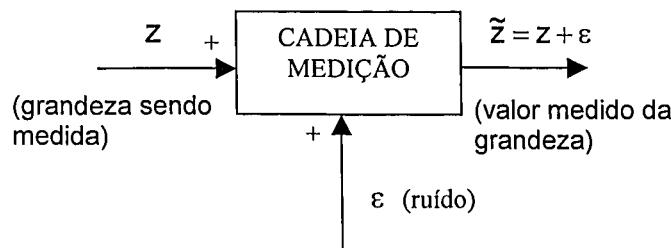


Figura 3.2 – Representação de função de transferência contaminada por ruído.

O problema de identificação consiste em determinar o conjunto de parâmetros desconhecidos (ou imprecisos) do modelo analítico, de modo que as respostas dinâmicas previstas pelo modelo se aproximem ao máximo, das observações experimentais. Sob o ponto de vista matemático, o problema pode ser convenientemente formulado como um problema de otimização, em que a função objetivo representa uma função erro que expressa as diferenças entre as grandezas medidas experimentalmente e as correspondentes previsões do modelo.

São usualmente empregados dois tipos de função erro (Beck e Arnold, 1977);

- modelo de erro na entrada (ou na excitação), representado no fluxograma da Figura 3.3.

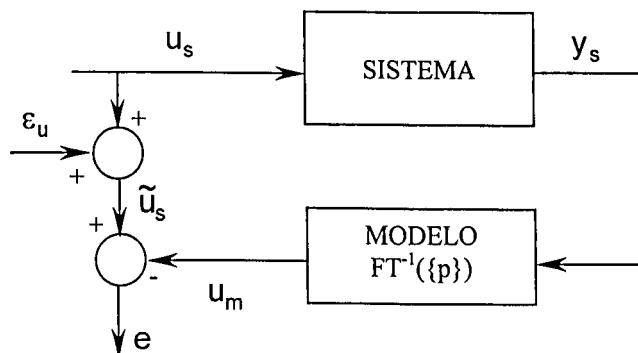


Figura 3.3 - Representação de modelo de erro na entrada.

b) modelo de erro na saída (ou na resposta), representado na Figura 3.4.

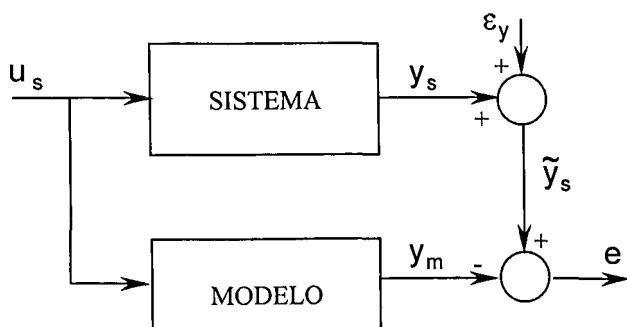


Figura 3.4 - Representação de modelo de erro na saída.

Em ambos os modelos acima, busca-se minimizar as funções erro, designadas por e .

De acordo com Beck e Arnold (1977), a principal diferença entre os dois modelos de erro é a de que o modelo de erro na entrada conduz a funções erro lineares em relação aos parâmetros, ao passo que o modelo de erro na saída leva a funções erro não lineares em relação aos parâmetros. Neste último caso, são requeridos procedimentos especiais de otimização não lineares.

Os diversos métodos de identificação existentes diferem entre si pela forma como as incertezas estatísticas são consideradas na função erro. Alguns dos métodos mais comuns são apresentados por Beck e Arnold (1977), Söderstrom e Stoica (1989).

3.3 – UMA PRIMEIRA AVALIAÇÃO DOS AGS APLICADOS A PROBLEMAS DE IDENTIFICAÇÃO

A implementação prática de procedimentos de identificação paramétrica implica, geralmente, em dois tipos de dificuldades, a saber:

a) mau condicionamento numérico: os problemas inversos são geralmente mau condicionados. Isto significa que as soluções do problema podem ser extremamente sensíveis a perturbações (mesmo pequenas) nos dados empregados (Walter e Pronzato, 1994).

O mau condicionamento numérico pode ser atribuído à insuficiência de dados experimentais para a identificação, de forma única, dos parâmetros incógnitos. Do ponto de vista computacional, o mau condicionamento numérico se traduz geralmente pela quase singularidade dos operadores que devem ser invertidos para a estimação dos parâmetros.

O mau condicionamento pode ser tratado mediante o emprego de estratégias de enriquecimento de dados experimentais (Rade e Lallement, 1998) ou de regularização numérica (Natke e Cempel 1991).

b) multimodalidade da função erro: as funções erro são geralmente funções escalares de várias variáveis, de estrutura complicada. Elas geralmente apresentam, além do mínimo global, que corresponde à melhor solução do problema de identificação, um ou mais mínimos locais, que estão associados a pseudo-soluções (geralmente insatisfatórias) do problema.

Assim, um procedimento ideal de identificação paramétrica deve apresentar, como característica, além da estabilidade computacional, robustez em relação ao ruído experimental e à existência de mínimos locais.

Diversos estudos constantes da literatura afirmam que os AGs apresentam, em relação aos procedimentos tradicionais de otimização, maior robustez no que diz respeito a mínimos locais. Todavia, não foi encontrada, nos trabalhos consultados, nenhuma demonstração prática desta afirmação. Da mesma forma, nenhum estudo foi feito acerca da robustez dos AGs em relação a incertezas presentes nas funções objetivo.

Nesta seção, são confrontados, mediante aplicações numéricas a problemas simples, os AGs e um algoritmo tradicional de otimização, com o objetivo de comparar a robustez de ambas as técnicas no tocante à multimodalidade e à presença de ruídos.

3.3.1 - Avaliação da Robustez à Multimodalidade

O primeiro exemplo trata o problema da multimodalidade. É considerada a minimização da função de duas variáveis, definida pela expressão seguinte e ilustrada nas Figuras 3.5,(a) e (b):

$$f(x, y) = 3(1-x)^2 \exp(-(x^2) - (y+1)^2) - 10\left(\frac{x}{5} - x^3 - y^5\right) \exp(-x^2 - y^2) - \frac{1}{3} \exp(-(x+1)^2 - y^2) \quad (3.1)$$

no domínio:

$$\begin{aligned} -3 \leq x \leq 3 \\ -3 \leq y \leq 3 \end{aligned}$$

O mínimo global da função é conhecido:

$$x_{\min} = 0,2282$$

$$y_{\min} = -1,6260$$

$$f_{\min} = -6,55113$$

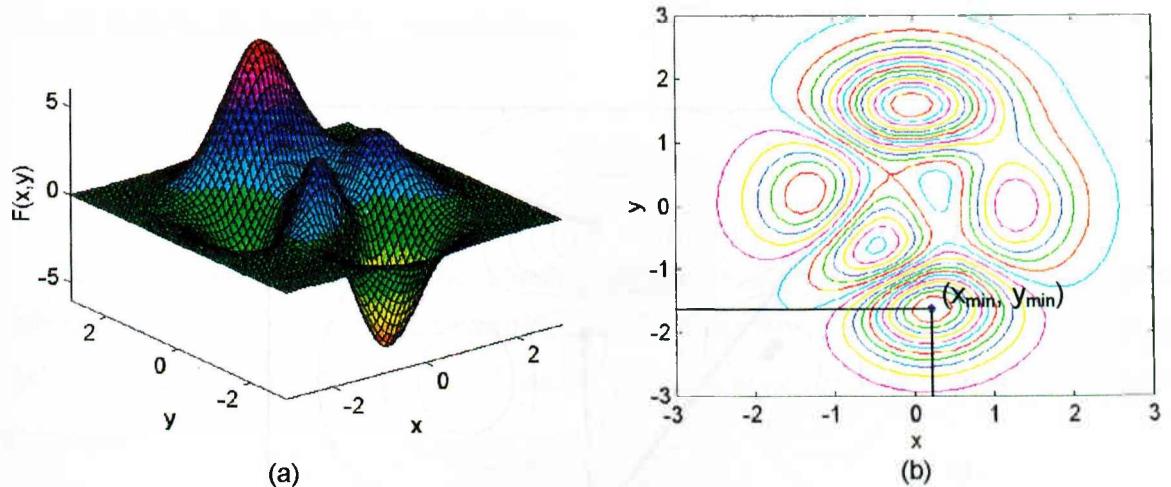


Figura 3.5 – Função utilizada na avaliação da robustez à multimodalidade.

A otimização utilizando os métodos tradicionais foi feita utilizando o otimizador do programa MATLAB®, que emprega o método BFGS, através do qual a matriz Hessiana é atualizada a cada iteração. Foram consideradas as restrições laterais. Maiores detalhes sobre o método podem ser encontrados em (Vanderplaats, 1984). Foram feitos 7 testes, partindo de diferentes posições (x_0, y_0) no espaço de busca. Foram executados dois testes empregando os AGs com diferentes números de indivíduos nas populações iniciais. A Tabela 3.1 resume os parâmetros empregados nos testes de otimização com o algoritmo tradicional e com os AGs, bem como os resultados obtidos.

A Figura 3.6 mostra graficamente os resultados obtidos pelo método tradicional. Os pontos verdes representam os pontos de partida do otimizador tradicional, os vermelhos os resultados finais obtidos (não ótimos), e o ponto azul o ótimo global.

Tabela 3.1 - Resultados dos testes de otimização com o método tradicional e com os AGs.

<i>Método Tradicional</i>						<i>AGs</i>			
	x_0	y_0	x_f	y_f	f	pop	x_f	y_f	f
1	-2,0	-2,0	-3,0	-3,0	$6,67 \times 10^{-5}$	20	0,2344	-1,5937	-6,53680
2	-1,4	0,4	-1,32	0,3	-2,8807	60	0,2282	-1,6260	-6,55113
3	0,2	1,7	3,0	3,0	$4,10 \times 10^{-5}$	—	—	—	—
4	2,5	2,5	3,0	3,0	$4,10 \times 10^{-5}$	—	—	—	—
5	-2,0	2,0	0,2282	-1,6260	-6,55113	—	—	—	—
6	0,3	0,5	0,2282	-1,6260	-6,55113	—	—	—	—
7	2,5	-2,0	0,2282	-1,6260	-6,55113	—	—	—	—

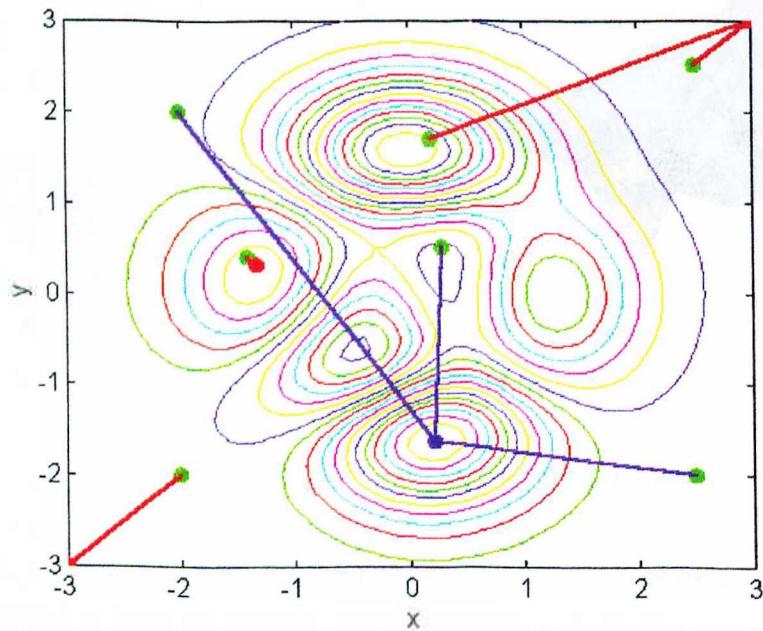


Figura 3.6 - Resultados da otimização obtidos pelo método tradicional.

Observando os resultados obtidos, nota-se que em apenas 3 dos 7 testes conseguiu-se determinar o mínimo global da função utilizando o procedimento de otimização tradicional. A Tabela 3.1 mostra a vantagem do uso do algoritmo genético sobre o método tradicional. Com uma população de apenas 20 indivíduos conseguiu-se um resultado muito

próximo do exato. Já com uma população maior foi possível determinar exatamente o mínimo global da função.

3.3.2 - Avaliação da Robustez ao Ruído

É analisada a função de uma variável, dada abaixo:

$$f(x) = \cos(x) + \cos(2,5x) \quad (3.2)$$

no domínio:

$$0 \leq x \leq 2,6\pi$$

O mínimo da função $f(x)$ é conhecido:

$$x_{\min} = 3,6864$$

$$f_{\min} = -1,8335$$

Uma função perturbadora, destinada a simular incertezas de natureza experimental é definida como sendo uma função harmônica de alta freqüência e baixa amplitude, dada por: $\varepsilon(x) = 0,2 \cos(60x)$, em $0 \leq x \leq 2,6\pi$. Assim, a função objetivo contaminada com o ruído é dada por:

$$\tilde{f}(x) = f(x) + \varepsilon(x) = \cos(x) + \cos(2,5x) + 0,2 \cos(60x), \quad (3.3)$$

definida no mesmo domínio.

As funções sem ruído e com ruído são mostradas na Figura 3.7:

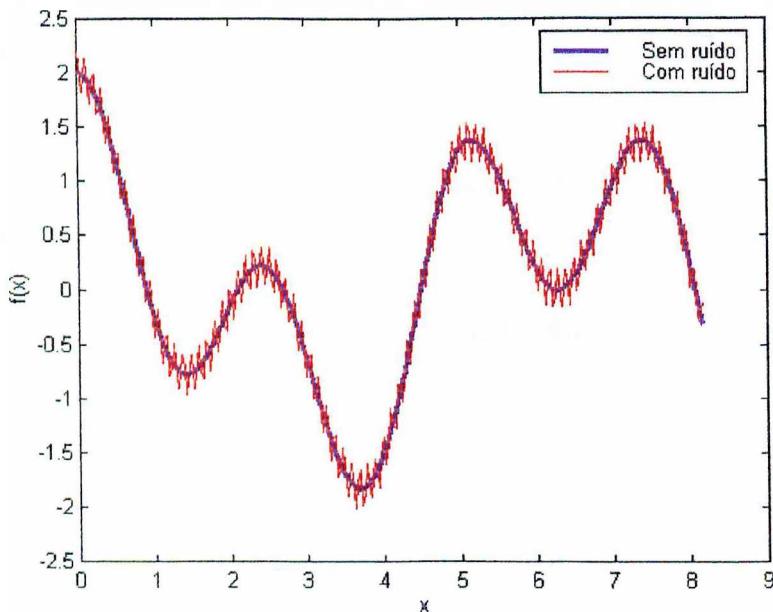


Figura 3.7 – Função utilizada na minimização.

A grande maioria dos métodos tradicionais de otimização requerem o cálculo, exato ou aproximado, do gradiente da função objetivo (derivada primeira desta função em relação aos parâmetros). Os gradientes das funções objetivo exata e perturbada, dadas por (3.2) e (3.3) são dados, respectivamente, por:

$$f'(x) = -\sin(x) - 2.5 \sin(x) \quad (3.4)$$

$$\tilde{f}'(x) = -\sin(x) - 2.5 \sin(x) - 12 \sin(60x) \quad (3.5)$$

Estas duas últimas funções são mostradas graficamente na Figura 3.8.

Pode-se observar que o efeito do ruído foi amplificado no cálculo do gradiente. Assim é de se esperar que os métodos de otimização tradicionais, que requerem o uso do gradiente, experimentem maiores dificuldades na determinação do mínimo global. Como os AGs não utilizam o gradiente da função objetivo, eles tendem a ser mais robustos que os métodos tradicionais em relação à presença de ruído na função objetivo.

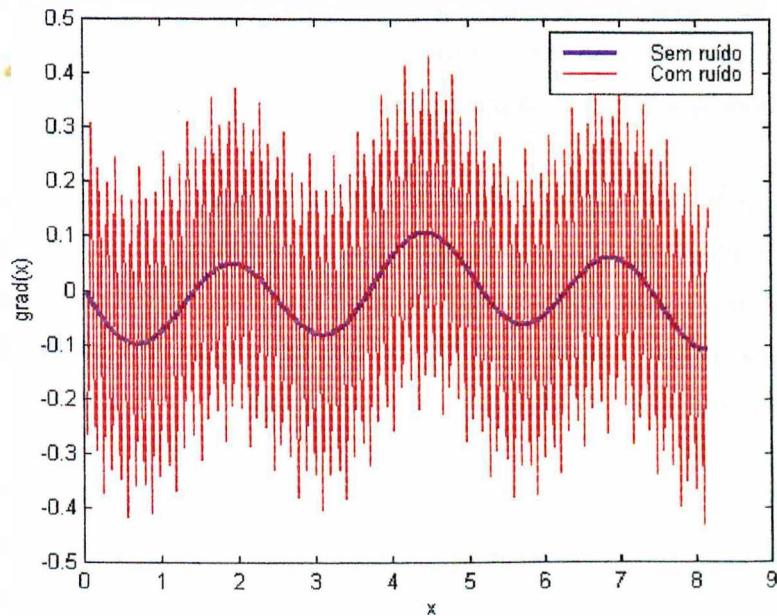


Figura 3.8 – Gradiente da função utilizada na minimização.

Este fato é confirmado pelos resultados de alguns testes de otimização apresentados nas Tabelas 3.2 e 3.3.

Tabela 3.2 - Resultados dos testes de otimização – sem ruído

Método tradicional			AGs		
	x_0	x_f	f	pop	x_f
1	0,5	3,6864	-1,8335	20	3,6871
2	5,5	6,2832	0,0	40	3,6864
3	8,0	8,1681	-0,3089	—	—

Tabela 3.3 - Resultados dos testes de otimização – com ruído

Método tradicional			AGs		
	x_0	x_f	f	pop	x_f
1	0,5	0,4751	1,0683	20	3,6135
2	5,5	5,5	0,888	40	3,6135
3	8,0	8,1681	-0,1089	—	—

Observando os resultados obtidos, verifica-se que os métodos clássicos conseguem determinar o mínimo da função, na ausência de ruído. No entanto, quando o ruído está

presente, a localização do mínimo não foi possível, devendo isto ter sido ocasionado pelo fato do otimizador não ser capaz de calcular o gradiente da função com precisão suficiente. Por outro lado, como os AGs não necessitam do gradiente, eles foram capazes de determinar aproximadamente o mínimo na presença do ruído.

Através dos exemplos propostos foi possível constatar, numa primeira avaliação, que os AGs possuem um melhor desempenho no que diz respeito aos problemas envolvendo ruído e pertencentes a um espaço multimodal, o que faz dos AGs uma ferramenta bastante útil principalmente para quem trabalha no ramo da identificação, onde os diversos problemas analisados apresentam dificuldades dessa natureza.

CAPÍTULO IV

LOCALIZAÇÃO E QUANTIFICAÇÃO DE ERROS DE MODELAGEM A PARTIR DE PARÂMETROS MODAIS

4.1 - INTRODUÇÃO

Como primeira aplicação dos algoritmos genéticos ao problema de identificação, foram considerados neste Capítulo, dois problemas que podem ser formulados de forma única (e que serão, doravante, tratados sem distinção). O primeiro problema diz respeito à localização e quantificação de erros de modelagem em modelos estruturais de elementos finitos, a partir dos parâmetros modais (autovalores e autovetores). O segundo problema é o da localização e quantificação de falhas estruturais a partir do uso de um modelo de elementos finitos e da observação de variação dos parâmetros modais.

O tratamento do primeiro problema visa o ajuste paramétrico de modelos de EF, a partir do conhecimento de um conjunto de auto-soluções (autovalores e autovetores) da estrutura real, obtidas por ensaios experimentais. O ajuste é feito determinando-se um conjunto de parâmetros corretores relacionados à inércia e/ou à rigidez do modelo, de modo que as auto-soluções do modelo corrigido correlacionem, da melhor forma possível, com suas correspondentes experimentais. Uma vez ajustado, o modelo de EF pode ser empregado para diversos fins (previsão de comportamento, otimização, controle, etc), com um maior grau de confiabilidade nos resultados.

Uma síntese dos principais trabalhos dedicados ao ajuste de modelos de EF é apresentada por Mottershead e Friswell (1996) e o detalhamento dos principais métodos é fornecido pelos mesmos autores em (Mottershead e Friswell 1993).

Algumas aplicações dos AGs ao problema de ajuste de modelos de EF foram realizados por Larson e Zimmerman (1993), Friswell et al. (1995).

No que diz respeito à detecção e quantificação de falhas estruturais, os métodos tradicionais são baseados em inspeções visuais ou em técnicas experimentais acústicas ou ultra-sônicas, métodos de campo magnético, radiografia e métodos de campo térmico. No entanto, todas estas técnicas experimentais requerem um conhecimento, a priori, da localização aproximada da falha, bem como o acesso físico à porção da estrutura em estudo. A necessidade de métodos de detecção de falha globais que pudessem ser aplicados a estruturas complexas e/ou inacessíveis, levou ao desenvolvimento de técnicas de monitoramento baseadas na análise das respostas dinâmicas da estrutura. A idéia é a de que mudanças nas propriedades físicas da estrutura (rigidez, massa e amortecimento) causam mudanças nos parâmetros modais (freqüências naturais, formas e amortecimentos modais). Assim, formulando-se o problema de forma inversa, é possível determinar variações nos parâmetros físicos, a partir de observações de alterações nas respostas dinâmicas, empregando-se ainda um modelo estrutural do sistema em estudo.

O procedimento de identificação de falhas pode ser formulado de forma similar ao problema de ajuste de modelos de EF. Para tanto, a estrutura intacta (sem falha) é associada ao modelo de elementos finitos. Uma vez medidas as respostas dinâmicas da estrutura com falha, procura-se identificar um conjunto de indicadores de erro (ou parâmetros corretores de inércia e/ou rigidez do modelo) de modo a minimizar as diferenças entre as respostas dinâmicas do modelo e as respostas correspondentes medidas a partir da estrutura com falha.

Diversos estudos foram efetuados, dedicados ao problema de identificação de falhas, explorando diferentes tipos de formulações e diferentes formas de dados experimentais. Mais recentemente, alguns estudos foram realizados, tratando da aplicação dos AGs ao problema de identificação de falhas estruturais. Tanaka e Nakamura (1994) propuseram um novo método de determinação dos parâmetros de um modelo usando AGs. Tratava de uma análise inversa para um problema de identificação de defeitos em corpos elásticos. Yap e Zimmerman (1998) desenvolveram duas estratégias de codificação aplicáveis ao problema de detecção de falhas, que permitem que os AGs sejam mais eficientes quando a busca pelo ótimo é feita pela exploração da natureza discreta da localização da falha. No trabalho de Friswell et al. (1996), os AGs foram aplicados na detecção de falhas pelo uso de dados modais de vibração, com o objetivo de identificar a posição da falha numa estrutura. Combinado aos AGs, foi utilizado um algoritmo de sensibilidade de auto-soluções para determinar a extensão da falha.

Neste Capítulo, é investigada a aplicação dos AGs ao problema de identificação de falhas, ou de erros de modelagem, em estruturas simples. São explorados, como dados experimentais, as auto-soluções reais (freqüências naturais e modos normais). São também utilizadas as freqüências de anti-ressonância, que são também interpretadas como autovalores de um problema de autovalor modificado por eliminação de graus de liberdade (Rade, 1994).

Foram estudados os seguintes casos com o objetivo de verificar a eficiência dos AGs; sendo os quatro primeiros estudos de simulação numérica e o último uma aplicação com dados experimentais:

Caso 1: tomando-se uma viga livre-livre como estrutura-teste, trabalha-se com uma população pequena e utilizam-se três funções objetivo para identificar uma falha simulada no modelo;

Caso 2: com a viga engastada-livre e inserção de ruído, busca-se identificar uma única falha simulada;

Caso 3: identificação simultânea de duas falhas simuladas em uma viga engastada-livre;

Caso 4: identificação de vários erros de modelagem numa estrutura plana (estrutura "GARTEUR");

Caso 5: identificação de erro de modelagem a partir de dados experimentais de uma viga ensaiada em laboratório.

Após a descrição da formulação básica do método de identificação, serão apresentados os resultados dos cinco casos estudados.

4.2 – FORMULAÇÃO DA TÉCNICA USADA DA IDENTIFICAÇÃO DE ERROS DE MODELAGEM

Para identificação dos erros de modelagem parte-se inicialmente de um modelo de elementos finitos da estrutura não amortecida, representado pelas matrizes de rigidez K^m e de massa $M^m \in \mathbb{R}^{n,n}$, onde n é o número de graus de liberdade do modelo.

São associados à estrutura real matrizes de rigidez e massa que são expressas, respectivamente, pelas seguintes relações:

$$K^e = K^m + \Delta K \quad (4.1.a)$$

$$M^e = M^m + \Delta M \quad (4.1.b)$$

onde ΔK e ΔM representam os erros de modelagem.

Considerando que o modelo de elementos finitos seja dividido em p subdomínios ou macro-elementos, que agrupam um ou mais elementos finitos, vem:

$$K^m = \sum_{j=1}^p K_j^m \quad (4.2.a)$$

$$M^m = \sum_{j=1}^p M_j^m, \quad (4.2.b)$$

onde as matrizes K_j^m e M_j^m são as matrizes de rigidez e massa associadas ao j -ésimo subdomínio. Nas expressões (4.2), o símbolo \sum indica a operação de montagem de matrizes globais do modelo de elementos finitos.

De acordo com a hipótese de afinidade de subdomínios, as matrizes de correção podem ser expressas por combinações lineares das matrizes associadas aos p macro-elementos:

$$\Delta K = \sum_{j=1}^p k_j K_j^m \quad (4.3.a)$$

$$\Delta M = \sum_{j=1}^p m_j M_j^m, \quad (4.3.b)$$

onde k_j e m_j são coeficientes adimensionais escalares.

Introduzindo as equações (4.2) e (4.3) em (4.1), tem-se:

$$K^e = \sum_{j=1}^p k_j^* K_j^m \quad (4.4.a)$$

$$M^e = \sum_{j=1}^p m_j^* M_j^m, \quad (4.4.b)$$

$$\text{com } k_j^* = 1 + k_j, \quad m_j^* = 1 + m_j, \quad j = 1 \text{ a } p.$$

Os coeficientes k_j^* e m_j^* , $j = 1$ a p são, respectivamente, os parâmetros corretores adimensionais de rigidez e de massa, atribuídos a cada um dos subdomínios do modelo. A localização e quantificação dos erros de modelagem é feita mediante a determinação dos valores destes parâmetros, levando em conta que:

- Se k_j^* (ou m_j^*) = 1, o j -ésimo sub-domínio é isento de erros de modelagem de rigidez (ou de massa);
- Se k_j^* (ou m_j^*) $\neq 1$, o j -ésimo sub-domínio é afetado por erros de modelagem de rigidez (ou de massa).

No caso do problema de identificação de falhas, a estrutura intacta é associada ao modelo de elementos finitos (K^m, M^m) e a estrutura com falha é associada ao sistema (K^e, M^e). Neste caso, os parâmetros k_j^* e m_j^* , $j = 1$ a p são interpretados como indicadores de erros de rigidez e de massa, respectivamente.

Admite-se, geralmente, que as falhas sejam do tipo fissuras, ou afrouxamento de elementos de ligação, que conduzem apenas a reduções de rigidez. Neste caso, a parametrização do erro é feita apenas através dos coeficientes k_j^* , $j = 1$ a p , com a seguinte interpretação.

- Se $k_j^* = 1$, o j -ésimo sub-domínio é isento de falha;
- Se $k_j^* < 1$, o j -ésimo sub-domínio é afetado pela falha.

O processo de identificação do erro de modelagem é iniciado pela construção de uma função objetivo representando as diferenças entre as respostas dinâmicas do modelo de elementos finitos e suas correspondentes experimentais, obtidas através de testes efetuados sobre a estrutura real. Estas funções objetivo são então minimizadas, tomando-se os parâmetros corretores como variáveis de projeto.

Nas aplicações descritas neste Capítulo, as funções objetivo foram formadas a partir das diferenças entre autovalores, componentes de autovetores e freqüências de anti-resonância. Conforme demonstrado por Rade (1994) e Rade e Lallement (1998), as freqüências de anti-resonância são também expressas como autovalores de um problema de autovalor modificado por eliminação de graus de liberdade.

Foram usados três tipos de função objetivo, sendo que a primeira representa a diferença entre autovalores, a segunda as diferenças entre autovalores e autovetores e a terceira as diferenças entre autovalores e freqüências de anti-resonância, sendo dadas pelas expressões:

$$J_1 = \sum_{j=1}^v \frac{|\lambda_j^m - \lambda_j^e|}{\max(\lambda_j^m, \lambda_j^e)} \quad (4.5)$$

$$J_2 = \sum_{j=1}^v \left\{ \frac{|\lambda_j^m - \lambda_j^e|}{\max(\lambda_j^m, \lambda_j^e)} + (1 - \text{MAC}(\phi_j^m, \phi_j^e)) \right\} \quad (4.6)$$

$$J_3 = \sum_{j=1}^v \frac{|\lambda_j^m - \lambda_j^e|}{\max(\lambda_j^m, \lambda_j^e)} + \sum_{j=1}^v \sum_{k=1}^{na} \frac{|\gamma_{j,k}^m - \gamma_{j,k}^e|}{\max(\gamma_{j,k}^m, \gamma_{j,k}^e)} \quad (4.7)$$

onde:

λ_j^m, λ_j^e : são as j-ésimas freqüências naturais do modelo e experimentais, respectivamente;

$\gamma_{j,k}^m, \gamma_{j,k}^e$: são as j-ésimas freqüências anti-resonância do modelo e experimentais, pertencentes a k-ésima FRF;

$\text{MAC}(\phi_j^m, \phi_j^e)$: é o valor do MAC entre os j-ésimos autovetores do modelo e experimentais;

v : é o número de auto-soluções utilizadas no ajuste;

na : é o número de FRFs empregadas para a obtenção das freqüências de anti-resonância.

O MAC entre dois vetores representa o quadrado do cosseno do ângulo formado por estes dois vetores, sendo calculado segundo:

$$MAC(u,r) = \left[\frac{(u^T r)}{\|u\| \|r\|} \right]^2$$

4.3 – CONSTRUÇÃO DO MODELO DE ELEMENTOS FINITOS

A estrutura utilizada nos testes de identificação foi uma viga bidimensional do tipo Euler-Bernoulli, representada por um modelo de elementos finitos constituído por 20 elementos e 63 graus de liberdade, conforme ilustrado na Figura 4.1. Foram consideradas duas configurações de condições de contorno: livre-livre e engastada-livre. A falha estrutural, ou erro de modelagem foi simulada mediante a redução do módulo de elasticidade de um ou mais elementos do modelo inicial. A cada um dos elementos foi associado um parâmetro corretor de rigidez. Estes parâmetros constituem as incógnitas do problema de identificação.

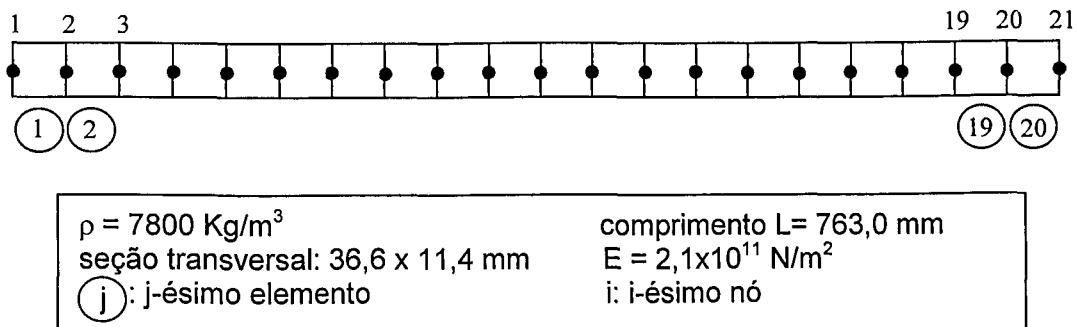


Figura 4.1 – Características do modelo da viga utilizado nos ensaios

Levando-se em conta o fato de que numa estrutura há geralmente poucos locais discretos onde se situa uma falha localizada, uma nova codificação (Yap e Zimmerman, 1998) foi também utilizada. Na codificação simples de um algoritmo genético, uma cadeia binária é usada para representar os parâmetros de rigidez, e a extensão da falha é indicada pelo valor obtido pela decodificação desta cadeia. Nesta nova codificação, cada variável de projeto contínua (vpc) representando um parâmetro de rigidez é associada a uma variável de projeto discreta (vpd) de um único bit que pode tomar os valores 0 ou 1. Se o valor de

vpc é 1 o parâmetro é decodificado diretamente de vpc , como ocorre normalmente na codificação usual. Se vpc vale 0, então o parâmetro toma o valor 1. A decodificação especial do parâmetro é descrita pela relação abaixo:

$$p_i = vpd_i(vpc_i - 1) + 1 \quad (4.8)$$

Um exemplo desta codificação é mostrado na Tabela 4.1 abaixo

Tabela 4.1 – Exemplo da nova codificação

	vpc_1	vpc_2	vpc_3	vpc_4	vpd_1	vpd_2	vpd_3	vpd_4
Codificação binária de um indivíduo	1011	0110	0010	1001	0	1	1	0
Decodificação simples	0,73	0,40	0,13	0,60	0	1	1	0
	p_1	p_2	p_3	p_4				
Decodificação especial	1,00	0,40	0,13	1,00				

4.4 – SIMULAÇÕES NUMÉRICAS

A fim de avaliar o desempenho dos AGs foram efetuados alguns testes de identificação de falha. No primeiro considerou-se a viga livre-livre onde as três funções objetivo foram consideradas. No segundo, utilizou-se a viga engastada-livre com a inserção de ruído nos dados simulados. No terceiro teste procurou-se observar o comportamento dos AGs na presença de mais de uma falha. No quarto caso uma estrutura mais complexa e com vários erros de modelagem foi utilizada. E por fim, foi realizado um teste com dados experimentais.

Para cada geração dos AGs, os parâmetros foram decodificados e usados como elementos perturbadores da matriz de rigidez, de acordo com a equação (4.4.a). Tal cálculo requer grande esforço computacional visto que para cada geração as auto-soluções do problema eram calculadas. Para o cálculo dos autovalores e autovetores foi utilizado o algoritmo de Lanczos (Bathe, 1989), e as freqüências de anti-ressonância foram calculadas como um problema de autovalor modificado (Rade, 1994), onde linhas e colunas das matrizes de massa e rigidez são eliminadas.

4.4.1 – Viga livre-livre com uma única falha, sem ruído.

Neste primeiro teste foi simulada uma falha no elemento de número 7, pela redução de seu módulo de elasticidade em 50%. Foram utilizados 6 sensores cujas posições são indicadas na Figura 4.2 pelo símbolo (□). O símbolo (▽) indica os pontos onde foram colhidas as FRFs pontuais para obtenção das anti-resonâncias. A região escurecida indica a posição da falha a ser localizada.

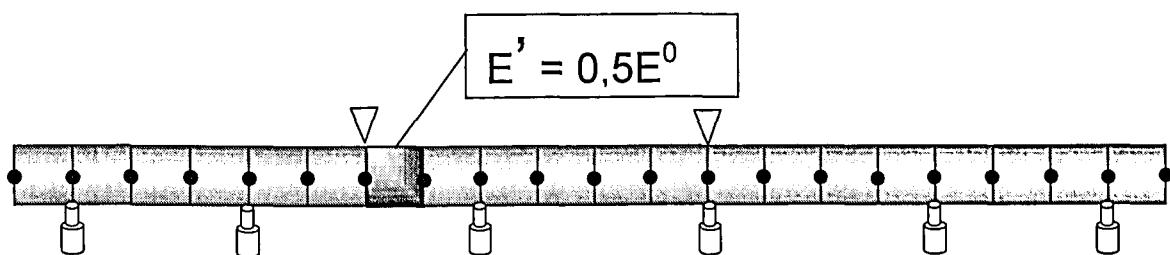


Figura 4.2 – Local da falha e instrumentação da viga livre-livre.

Na Tabela 4.2 são mostrados os valores das freqüências naturais e de anti-resonância da viga sem falha e com falha, na banda [0 – 2000 Hz].

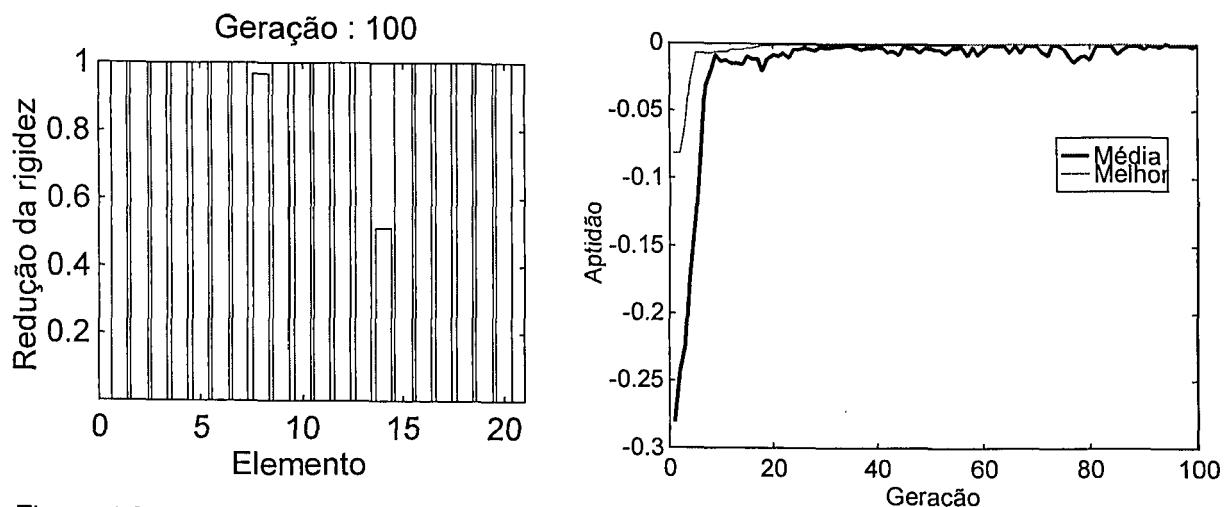
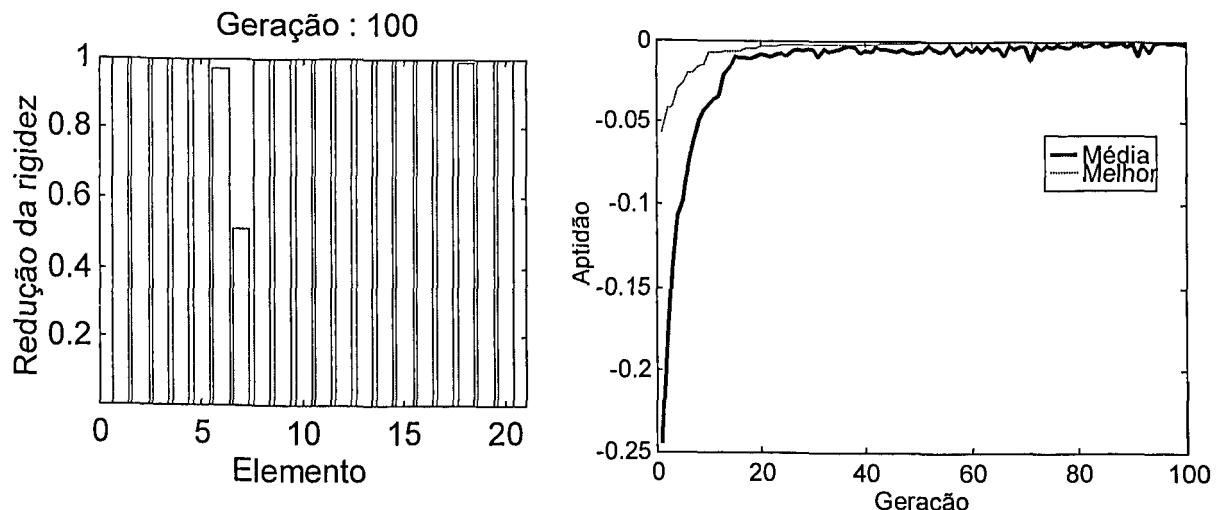
Tabela 4.2 – Freqüências naturais e de anti-resonância da viga livre-livre.

Modos elásticos	Sem falha			Com falha		
	λ (Hz)	γ_1 (Hz)	γ_2 (Hz)	λ (Hz)	γ_1 (Hz)	γ_2 (Hz)
1	104,4	93,8	72,9	100,8	88,3	71,6
2	287,6	202,3	240,5	274,4	192,3	224,6
3	563,5	521,2	519,8	559,7	517,2	517,9
4	930,7	898,5	754,0	915,0	875,0	751,0
5	1389,1	1146,2	1381,9	1339,2	1113,0	1317,6
6	1938,4	1792,9	1687,5	1920,6	1777,6	1670,1
7	> 2000	> 2000	> 2000	> 2000	> 2000	> 2000

Os parâmetros dos AGs para este caso foram: população de 50 indivíduos, para um total de 100 gerações e codificação binária. Os resultados obtidos empregando as três funções objetivo definidas em (4.5) a (4.7) são mostrados nas figuras e tabelas a seguir.

Tabela 4.3 – Valores dos parâmetros obtidos ao final da identificação – viga livre-livre

Elemento	J ₁	J ₂	J ₃	Elemento	J ₁	J ₂	J ₃
1	1,00	1,00	1,00	11	1,00	1,00	1,00
2	1,00	1,00	1,00	12	1,00	1,00	1,00
3	1,00	1,00	1,00	13	1,00	1,00	1,00
4	1,00	1,00	1,00	14	0,50	1,00	1,00
5	1,00	1,00	1,00	15	1,00	1,00	1,00
6	1,00	0,97	1,00	16	1,00	1,00	0,90
7	1,00	0,50	0,50	17	1,00	1,00	1,00
8	0,96	1,00	1,00	18	1,00	0,99	1,00
9	1,00	1,00	1,00	19	1,00	1,00	1,00
10	1,00	1,00	1,00	20	1,00	1,00	1,00

Figura 4.3 – Redução da rigidez e evolução da aptidão para J₁.Figura 4.4 – Redução da rigidez e evolução da aptidão para J₂.

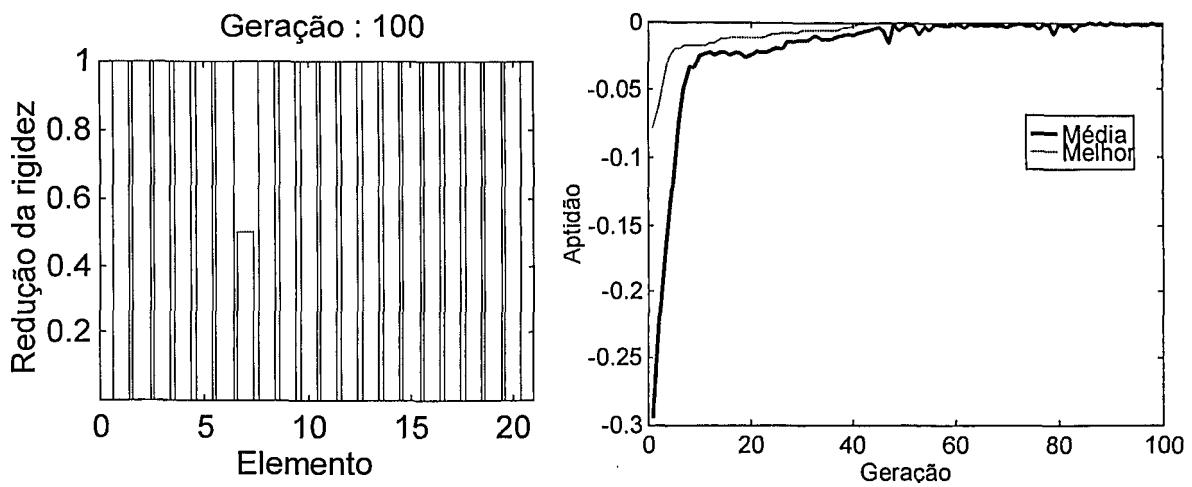


Figura 4.5 – Redução da rigidez e evolução da aptidão para J_3 .

Os resultados mostrados nas Figuras 4.4 e 4.5 revelam que os AGs conseguiram identificar corretamente a localização e a extensão da falha utilizando as funções objetivos J_2 e J_3 . No entanto, quando foi utilizada J_1 , a correta localização da falha não foi possível, como pode ser visto na Figura 4.3. Isto pode ser explicado pela simetria da viga livre-livre, que torna impossível, a partir dos autovalores apenas, distinguir a perturbação na rigidez afetando um determinado elemento, daquela afetando o seu elemento simétrico. Observa-se que a falha foi localizada incorretamente no elemento de número 14, que é o elemento simétrico do elemento número 7, em relação ao centro da viga. O uso das componentes dos autovetores e/ou freqüências de anti-ressonância contribuem na redução do efeito de simetria permitindo a correta identificação do erro de modelagem.

4.4.2 – Viga engastada-livre na presença de ruído – falha perto do engaste.

No segundo teste, considerou-se um modelo de viga engastada-livre. As condições de instrumentação foram as mesmas utilizadas no primeiro teste, porém a falha (50% de redução do módulo de elasticidade) situou-se no elemento de número 4. Visando simular uma situação mais próxima das condições reais de teste, e avaliar a robustez dos AGs em relação a ruídos, perturbações aleatórias foram adicionadas às respostas dinâmicas. A Figura 4.6 ilustra o modelo, e a Tabela 4.4 mostra as freqüências naturais e de anti-ressonância da viga com falha e sem falha.

Tabela 4.4 – Freqüências naturais e de anti-resonância da viga engastada-livre. Falha perto do engaste.

Modos elásticos	Sem falha			Com falha		
	λ (Hz)	γ_1 (Hz)	γ_2 (Hz)	λ (Hz)	γ_1 (Hz)	γ_2 (Hz)
1	16,4	31,3	75,4	15,5	31,1	75,3
2	102,8	206,9	218,9	102,5	206,0	218,4
3	287,8	562,1	562,9	285,8	547,9	545,4
4	563,7	764,7	756,8	547,9	727,6	743,2
5	931,2	1246,0	1246,2	900,2	1239,3	1202,0
6	1390,0	1937,6	1937,2	1361,7	1920,3	1925,2
7	1939,8	> 2000	> 2000	1926,5	> 2000	> 2000

Optou-se pela utilização de J_3 . O nível de ruído aleatório adicionado foi da ordem de 1% para os autovalores e 4% para as freqüências de anti-resonância.

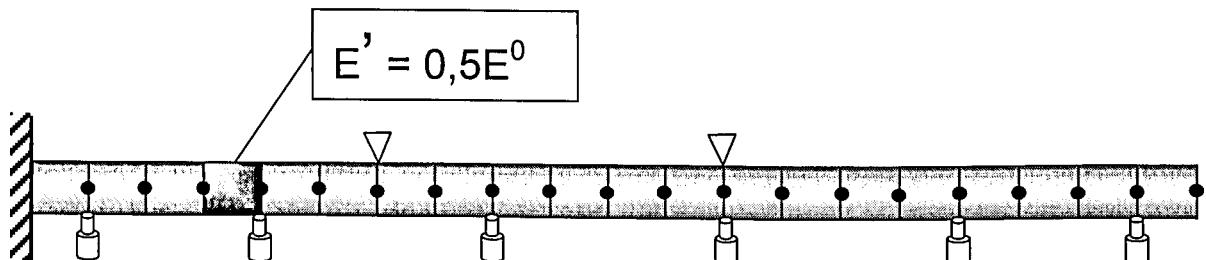


Figura 4.6 – Local da falha e instrumentação da viga engastada-livre. Falha perto do engaste.

Utilizou-se uma população de 150 indivíduos não codificados, num total de 170 gerações. As figuras e tabela seguintes mostram os resultados obtidos.

Vê-se que mesmo na presença de ruído conseguiu-se um resultado bastante satisfatório. O AG mostrou ser capaz de localizar e quantificar a falha no quarto elemento, e pode ser visto pelo gráfico da aptidão que após 80 gerações a detecção da falha já havia sido feita.

Tabela 4.5 – Valores dos parâmetros obtidos ao final da identificação. Falha perto do engaste.

Elemento	J_3	Elemento	J_3
1	1,00	11	1,00
2	1,00	12	1,00
3	1,00	13	1,00
4	0,51	14	1,00
5	1,00	15	1,00
6	0,95	16	1,00
7	1,00	17	1,00
8	1,00	18	1,00
9	1,00	19	1,00
10	0,95	20	0,98

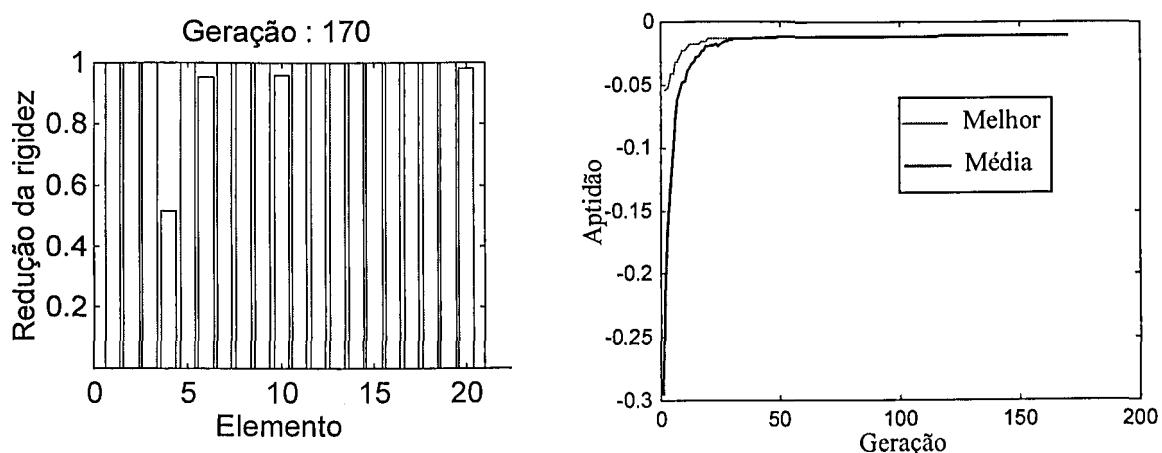


Figura 4.7 - Redução da rigidez e evolução da aptidão, para a função objetivo J_3 .

4.4.3 – Viga engastada-livre na presença de ruído – falha distante do engaste

Este exemplo trata o caso em que a falha se situa próxima à extremidade livre da viga, no elemento de número 18. O principal interesse na realização deste teste é de que, ao contrário do exemplo anterior, a falha foi introduzida em uma região do modelo que

concentra pequena parcela das energias de deformação modais. Em consequência, as freqüências naturais e freqüências de anti-resonância apresentam menor sensibilidade em relação a falha. Esta baixa sensibilidade, associada à presença de ruído, é um fato complicador na identificação. As condições de instrumentação foram as mesmas utilizadas no exemplo anterior. Foi utilizada uma população de 100 indivíduos e um nível de ruído nos dados simulados igual ao do exemplo anterior. O correto ajuste deve indicar, portanto, uma redução na rigidez de 0,7 no décimo oitavo elemento. A Figura 4.8 ilustra o modelo, e a Tabela 4.6 mostra as freqüências naturais e de anti-resonância da viga com falha e sem falha.

Tabela 4.6 – Freqüências naturais e de anti-resonância da viga engastada-livre. Falha distante do engaste.

Modos elásticos	Sem falha			Com falha		
	λ (Hz)	γ_1 (Hz)	γ_2 (Hz)	λ (Hz)	γ_1 (Hz)	γ_2 (Hz)
1	16,4	31,3	75,4	16,4	31,2	74,9
2	102,8	206,9	218,9	102,3	202,3	217,1
3	287,8	562,1	562,9	280,2	521,0	523,7
4	563,7	764,7	756,8	528,0	734,5	680,2
5	931,2	1246,0	1246,2	851,0	1102,7	1219,8
6	1390,0	1937,6	1937,2	1279,1	1817,3	1730,8
7	1939,8	> 2000	> 2000	1824,2	> 2000	> 2000

A função objetivo utilizada e os níveis de ruído adicionados foram os mesmos do caso anterior.

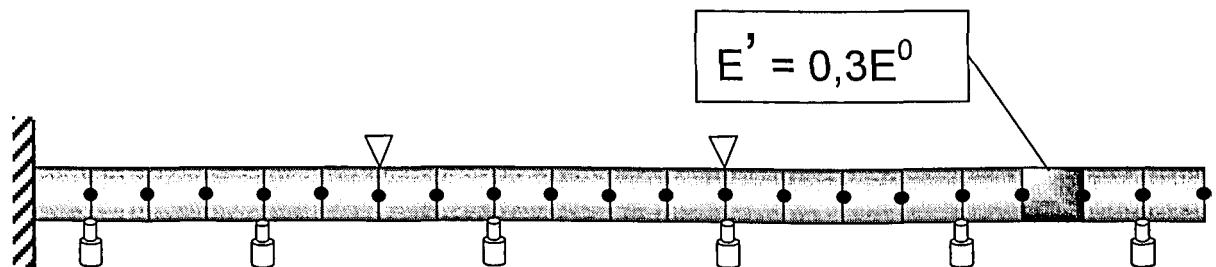


Figura 4.8 – Local da falha e instrumentação da viga engastada-livre. Falha distante do engaste.

A Figura 4.9 mostra os resultados obtidos.

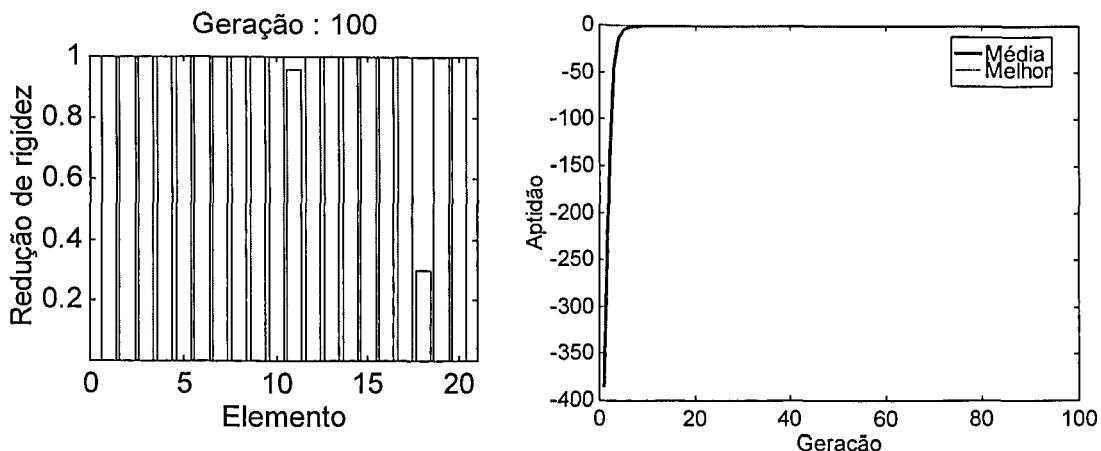


Figura 4.9 – Redução da rigidez e aptidão para o caso de falha no elemento 18.

Vê-se, pela Figura 4.9, que a correta localização e extensão da falha foram obtidas. Para este caso foi adicionada uma função de restrição (Yap e Zimmerman, 1998), com o intuito de penalizar um determinado elemento quando o número de localizações excedesse um valor desejado. O objetivo é encorajar o algoritmo genético a trabalhar em um número reduzido de localizações, tornando a procura mais eficiente. A função de penalidade é dada a seguir:

$$J_{\text{pen}} = J \cdot (vpc_i \cdot vpd_i) \cdot (1 + R \cdot g(vpd_i)^2 \cdot \mu \cdot g(vpd_i)) \quad (4.9)$$

onde $g(vpd_i)$ é a função de restrição definida pela diferença entre o número total de 1's contido em vpd_i e o número máximo de elementos que deverão conter a falha (este último número é definido pelo usuário e indica a quantidade de elementos que será considerada com danos). A constante R é um fator peso ($R=10$ neste exemplo). O fator μ é uma função degrau unitário que vale 1 se $g(vpd_i)$ é menor ou igual a 0, e vale 0 se $g(vpd_i)$ é maior que zero. Isto explica os valores baixos da aptidão para este caso. A Tabela 4.7 mostra os valores obtidos.

Tabela 4.7 – Valores dos parâmetros obtidos ao final da identificação. Falha distante do engaste.

Elemento	J_3	Elemento	J_3
1	1,00	11	0,95
2	1,00	12	1,00
3	1,00	13	1,00
4	1,00	14	1,00
5	1,00	15	1,00
6	1,00	16	1,00
7	1,00	17	1,00
8	1,00	18	0,29
9	1,00	19	1,00
10	1,00	20	1,00

4.4.4 – Identificação Simultânea de Duas Falhas

O objetivo deste exemplo é verificar a capacidade dos AGs em identificar mais de uma falha. Optou-se pelo uso de macro-elementos que englobassem mais de um único elemento do modelo. Esta estratégia é mais coerente com a realidade, visto que num modelo mais complexo, a total verificação de todos os elementos seria impraticável, e além disso o processo de identificação torna-se mais eficaz devido a redução do número de parâmetros a serem considerados.

A estrutura simulada continua sendo a viga engastada-livre, instrumentada tal como nos exemplos anteriores. Na simulação, cada par de elementos vizinhos foi agrupado em um único macro-elemento perfazendo um total de 10 macro-elementos. Foram simuladas falhas de 30% e 50% respectivamente nos elementos de número 4 e 19. Fez-se uso de codificação binária com uma população de 100 indivíduos.

A Tabela 4.8 mostra as freqüências naturais e de anti-rezonância da viga com falha e sem falha.

Tabela 4.8 – Freqüências naturais e de anti-ressonância da viga engastada-livre com duas falhas.

Modos elásticos	Sem falha			Com falha		
	λ (Hz)	γ_1 (Hz)	γ_2 (Hz)	λ (Hz)	γ_1 (Hz)	γ_2 (Hz)
1	16,4	31,3	75,4	16,0	31,2	75,3
2	102,8	206,9	218,9	102,6	206,1	218,6
3	287,8	562,1	562,9	286,3	551,9	552,0
4	563,7	764,7	756,8	552,8	741,4	736,0
5	931,2	1246,0	1246,2	903,0	1205,5	1217,0
6	1390,0	1937,6	1937,2	1341,8	1866,3	1837,0
7	1939,8	> 2000	> 2000	1868,4	> 2000	> 2000

As falhas estão situadas no segundo e no décimo macro-elementos. Pode ser visto na Figura 4.10 que a correta localização das falhas foi obtida. O resultado mostra que a primeira falha situa-se numa região que engloba o terceiro e quarto elemento. Como a definição dos macro-elementos é incompatível com as perturbações de rigidez introduzidas, a solução exata não pode ser obtida. Nada se poderia afirmar a respeito do elemento que detém a falha, ou se ambos a detém, e muito menos da correta intensidade da falha. O mesmo se aplica à falha no último macro-elemento. O importante é a verificação de que os AGs conseguiram localizar o macro-elemento onde se situa a falha e também forneceu uma estimativa da severidade da mesma.

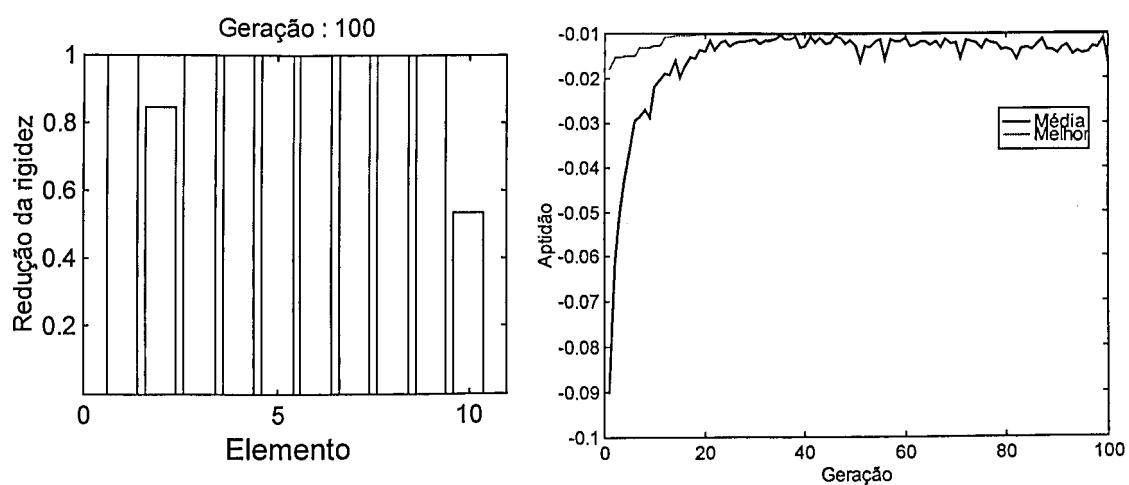
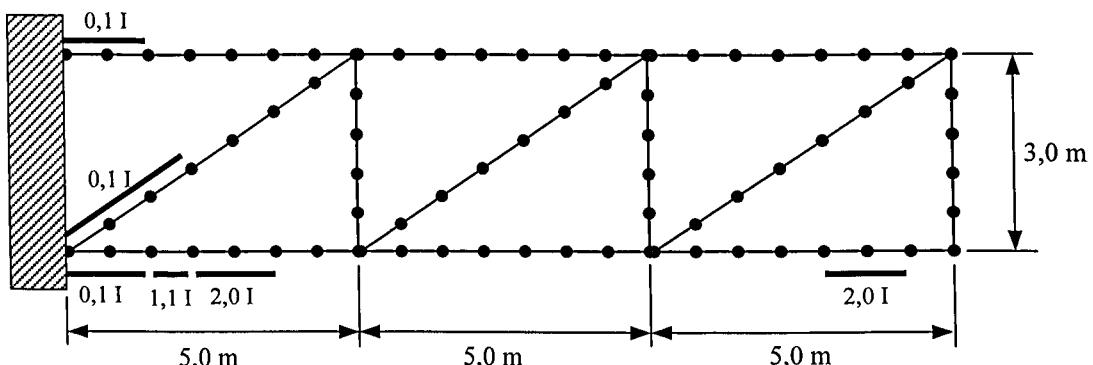


Figura 4.10 - Redução da rigidez e aptidão para o caso de duas falhas.

4.4.5 – Ajuste de Modelo da Estrutura “GARTEUR”.

O exemplo a seguir ilustra a aplicação dos AGs ao ajuste de modelo da estrutura ilustrada na Figura 4.11. A estrutura, simulada por elementos finitos, foi criada como “benchmark” pelo “Group for Aeronautical Research and Technology in Europe” (GARTEUR). É um caso mais complicado devido à uma maior quantidade de erros de modelagem considerados. Estes erros são mostrados na Figura 4.11 como variações na inércia do elemento.



$\rho = 2800 \text{ Kg/m}^3$	$E = 7,5 \times 10^{10} \text{ N/m}^2$	$I = 0,756 \cdot 10^{-1} \text{ m}^{-4}$
Área da seção dos elementos verticais: $S_v = 0,6 \cdot 10^{-2} \text{ m}^2$		
Área da seção dos elementos horizontais: $S_h = 0,4 \cdot 10^{-2} \text{ m}^2$		
Área da seção dos elementos diagonais: $S_d = 0,3 \cdot 10^{-2} \text{ m}^2$		

Figura 4.11 – Estrutura GARTEUR.

O modelo de elementos finitos comporta 78 elementos de viga do tipo Euler-Bernoulli num total de 74 nós e 216 gdl.

A identificação foi efetuada da mesma forma que no caso da viga, apresentado na Seção 4.3. Como foram consideradas somente mudanças no momento de inércia, a correção será feita somente na matriz de rigidez da estrutura. A diferença é que agora os parâmetros corretores apresentam valores tanto menores quanto maiores que 1.

A Tabela 4.9 fornece o valor das 5 primeiras freqüências naturais da estrutura com erros e livre de erros de modelagem.

Tabela 4.9 – Comparação das freqüências naturais (Hz) do modelo com erro e sem erro.

Modos	Sem erros de modelagem	Com erros de modelagem
1	45,15	24,68
2	79,05	74,72
3	227,18	203,58
4	249,67	221,25
5	363,56	360,99

A função objetivo utilizada foi aquela baseada somente nos autovalores, sendo dada pela equação (4.5). Foram usados sensores nas direções vertical e horizontal, perfazendo um total de 22, conforme indicado na Figura 4.12. O posicionamento destes sensores foi determinado pelo método baseado na minimização do número de condicionamento das sub-matrizes modais do modelo (Amdriambololona, 1990). Uma vez que J_1 foi a função objetivo utilizada, a informação obtida pelos sensores foi usada somente para o procedimento de emparelhamento dos autovetores.

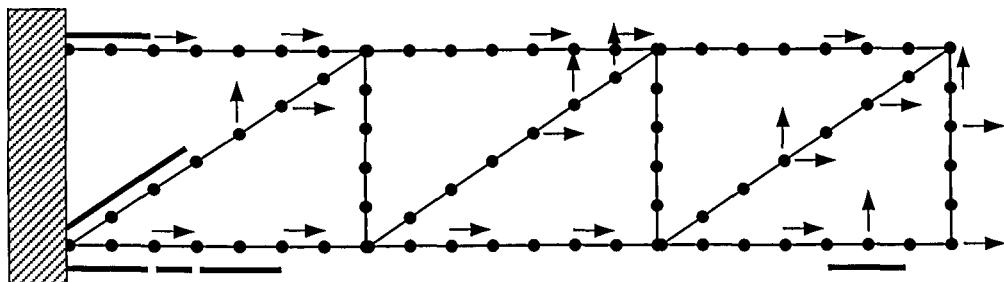


Figura 4.12 – Posicionamento dos 22 sensores.

Como a estrutura contém um elevado número de elementos, estes foram agrupados em macro-elementos, tornando o processo mais realístico e diminuindo sensivelmente a quantidade de parâmetros. A maneira como foram agrupados os elementos é ilustrada na Figura 4.13, que indica que cada barra foi dividida em dois macro-elementos. A numeração atribuída aos macro-elementos é também indicada nesta figura.

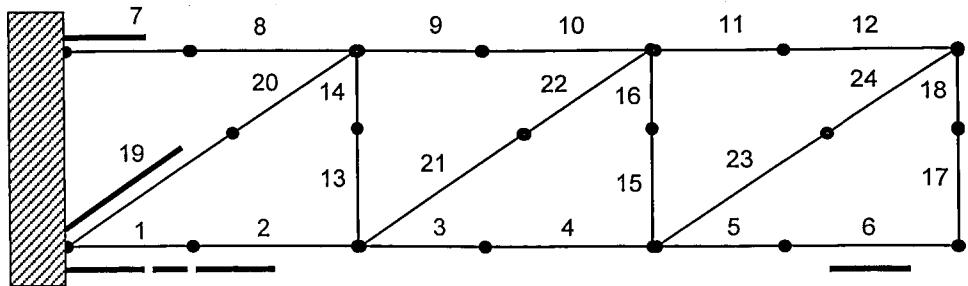


Figura 4.13 – Distribuição dos elementos em macro-elementos.

A união de elementos em sub-domínios permitiu reduzir a quantidade de parâmetros corretores de 78 para 24. Evidentemente, a definição dos macro-elementos de forma incompatível com os erros de modelagem, impede a identificação exata das severidades dos erros neste caso.

Os AGs foram executados com uma população de 300 indivíduos num total de 200 gerações. Os resultados são mostrados abaixo.

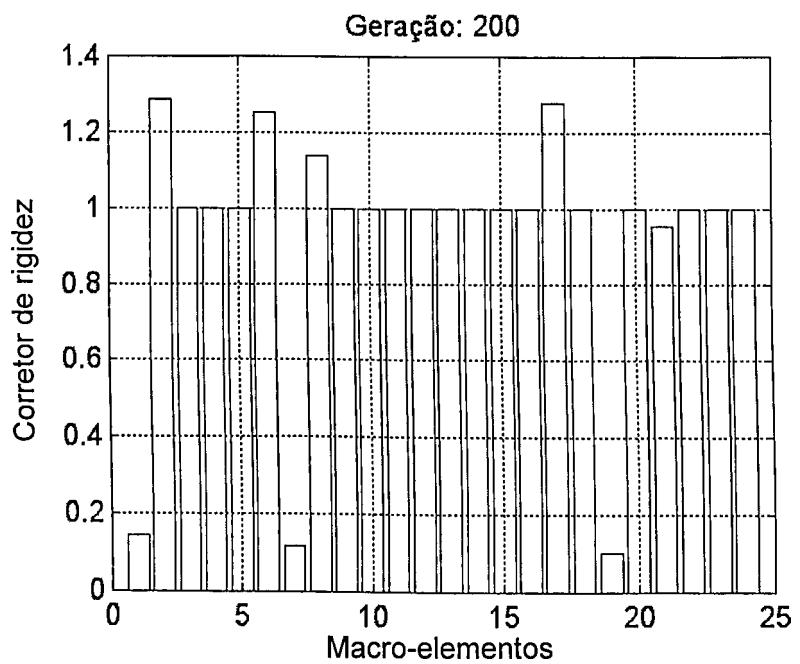


Figura 4.14 – Valores finais dos parâmetros.

Tabela 4.10 – Valores dos parâmetros obtidos ao final da identificação.

Macro- elemento	Valor identificado	Macro- elemento	Valor identificado	Macro- elemento	Valor identificado
1	0,14	9	1,00	17	1,27
2	1,28	10	1,00	18	1,00
3	1,00	11	1,00	19	0,10
4	1,00	12	1,00	20	1,00
5	1,00	13	1,00	21	0,95
6	1,25	14	1,00	22	1,00
7	0,11	15	1,00	23	1,00
8	1,13	16	1,00	24	1,00

Todos os macro-elementos que possuíam elementos perturbados foram identificados como possuidores de erros. Como pode ser visto pela Figura 4.14, a grande maioria dos macro-elementos isentos de erro não tiveram os seus parâmetros alterados, indicando que naquela região não há nenhuma perturbação no momento de inércia. Exceção é feita aos os macro-elementos de números 8, 17 e 21, que apresentaram alguma indicação de erro. De uma forma geral pode-se dizer que os resultados obtidos foram satisfatórios, visto que os valores dos parâmetros corretores encontrados estão de acordo com a definição dada na Figura 4.11, embora nada se possa afirmar a respeito de quais elementos contenham os erros de modelagem, em virtude da definição dos macro-elementos adotados.

4.5 – IDENTIFICAÇÃO DE FALHA EM UMA ESTRUTURA REAL, ENSAIADA EM LABORATÓRIO

Tendo em vista o bom desempenho dos AG nas simulações numéricas, procura-se agora fazer uma análise de uma situação mais próxima de um caso prático, que é a identificação dos erros de modelagem a partir das auto-soluções de uma estrutura ensaiada em laboratório.

4.5.1 – Procedimento Experimental

A estrutura ensaiada em laboratório possui as mesmas características daquela usada nas simulações numéricas com configurações livres-livres. Para a coleta das FRFs a viga foi excitada com um martelo de impacto na direção vertical e as acelerações foram colhidas através de acelerômetros piezoelétricos. As FRFs foram obtidas na banda de freqüência de [0 – 2000 Hz], com uma resolução freqüencial de 2,5 Hz. A Figura 4.15 ilustra os graus de liberdade instrumentados.

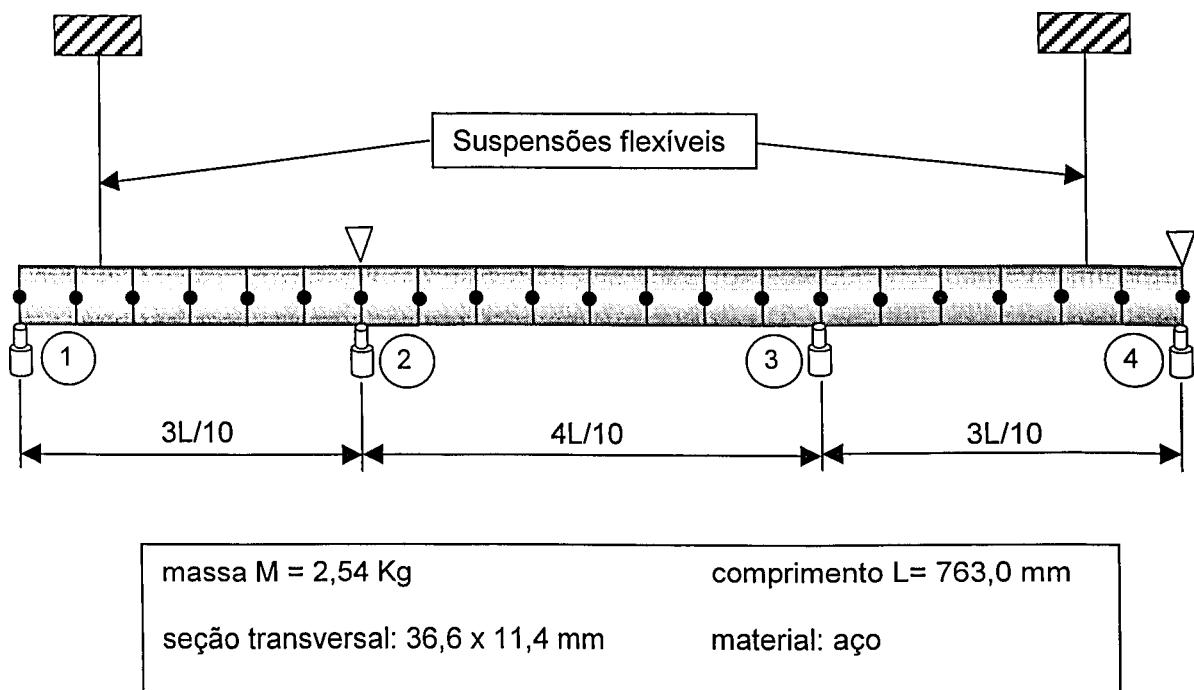


Figura 4.15 – Características da viga ensaiada.

A Tabela 4.11 fornece os valores das freqüências naturais da viga, obtidas experimentalmente.

Tabela 4.11 – Valores das freqüências naturais da viga.

Modos elásticos	Freqüência
1	107,5
2	292,5
3	570,0
4	937,5
5	1395,0
6	1940,0

A falha foi introduzida através de um entalhe, com as seguintes características:

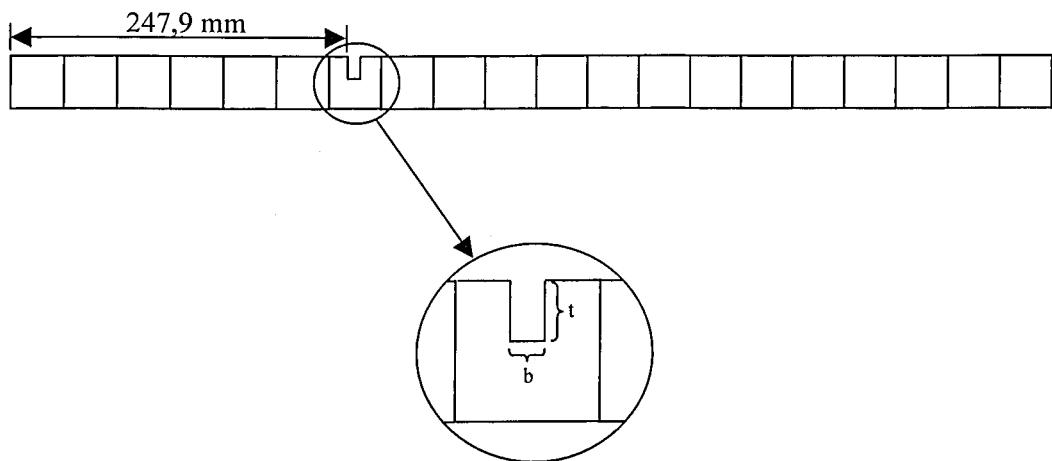


Figura 4.16 – Simulação de uma falha na viga.

Foram considerados dois níveis de severidade da falha, mediante variação das dimensões no entalhe:

- falha menos severa: $b = 5,0 \text{ mm}$; $t = 2,5 \text{ mm}$.
- falha mais severa: $b = 8,0 \text{ mm}$; $t = 4,0 \text{ mm}$

É importante observar que a falha foi introduzida na posição correspondente ao elemento de número 7 do modelo de EF, como pode ser constatado comparando as Figuras 4.15 e 4.16.

A Figura 4.17 mostra as FRFs do modelo comparadas com as FRFs da viga sem falha e com falha. Os valores das freqüências naturais são dados na Tabela 4.12. Os índices das

FRFs mostradas estão de acordo com a numeração das posições instrumentadas, indicada na Figura 4.15.

Tabela 4.12 – Freqüências naturais (Hz) da viga (sem falha e com falha) e do modelo.

Modos elásticos	Modelo	Sem falha	Falha menos severa		Falha mais severa
			severa	severa	severa
1	104,4	107,5	107,5	107,5	105,0
2	287,6	292,5	287,5	282,5	
3	563,5	570,0	567,5	567,5	
4	930,7	937,5	935,0	927,5	
5	1389,1	1395,0	1380,0	1355,0	
6	1938,4	1940,0	1935,0	1930,0	

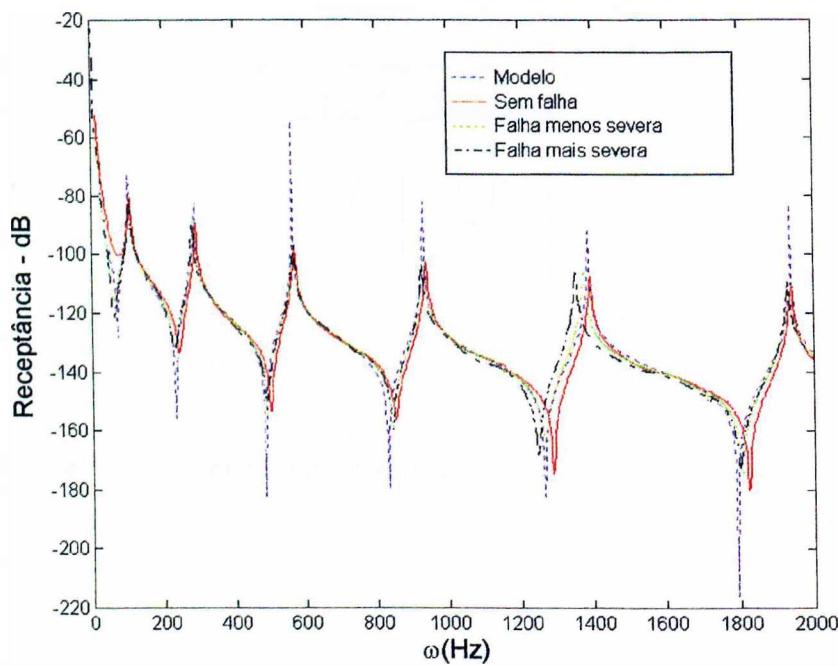


Figura 4.17 – Comparação das FRFs; FRF $H_{44}(\omega)$.

Na Figura 4.18, são confrontadas as FRFs da estrutura sem falha (ensaiada em laboratório) e do modelo de elementos finitos.

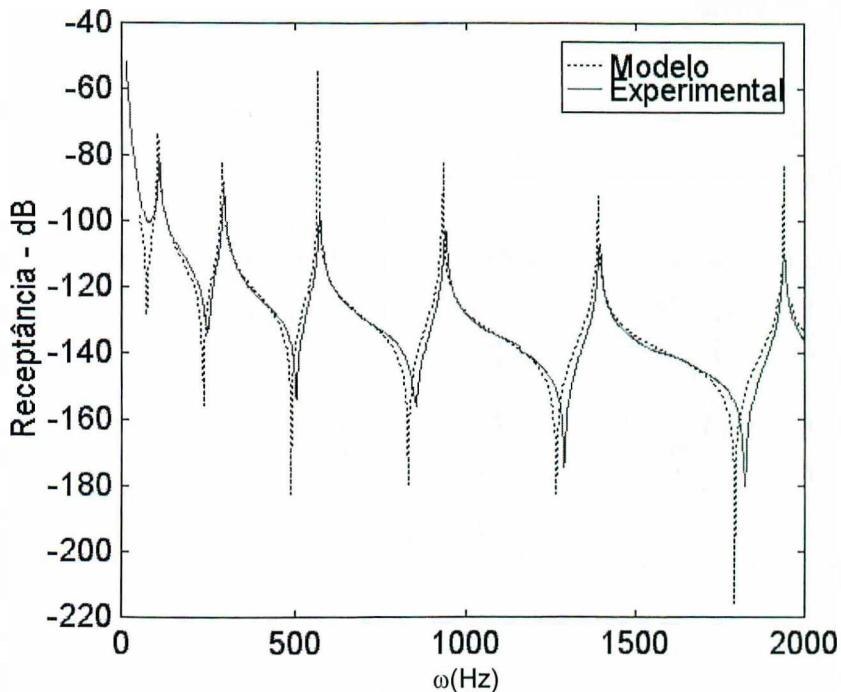


Figura 4.18 – FRF $H_{44}(\omega)$.

Nota-se que há pequenas diferenças entre os valores das freqüências naturais da viga sem falha e do modelo inicial de EF, o que poderia resultar num erro no processo de localização e quantificação da falha. Este erro se traduz principalmente pelo uso de um valor incorreto do módulo de elasticidade no modelo de EF. Foi então adotado um procedimento de ajuste do modelo. Este mesmo modelo foi utilizado por Silva (1996) que fez o ajuste introduzindo a rigidez das espumas que serviam de apoio para a viga nos ensaios. O ajuste se deu através da correção do módulo de elasticidade do modelo inicial. Esta correção foi feita empregando-se a técnica baseada na sensibilidade de autovetores, que é descrita no trabalho daquele autor.

Neste trabalho, o ajuste foi feito utilizando a técnica descrita na Seção 4.1, através da perturbação da rigidez de cada elemento do modelo. Com o propósito de aproximar as freqüências do modelo com as freqüências da estrutura real, cada subdomínio do modelo de EF recebeu um índice corretor de rigidez. Através dos AGs, valores ótimos destes índices foram encontrados, usando a Equação (4.4.a), de tal modo que as freqüências naturais do modelo e da estrutura real fossem ajustadas. Uma vez obtido os parâmetros corretores de rigidez, eles eram usados na correção do módulo de elasticidade do modelo antes de

proceder à identificação. O ajuste foi feito somente nas freqüências naturais. A Figura 4.19 mostra o resultado do ajuste.

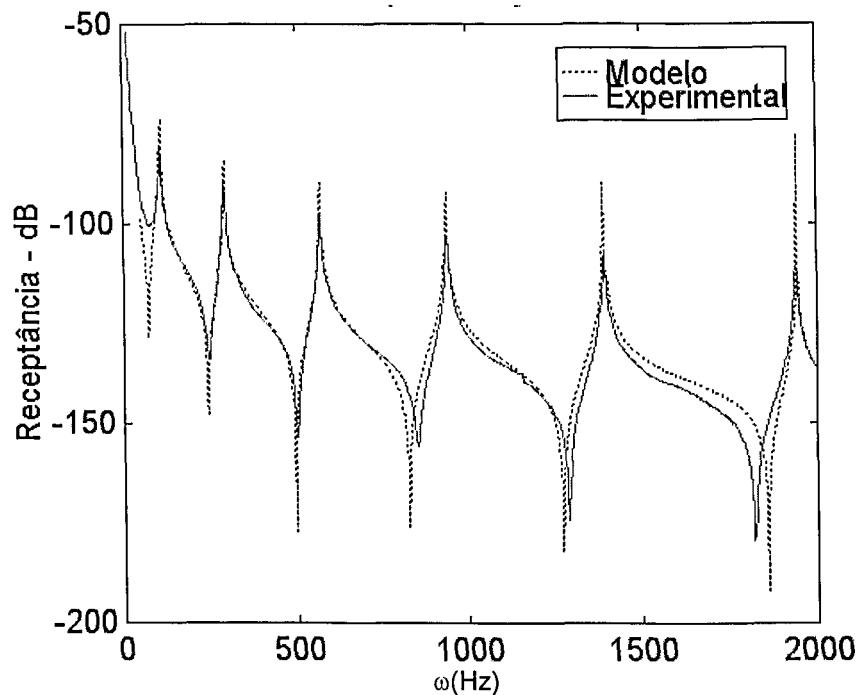


Figura 4.19 – FRF $H_{44}(\omega)$, depois do ajuste.

O ajuste foi realizado com base nos seis primeiros modos, e percebe-se que após o ajuste, as freqüências naturais do modelo coincidem exatamente com as freqüências obtidas no ensaio experimental. A Tabela 4.13 fornece os valores das freqüências, antes e depois do ajuste.

Tabela 4.13 – Valores das freqüências naturais (Hz) antes e depois do ajuste.

Modos Elásticos	Experimental	Antes do ajuste		Depois do ajuste	
		Modelo	Modelo	Modelo	Modelo
1	107,5	104,4		107,5	
2	292,5	287,6		292,5	
3	570,0	563,5		570,0	
4	937,5	930,7		937,5	
5	1395,0	1389,1		1395,0	
6	1940,0	1938,4		1940,0	

O modelo ajustado foi então utilizado para identificar a falha.

4.5.2 – Resultados obtidos

Os AGs foram utilizados para a identificação da falha com os dois níveis de severidade, com uma população de 100 indivíduos e codificação binária. Os resultados obtidos são mostrados nas Figuras 4.20 e 4.21 e na Tabela 4.14.

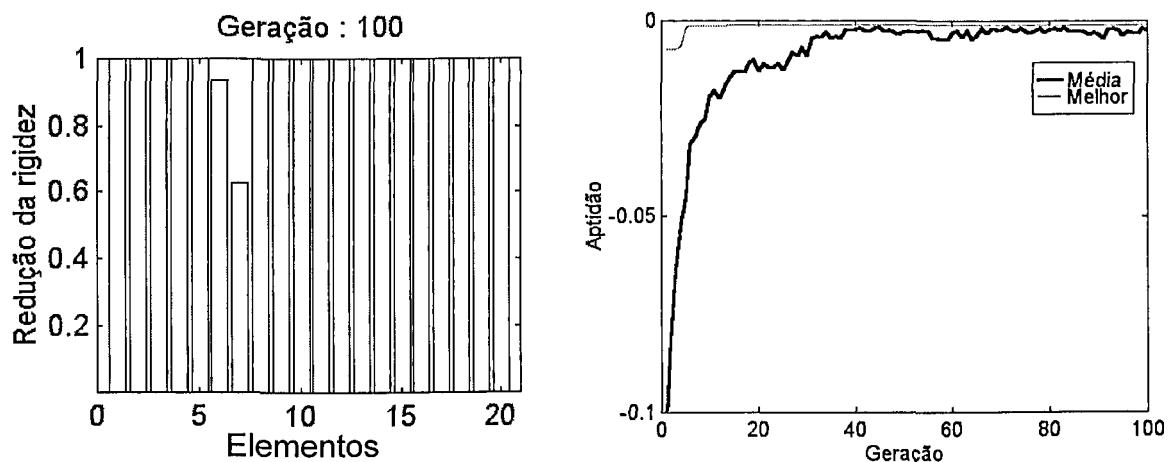


Figura 4.20 - Redução da rigidez e aptidão - falha mais severa.

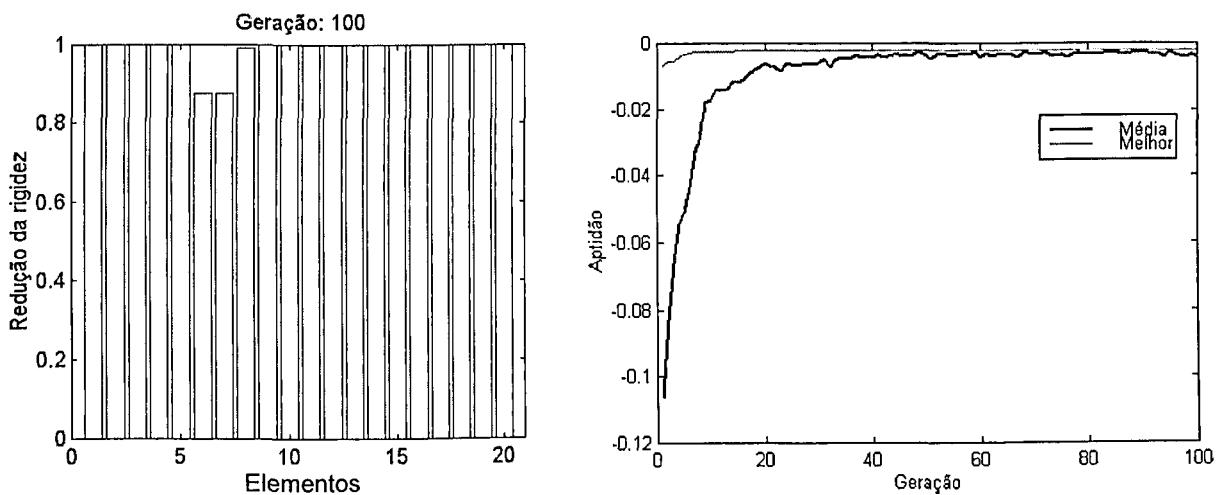


Figura 4.21 - Redução da rigidez e aptidão - falha menos severa.

Tabela 4.14 – Valores finais dos parâmetros – ensaio experimental.

Elemento	Falha mais severa		Elemento	Falha mais severa	
	Falha mais	Falha menos		Falha mais	Falha menos
1	1,00	1,00	11	1,00	1,0
2	1,00	1,00	12	1,00	1,0
3	1,00	1,00	13	1,00	1,0
4	1,00	1,00	14	1,00	1,0
5	1,00	1,00	15	1,00	1,00
6	0,93	0,87	16	1,00	1,00
7	0,62	0,87	17	1,00	1,00
8	1,00	0,99	18	1,00	1,00
9	1,00	1,00	19	1,00	1,00
10	1,00	1,00	20	1,00	0,99

Neste exemplo, não foi adotado nenhum modelo para a falha que permitisse que ela pudesse ter sua extensão determinada com precisão. O importante a ser observado é que o algoritmo foi capaz de localizar, ao menos aproximadamente, a posição da falha. Para a falha mais severa, os AGs indicaram uma redução de rigidez no sexto e no sétimo elemento, sendo que no sétimo a redução foi mais acentuada. Para a falha menos severa, tanto o sexto quanto o sétimo elemento apresentaram praticamente a mesma redução.

É ainda importante observar que os AGs foram capazes de distinguir corretamente a falha mais severa da menos severa atribuindo, à primeira, menores valores de indicadores de redução de rigidez que aqueles atribuídos à segunda.

CAPÍTULO V

IDENTIFICAÇÃO DE PARÂMETROS DE ELEMENTOS DE SUPORTE

5.1 – INTRODUÇÃO

As condições de contorno de estruturas são o resultado de restrições cinemáticas impostas por elementos de suporte, e sabe-se que elas podem influenciar, em muito, o comportamento dinâmico de sistemas mecânicos, principalmente nas baixas freqüências. Em modelos de estruturas simplificadas, assume-se condições de contorno ideais, enquanto que em estruturas reais as características do suporte são mais difíceis de obter, seja por modelagem analítica ou por medidas experimentais sob condições de operação. Tal fato tem motivado um grande número de pesquisas, objetivando a identificação das propriedades mecânicas de elementos de suporte via exploração das respostas dinâmicas do sistema, que em geral são fáceis de serem obtidas através de testes padrões.

Natke e Bem-Hain (1993) investigaram métodos de identificação baseados em modelos, explorando tanto as auto-soluções como as FRFs. Uma aproximação para a identificação de suportes não lineares explorando as FRFs foi sugerida e experimentalmente validada por Rice et al. (1986). Santos (1996), apresentou um estudo teórico e experimental para a identificação de características mecânicas de mancais em máquinas de rotação. Silva e Rade (1999) aplicaram o método do gradiente conjugado na identificação de parâmetros de elementos de suporte a partir das forças externas aplicadas à estrutura. Steffen e Assis (1999) fizeram uso de métodos híbridos de otimização, incluindo os AGs, para a identificação de parâmetros de rotores flexíveis.

Os métodos de identificação de parâmetros para sistemas lineares têm sido tão bem desenvolvidos que aplicações a quase todo tipo de situação podem ser encontradas na literatura (Söderström e Stoica, 1989). Entretanto, quando se trata de aplicações a sistemas não lineares a situação é um pouco diferente, principalmente quando os parâmetros não podem ser linearizados. No caso de sistemas não lineares em que a função objetivo

utilizada na otimização possui parâmetros que não podem ser linearizados, os AGs aparecem como uma nova opção na identificação paramétrica.

Este capítulo apresenta uma aplicação dos AGs ao problema de identificação de sistemas estruturais através da análise de respostas no domínio do tempo e no domínio da freqüência. O objetivo principal é o estudo de estruturas suportadas por elementos lineares e não lineares, com a identificação dos parâmetros de massa, rigidez e amortecimento associados aos mesmos. Admite-se que seja disponível um modelo analítico do sistema e que os únicos parâmetros desconhecidos sejam aqueles relativos aos suportes. Na primeira seção, procede-se à identificação de parâmetros de rigidez e amortecimento de suportes governados por equações não lineares. Na segunda seção, uma técnica de acoplamento de sub-estruturas é aplicada em conjunto com os AGs na identificação de parâmetros de massa e rigidez de suportes lineares.

5.2 - IDENTIFICAÇÃO DE PARÂMETROS DE ELEMENTOS DE SUPORTE LINEARES A PARTIR DE RESPOSTAS TEMPORAIS

Esta seção apresenta exemplos de simulações numéricas em uma estrutura simples, constituída de um sistema discreto de 6 gdl, ilustrado na Figura 5.1, que já foi utilizado por vários pesquisadores em identificação de sistemas (Kammer 1988), (Schultz e Inman 1994).

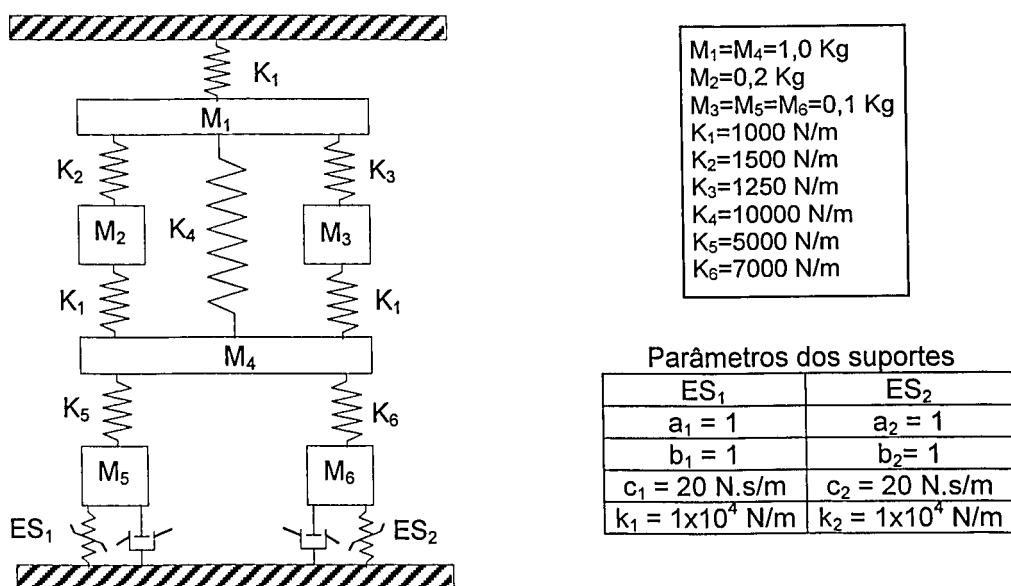


Figura 5.1 – Sistema de 6 gdl simulado nos testes de identificação.

Os elementos de suporte, indicados por ES_1 e ES_2 na Figura 5.1, foram modelados como sistemas de 1 grau de liberdade, com massa desprezível, cuja equação do movimento é dada por:

$$c_j \ddot{x}_j(t) + k_j \dot{x}_j(t) = F_j(t)_{ES} \quad j = 1, 2 \quad (5.1)$$

onde $F_j(t)_{ES}$ é a força total exercida pela estrutura principal sobre o suporte e a_j , b_j , c_j e k_j constituem os parâmetros a serem identificados. Os valores exatos destes parâmetros são indicados na Figura 5.1.

Para a identificação, foi adotado o seguinte procedimento:

a) as respostas temporais do sistema com os valores exatos dos parâmetros a um conjunto de forças excitadoras foram calculadas empregando uma técnica de integração passo-a-passo da família Newmark. Estas respostas foram então associadas às respostas "experimentais";

b) na identificação, utilizando os AGs, os parâmetros incógnitos a_j , b_j , c_j e k_j ($j = 1, 2$) constituem os indivíduos da população. Para avaliação dos índices de aptidão, os valores dos parâmetros incógnitos são alterados e as respostas temporais do modelo são recalculadas pela técnica de Newmark.

A determinação dos parâmetros ótimos é feita minimizando-se o erro entre as respostas "experimentais" e as correspondentes respostas do modelo. A função erro utilizada foi o erro médio quadrático normalizado ou EMQ, definido segundo:

$$EMQ = \sum_{j=1}^c \left\{ \frac{100}{N \cdot \sigma_y^2} \sum_{i=1}^N [y_j(t_i) - \hat{y}_j(t_i)]^2 \right\} \quad (5.2)$$

onde $y_j(t)$ e $\hat{y}_j(t)$ designam, respectivamente as respostas "experimentais" e do modelo, no instante $t=t_i$, c é o número de coordenadas nas quais as respostas são observadas, N é o número de pontos temporais, σ_y^2 é a variância da resposta temporal experimental.

Sabendo-se que na aquisição prática de dados experimentais o efeito do ruído no sistema é inevitável, é utilizado um modelo com o objetivo de adicionar perturbações aleatórias às respostas simuladas. Os ruídos foram gerados e introduzidos nas respostas através da seguinte relação:

$$\tilde{y}_i(t_j) = y_i(t_j) \cdot (1 + r_j e_j) \quad i = 1, 2, \dots, c \quad e \quad j = 1, 2, \dots, N, \quad (5.3)$$

com:

$$e_j = \frac{e_{\max} - e_{\min}}{|y_i|_{\max}} (|y_i|_{\max} - |y_i(t_j)|) + e_{\min} \quad (5.4)$$

onde:

c é a quantidade de graus de liberdade instrumentados;

N é o número de pontos nas séries temporais;

$y_i(t_j)$ é a resposta simulada, sem ruído, no i -ésimo sensor, no instante t_j ;

$\tilde{y}_i(t_j)$ é a resposta contaminada pelo ruído no i -ésimo sensor, no instante t_j ;

r_j é um número real aleatório, com distribuição uniforme, pertencente ao intervalo $[-1, 1]$;

$|y_i|_{\max}$ é a amplitude máxima da resposta no intervalo de tempo considerado;

e_{\max} e e_{\min} são respectivamente os valores máximo e mínimo dos erros aleatórios, a serem definidos pelo usuário.

A Figura 5.2 ilustra o modelo de ruído utilizado.

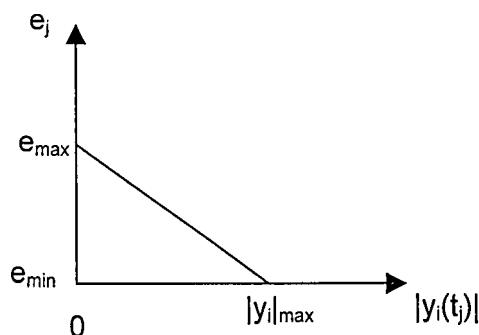


Figura 5.2 – Modelo do ruído utilizado para perturbar as séries temporais.

De acordo com o modelo utilizado, são atribuídos erros percentuais mais elevados às menores amplitudes das respostas.

A resposta temporal utilizada na função erro (5.1) foi a aceleração, obtida através de um integrador do tipo Newmark. A excitação, Figura 5.3, é uma sequência aleatória de 400 pontos, com média 0, variância 1, RMS 150 N e tempo de amostragem de 1s, aplicada à coordenada 4 do sistema ilustrado na Figura 5.1. A taxa de amostragem empregada foi $\Delta t=2,5 \times 10^{-3}$ s. As respostas em aceleração foram colhidas nas coordenadas 4, 5 e 6 do sistema.

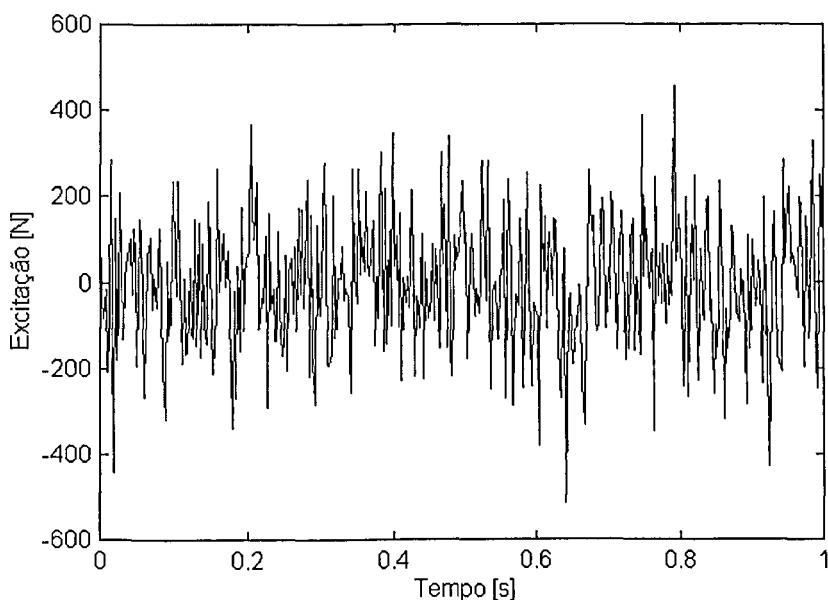


Figura 5.3 – Excitação usada na identificação de parâmetros lineares.

Foram considerados três casos de identificação. No primeiro, os dados simulados não continham ruído. No segundo caso os valores máximo e mínimo dos erros aleatórios utilizados foram: $e_{\max} = 2\%$ e $e_{\min} = 0.5\%$. No último caso os erros foram: $e_{\max} = 10\%$ e $e_{\min} = 2\%$.

Os AGs foram empregados com uma população de 100 indivíduos, probabilidade de cruzamento de 90% e probabilidade de mutação de 1%.

A Tabela 5.1 mostra os resultados obtidos, em comparação com os valores exatos.

Tabela 5.1 – Resultados da identificação de elementos de suporte lineares.

1º Caso (Sem ruído)				
	k_1 [N/m]	k_2 [N/m]	c_1 [N.s/m]	c_2 [N.s/m]
Identificado	$9,9994 \times 10^3$	$9,9976 \times 10^3$	20,0766	19,9655
Erro (%)	0,05606	0,02433	0,38	0,17
2º Caso (Ruído: entre 0,5 % e 2,0 %)				
	k_1 [N/m]	k_2 [N/m]	c_1 [N.s/m]	c_2 [N.s/m]
Identificado	$9,9985 \times 10^3$	$9,9974 \times 10^3$	20,0207	19,9084
Erro (%)	0,0151	0,0258	0,1	0,46
3º Caso (Ruído: entre 2,0 % e 10,0 %)				
	k_1 [N/m]	k_2 [N/m]	c_1 [N.s/m]	c_2 [N.s/m]
Identificado	$1,0058 \times 10^4$	$9,9984 \times 10^3$	20,1552	20,6562
Erro (%)	0,058	0,0159	0,78	3,28

Uma característica importante no estudo de problemas de identificação é a sensibilidade das respostas dinâmicas em relação aos parâmetros incógnitos. Uma maior sensibilidade geralmente significa que as respostas dinâmicas contém informações que possibilitam a identificação dos parâmetros, ao passo que a pequena sensibilidade indica a inobservabilidade dos parâmetros a partir das respostas dinâmicas.

Nos exemplos em estudo, as sensibilidades foram calculadas através da expressão:

$$S(p) = \lim_{\Delta p \rightarrow 0} \frac{\Delta r}{\Delta p} \quad (5.5)$$

onde Δr representa a diferença entre as respostas “experimentais” e do modelo. Esta diferença é dada em termos da média da resposta em aceleração colhida dividida pela sua norma. Para cada parâmetro é calculado um valor de sensibilidade, verificando a influência do parâmetro quando este é perturbado, enquanto os demais permanecem constantes. Δp representa a diferença entre os parâmetros sem perturbações e o parâmetro perturbado.

As sensibilidades obtidas são apresentadas juntamente com os demais resultados a seguir. Os valores mostrados são os correspondentes ao melhor indivíduo da população dos AGs.

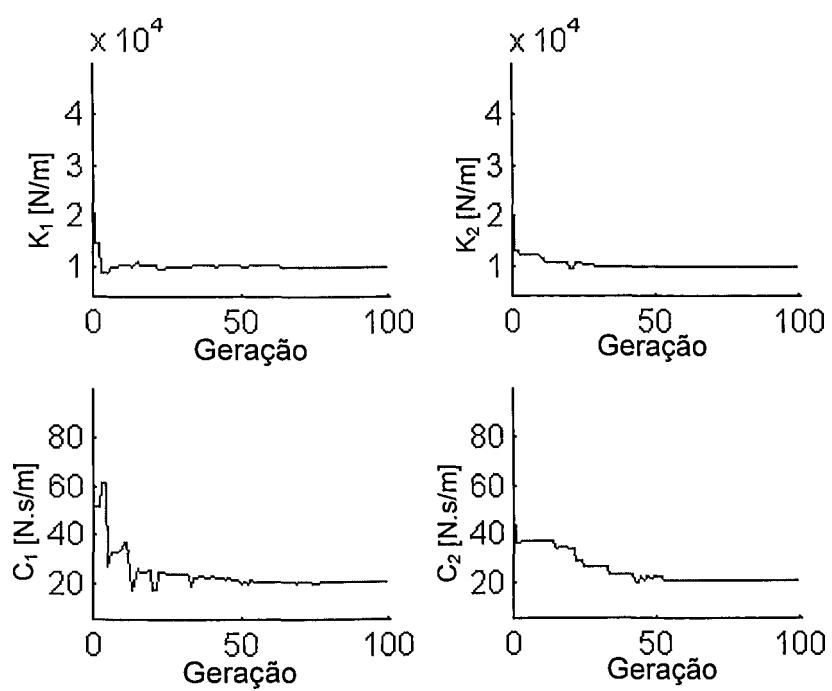


Figura 5.4 – Evolução dos parâmetros do suporte linear para o 1º caso.

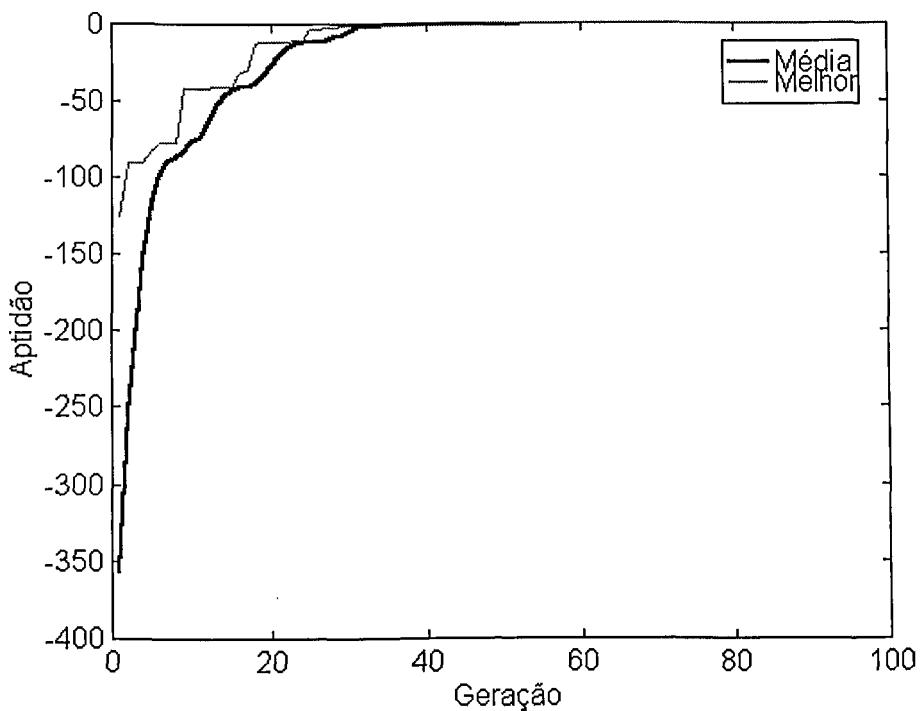


Figura 5.5 – Evolução da aptidão dos indivíduos para o 1º caso.

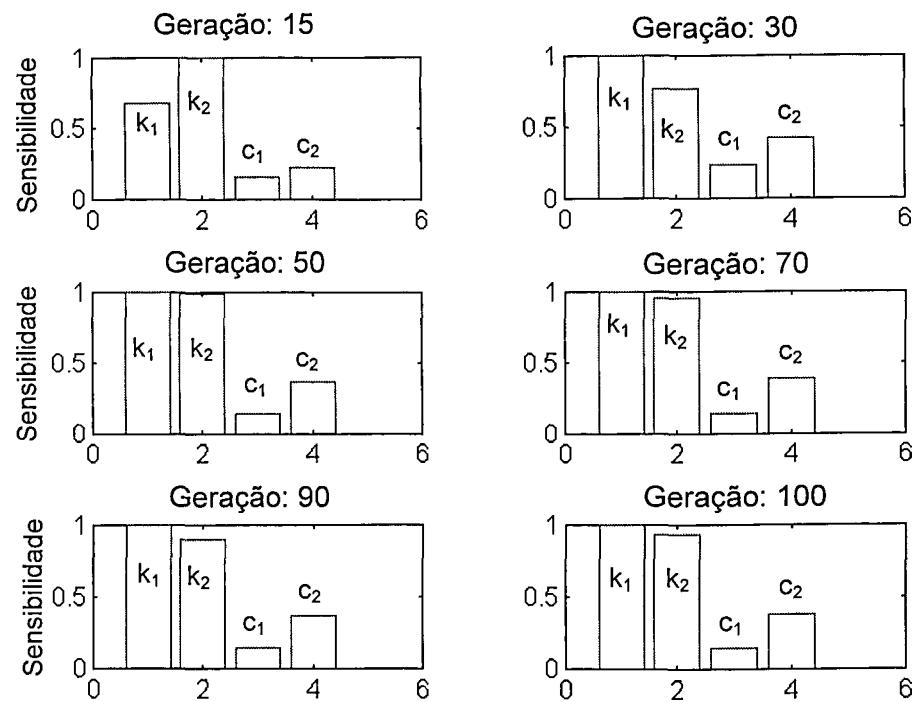


Figura 5.6 – Sensibilidades dos parâmetros ao longo das gerações, para o 1º caso.

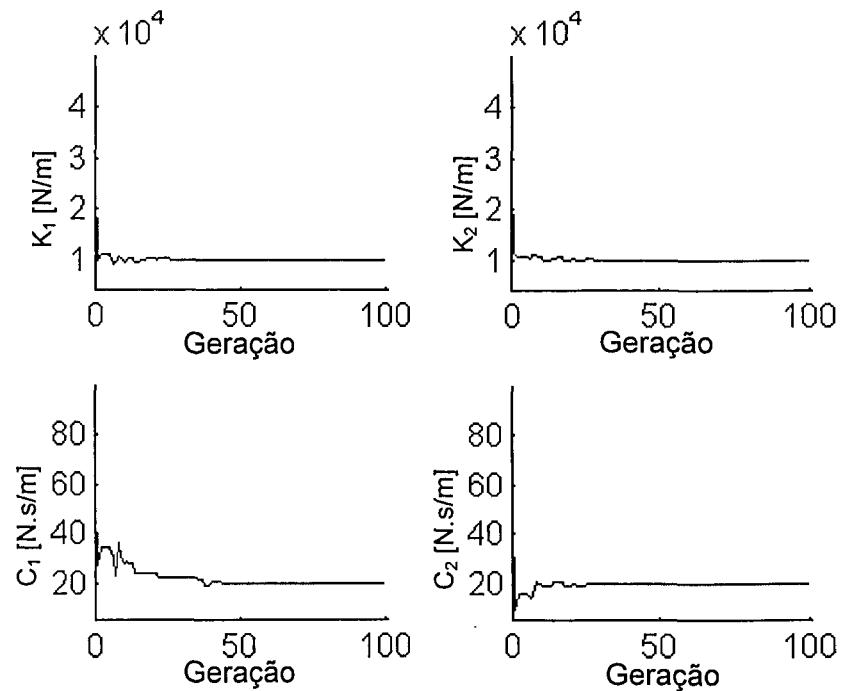


Figura 5.7 – Evolução dos parâmetros para o 2º caso.

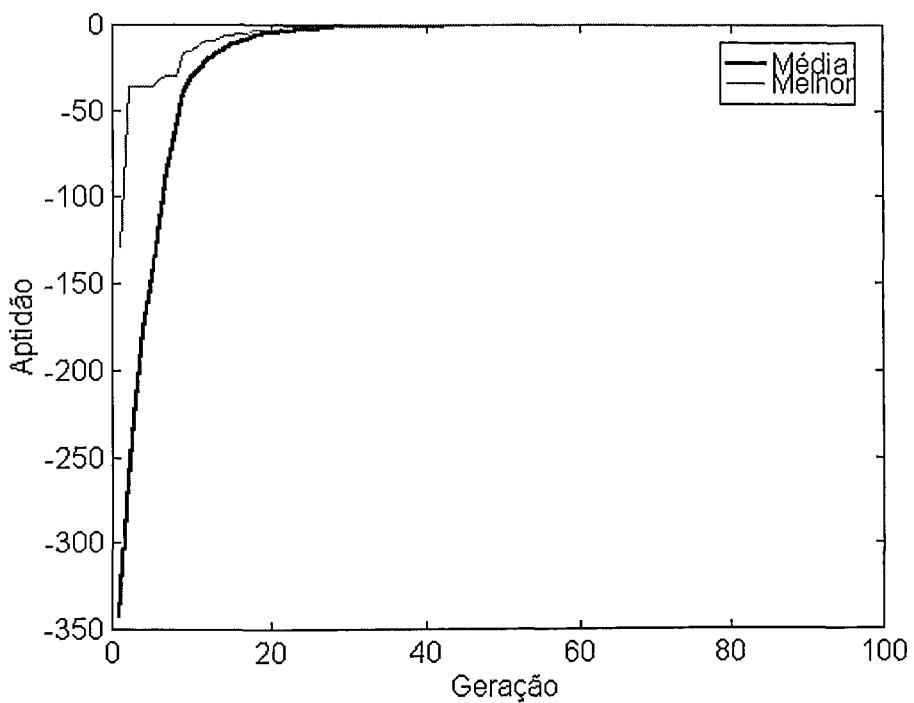


Figura 5.8 – Evolução da aptidão dos indivíduos, para o 2º caso.

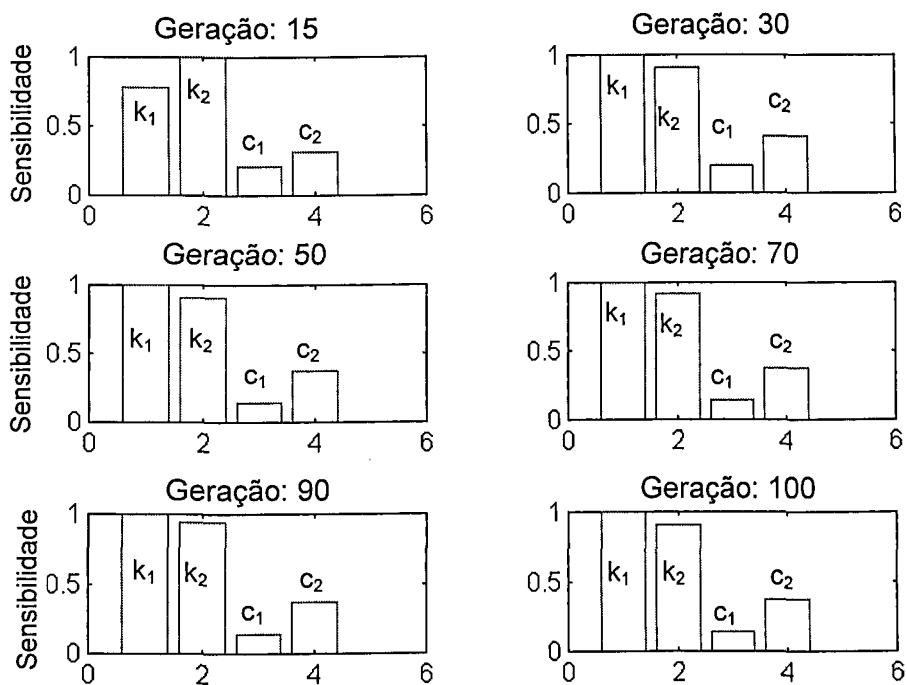


Figura 5.9 – Sensibilidade dos parâmetros ao longo das gerações para o 2º caso.

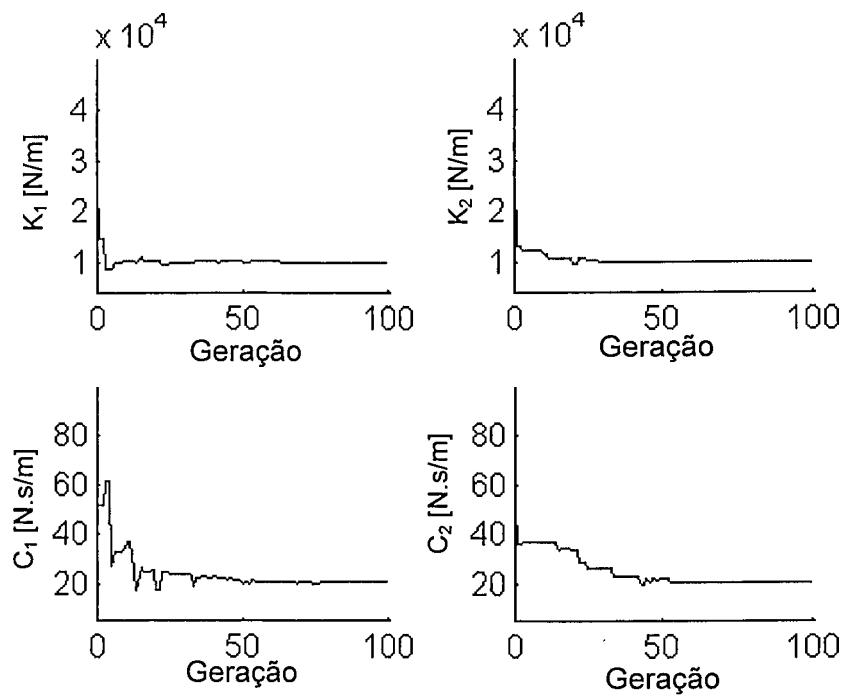


Figura 5.10 - Evolução dos parâmetros do suporte linear para o 3º caso.

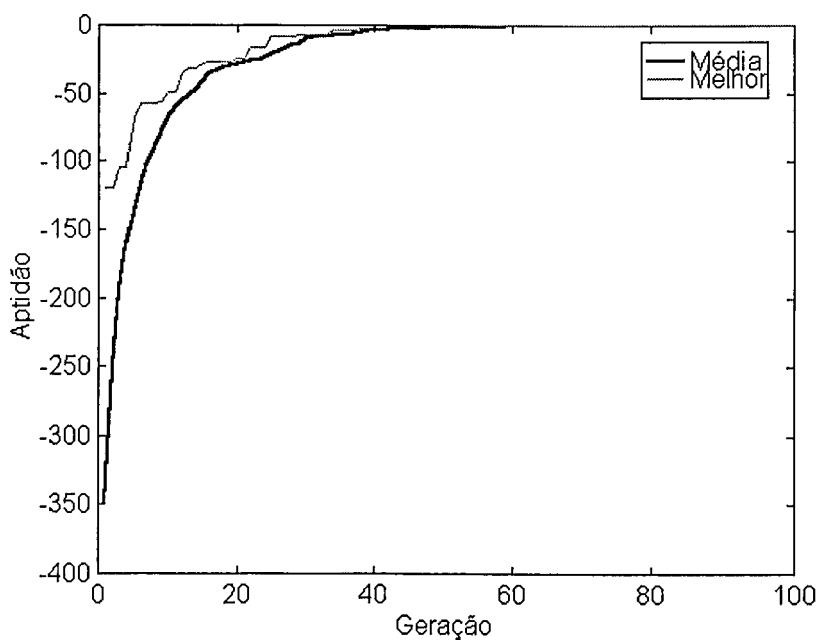


Figura 5.11 – Evolução da aptidão dos indivíduos para o 3º caso.

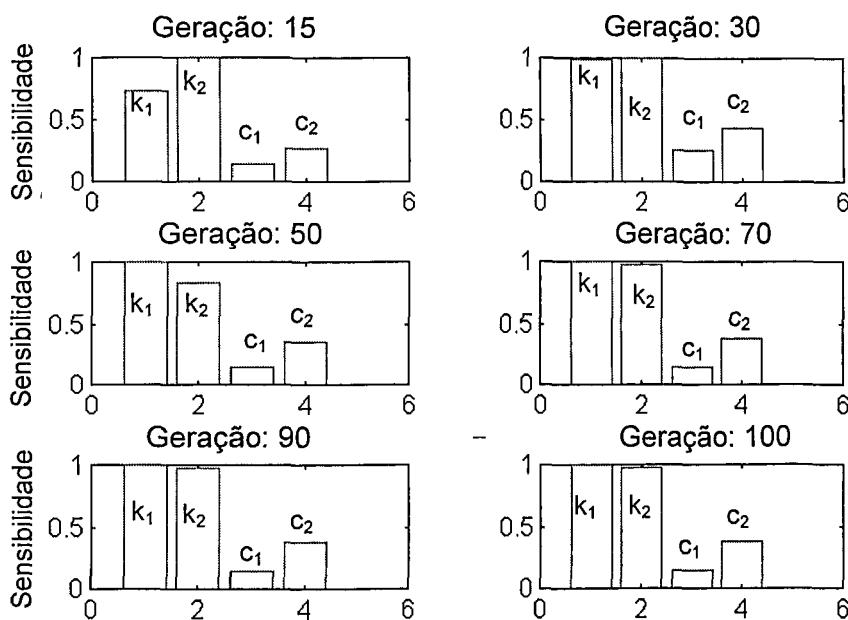


Figura 5.12 – Sensibilidade dos parâmetros ao longo das gerações para o 3º caso.

Os resultados obtidos mostram a eficiência dos AGs na identificação de parâmetros de sistemas lineares. Pode ser visto que, mesmo na presença de ruído os parâmetros identificados foram determinados com erros bastante pequenos, mostrando a robustez dos AGs. As Figuras 5.6, 5.9 e 5.12 mostram que foram poucas as mudanças na sensibilidade dos parâmetros durante o processo evolutivo. Isto pode ser explicado pela linearidade envolvida nas equações, o que facilita a identificação. Pode-se notar que os amortecimentos foram os parâmetros que apresentaram menores sensibilidades, o que explica maiores erros percentuais sobre os valores identificados destes parâmetros, quando comparados aos parâmetros de rigidez. Para os casos com ruído a sensibilidade de C_2 é maior que a de C_1 , que deveria indicar para C_2 um erro menor. Isto porém não é visto na Tabela 5.1. No entanto a sensibilidade não é uma condição única para a convergência dos parâmetros, e também deve ser levado em conta que esta sensibilidade foi calculada por diferenças finitas, o que conduz a alguns erros que resultam neste fato.

As figuras a seguir mostram as resposta em aceleração obtidas com os valores identificados e com os valores exatos.

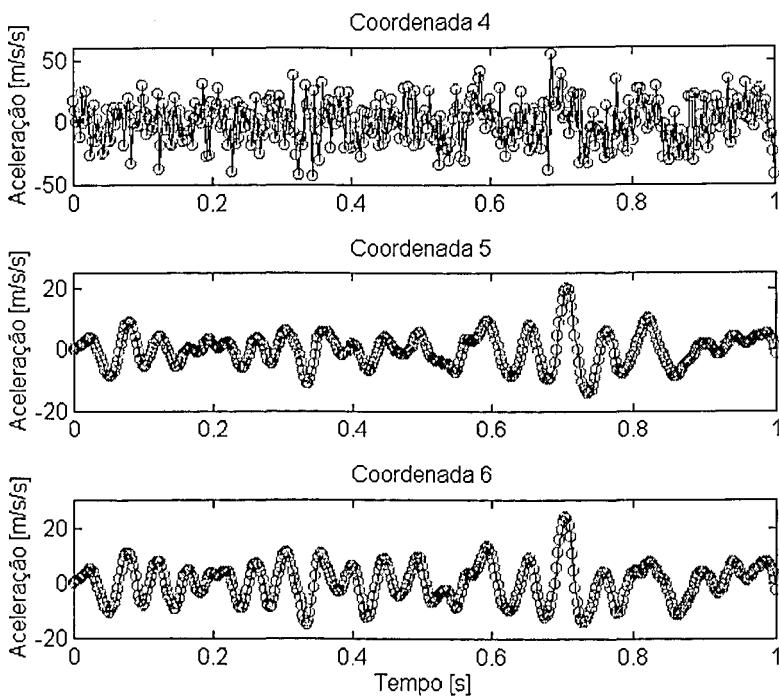


Figura 5.13 – Resposta nas coordenadas 4, 5 e 6 para o 1º caso.

— resposta do sistema exato ; o—o resposta do sistema com os parâmetros identificados.

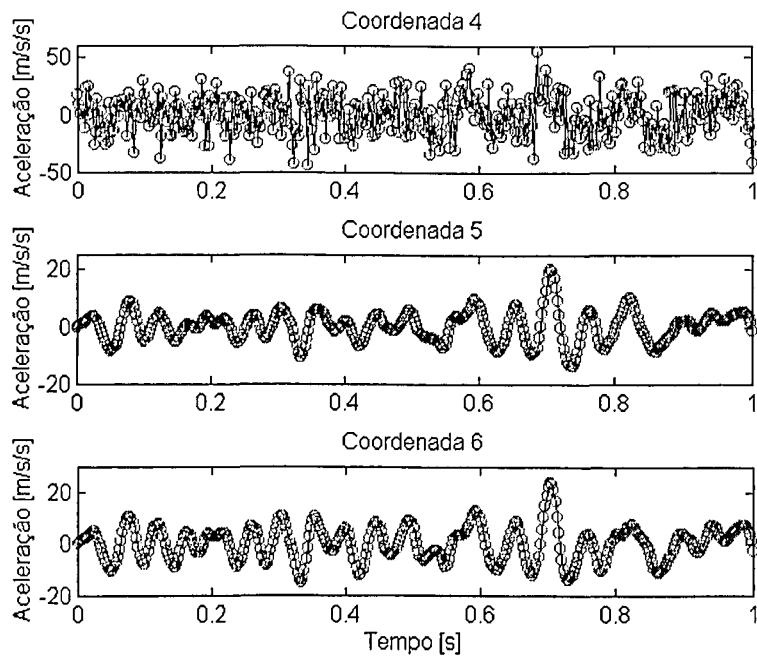


Figura 5.14 – Resposta nas coordenadas 4, 5 e 6 para o 3º caso.

— resposta do sistema exato ; o—o resposta do sistema com os parâmetros identificados.

Na Figura 5.13 é mostrado o caso sem ruído, e na Figura 5.14 o terceiro caso, com maior nível de ruído. Em ambas as figuras não se consegue ver diferença apreciável entre as curvas traçadas com os parâmetros exatos e as curvas traçadas com os parâmetros identificados. Tal fato já era esperado, visto que os erros finais de identificação foram bastante pequenos.

5.3 – IDENTIFICAÇÃO DE PARÂMETROS DE ELEMENTOS DE SUPORTE NÃO LINEARES A PARTIR DE RESPOSTAS TEMPORAIS

A identificação dos parâmetros de rigidez e amortecimento de elementos de suporte não lineares foi feita utilizando-se o modelo de 11 gdl da Figura 5.15. O modelo foi excitado por uma força impulsiva, mostrada na Figura 5.16, aplicada à massa 1, com taxa de amostragem $\Delta t=2,5 \times 10^{-4}$ s. A resposta foi colhida nas coordenadas 1, 3, 5, 9, 10 e 11.

Foi estabelecido que os graus de não linearidade associados ao amortecimento e à rigidez (ver Equação (5.1)) seriam quadrático e cúbico, respectivamente. Os valores exatos a serem determinados são apresentados na Figura 5.15.

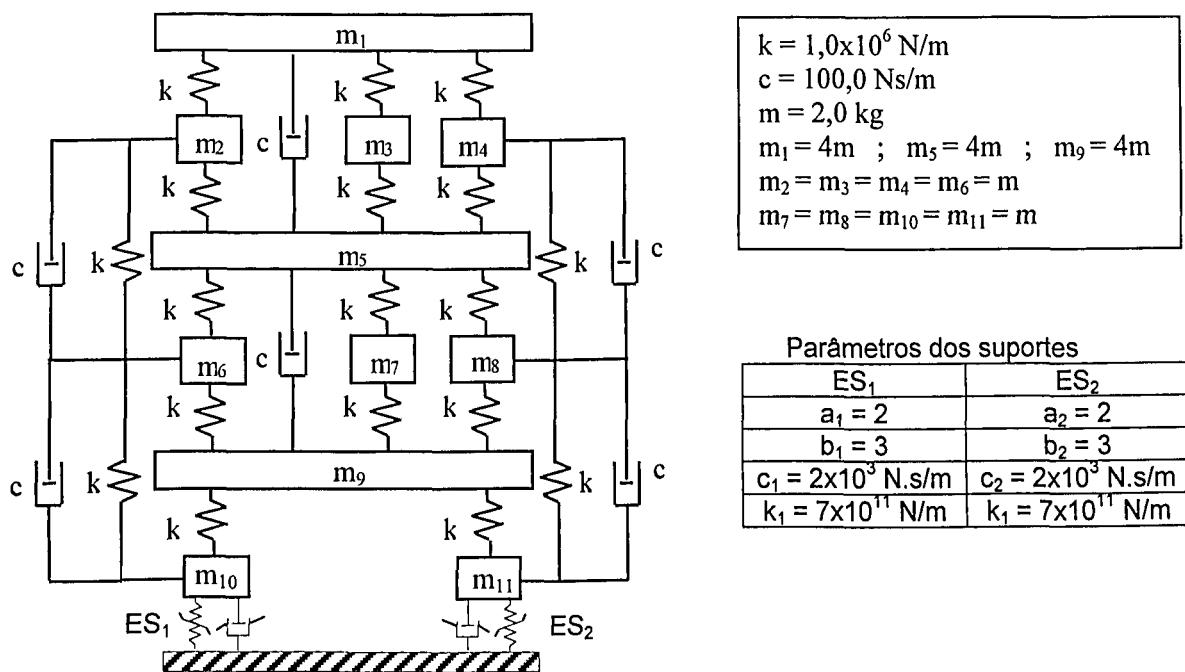


Figura 5.15 – Sistema de 11 gdl simulado nos testes de identificação.

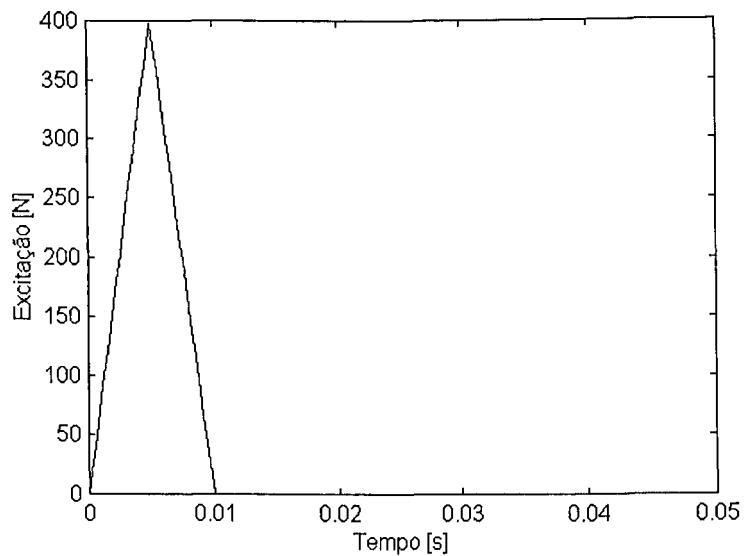


Figura 5.16 – Excitação usada na identificação não linear.

Os parâmetros a e b foram tratados como uma mesma variável para os dois suportes. Os procedimentos de obtenção das respostas dinâmicas e de avaliação da função objetivo, dada por (5.2), foram aqueles já detalhados na Seção anterior. Os parâmetros dos AGs foram: população de 150 indivíduos; as probabilidade de cruzamento e de mutação foram as mesmas da identificação linear para o caso com ruído, sendo que para o caso sem ruído a probabilidade de mutação foi alterada para 3%. Os resultados obtidos são mostrados nas figuras e tabela abaixo:

Tabela 5.2 – Resultados da identificação de elementos de suporte não lineares.

1º Caso (Sem ruído)					
	K_1 [N/m]	K_2 [N/m]	C_1 [N.s/m]	C_2 [N.s/m]	$a_1=a_2$
Identif.	$7,33 \times 10^{11}$	$7,33 \times 10^{11}$	2088,89	2079,54	2,02
Erro (%)	4,74	4,78	4,44	3,98	0,99
2º Caso (Ruído: entre 0,5 % e 2,0 %)					
	K_1 [N/m]	K_2 [N/m]	C_1 [N.s/m]	C_2 [N.s/m]	$a_1=a_2$
Identif.	$6,63 \times 10^{11}$	$6,25 \times 10^{11}$	2303,86	2246,88	2,06
Erro (%)	5,36	10,72	15,19	12,34	3,02

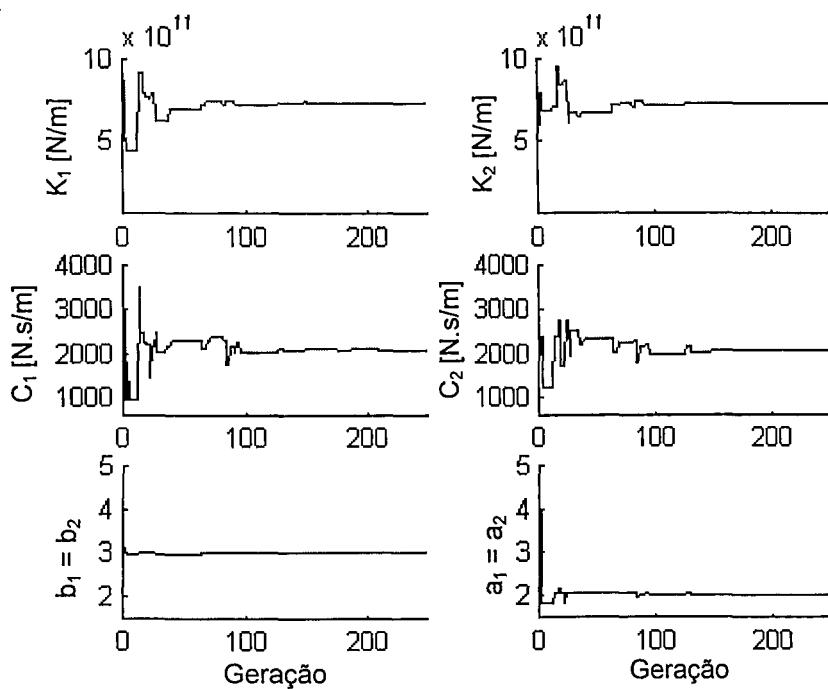


Figura 5.17 - Evolução dos parâmetros – simulação sem ruído.

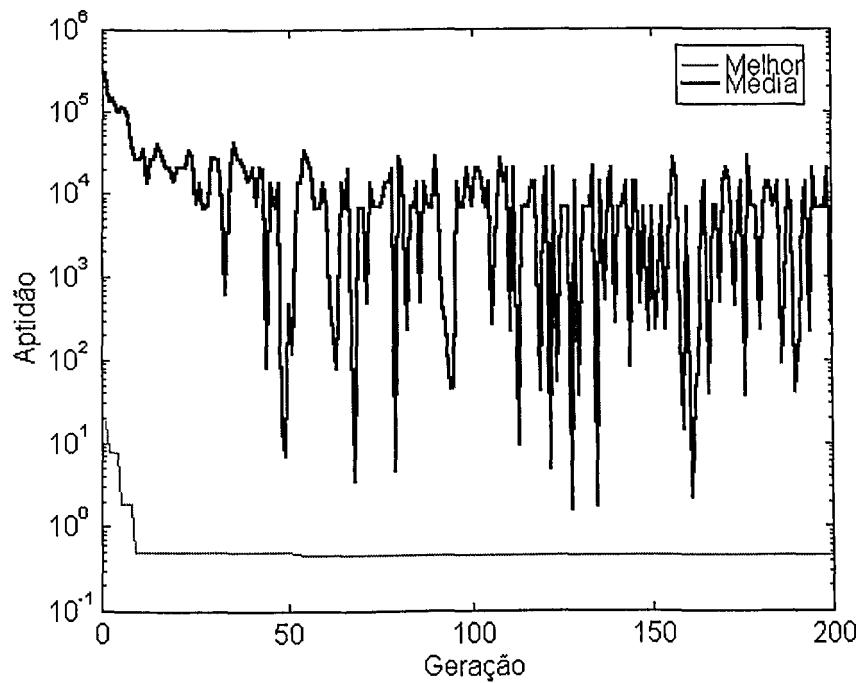


Figura 5.18 – Evolução do índice de aptidão dos indivíduos – simulação sem ruído.

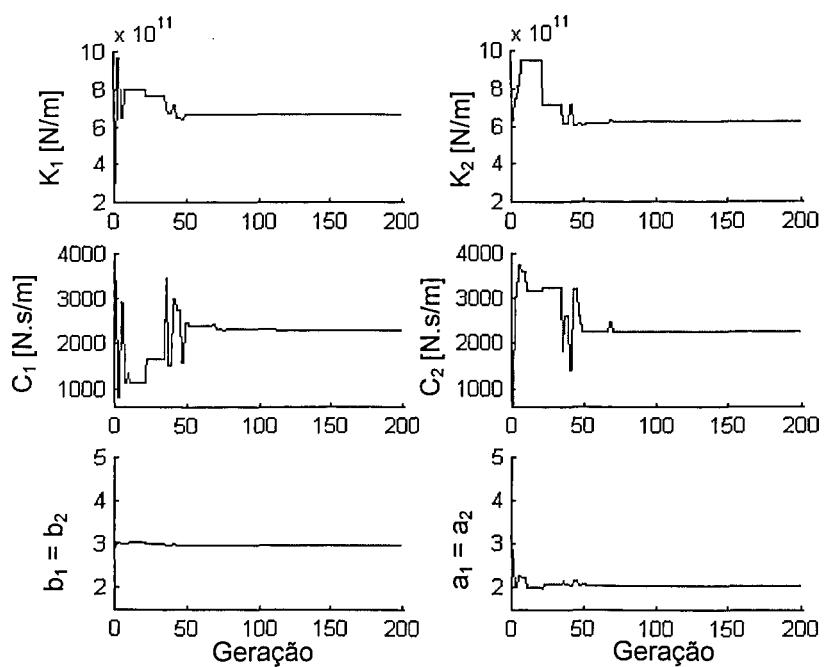


Figura 5.19 - Evolução dos parâmetros do suporte não linear – simulação com ruído.

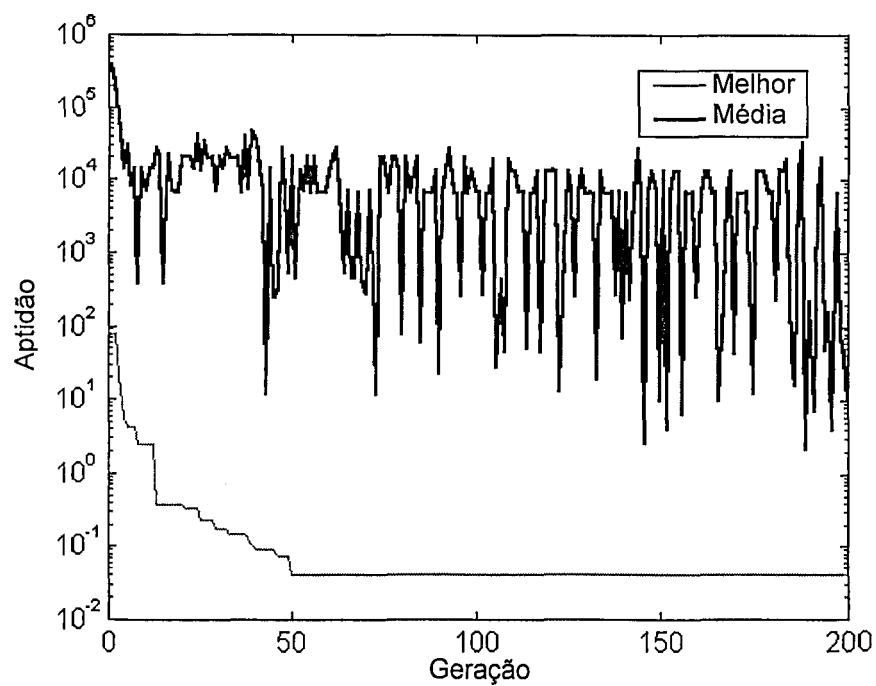


Figura 5.20 – Evolução do índice de aptidão dos indivíduos – simulação com ruído.

Os resultados revelam que para a situação sem ruído, os parâmetros são identificados com uma margem de erro razoável (menores que 5%). Os parâmetros a e b , que indicam as não linearidades, são os parâmetros que convergem mais rapidamente (Figuras 5.17 e 5.19) e com uma maior precisão. Para o caso com ruído, os AGs não conseguiram resultados com erros menores que o mostrado na Tabela 5.2. Uma possível explicação é que estes erros podem estar associados à relativa insensibilidade das respostas dinâmicas em relação aos parâmetros envolvidos. Este fato é comprovado pelas Figuras 5.21 e 5.22 que mostram as acelerações do modelo exato e identificado. Mesmo com a margem de erro na identificação, as curvas calculadas com os parâmetros exatos e as calculadas com os parâmetros identificados são praticamente coincidentes, tornando mais difícil o processo de identificação.

De modo geral, a identificação de parâmetros de suporte não lineares revelou-se mais difícil, resultando em erros de identificação mais elevados, em relação à identificação dos suportes lineares.

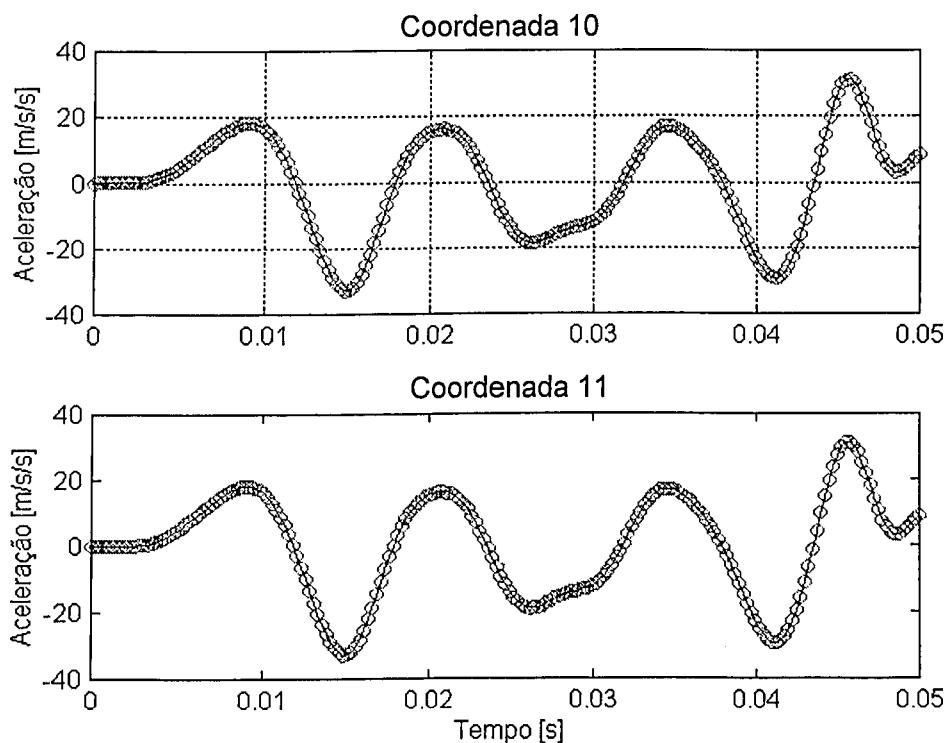


Figura 5.21 – Resposta nas coordenadas 10 e 11 para o 1º caso.

— resposta do sistema exato ; o—o resposta do sistema com os parâmetros identificados.

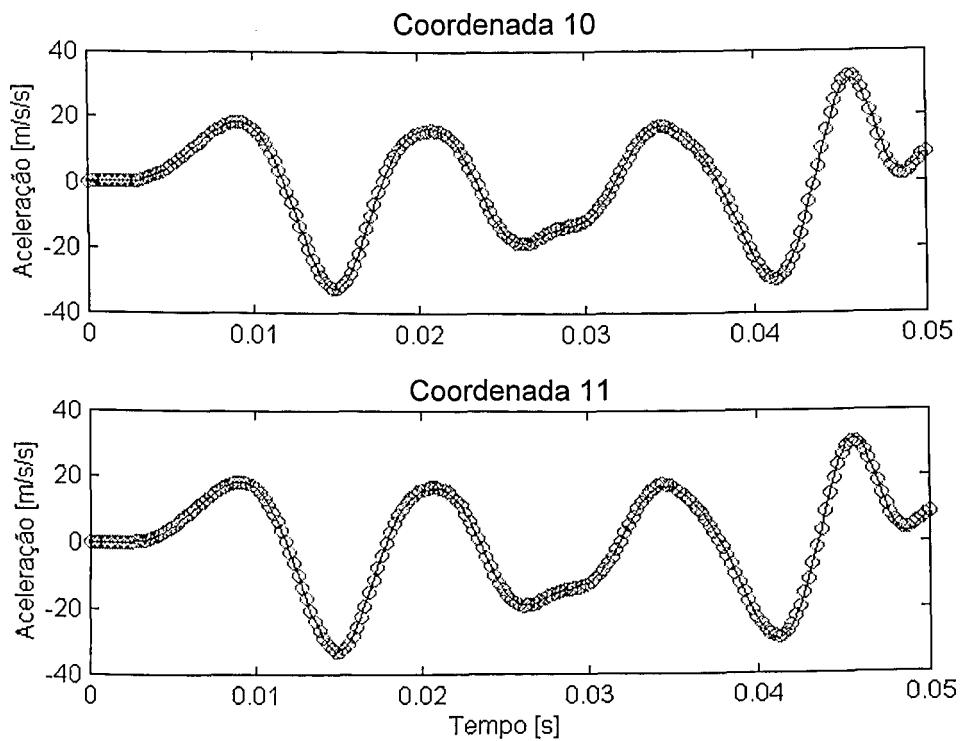


Figura 5.22 – Resposta nas coordenadas 10 e 11 para o 2º caso.

— resposta do sistema exato ; o—o resposta do sistema com os parâmetros identificados.

5.4 - IDENTIFICAÇÃO DE PARÂMETROS DE ELEMENTOS DE SUPORTE LINEARES UTILIZANDO ACOPLAMENTO DE SUB-ESTRUTURAS BASEADO EM FRFs

Esta seção apresenta uma metodologia para a identificação de parâmetros de elementos de suporte, que utiliza uma técnica de acoplamento de sub-estruturas baseada na exploração de funções resposta em freqüência. Segundo esta técnica, as FRFs da estrutura composta são calculadas a partir das FRFs da estrutura primária com condições de contorno livres e de expressões teóricas das FRFs dos elementos de suporte, o que diminui o tempo de cálculo, uma vez que toda a reanálise é feita baseada apenas nas expressões dos elementos de suporte. Uma outra característica importante é de que as FRFs na estrutura primária podem ser obtidas tanto experimentalmente quanto a partir de um modelo analítico. No primeiro caso evitam-se as imprecisões de modelagem.

Esta técnica foi usada recentemente por Rade e Steffen (1999) para a seleção de parâmetros ótimos de absorvedores dinâmicos de vibração. A análise foi feita apenas na

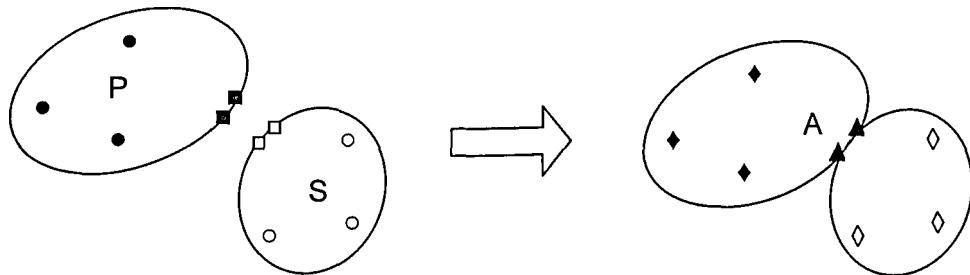
banda de freqüência de atuação dos absorvedores, de tal forma que a eficiência destes dispositivos pudesse ser garantida naquela região de interesse.

Neste trabalho, os AGs são usados para a identificação dos parâmetros do suporte. A análise é feita com base nas freqüências naturais e de anti-resonância da estrutura composta, que são expressas em termos dos parâmetros do suporte. A primeira parte a seguir é dedicada a uma breve descrição da técnica de acoplamento de subestruturas, seguida de aplicações numéricas mostrando a eficiência da metodologia.

5.4.1- Técnica de Acoplamento de Sub-estruturas

A seguir é apresentada a formulação básica da técnica de acoplamento de sub-estruturas através de FRFs (Otte et al., 1991).

A técnica objetiva a determinação das FRFs de uma estrutura (A), construída a partir do acoplamento de duas sub-estruturas, denominadas primária (P) e secundária (S), a partir das FRFs destas duas sub-estruturas, como ilustrado na Figura 5.23.



NOTAÇÃO

● : coordenadas livres de P $\{X_P\}_R$

○ : coordenadas livres de S $\{X_S\}_T$

■ : coordenadas acopladas de P $\{X_P\}_C$

□ : coordenadas acopladas de S $\{X_S\}_C$

◆ : coordenadas livres de A $\{X_A\}_R$

◊ : coordenadas livres de A $\{X_A\}_T$

▲ : coordenadas acopladas de A $\{X_A\}_C$

Figura 5.23 – Acoplamento das sub-estruturas.

Para cada configuração acima tem-se as suas relações de flexibilidade dinâmica:

$$\{X_P(\omega)\} = [H_P(\omega)]\{F_P\} \quad (5.6)$$

$$\{X_S(\omega)\} = [H_S(\omega)]\{F_S\} \quad (5.7)$$

$$\{X_A(\omega)\} = [H_A(\omega)]\{F_A\}, \quad (5.8)$$

onde:

$\{X_P\}$: vetor das amplitudes das respostas harmônicas de P;

$\{X_S\}$: vetor das amplitudes das respostas harmônicas de S;

$\{X_A\}$: vetor das amplitudes das respostas harmônicas de A;

$\{F_P\}$: vetor das amplitudes das forças de excitação harmônica de P;

$\{F_S\}$: vetor das amplitudes das forças de excitação harmônica de S;

$\{F_A\}$: vetor das amplitudes das forças de excitação harmônica de A;

$[H_P(\omega)]$: matriz das FRFs de P;

$[H_S(\omega)]$: matriz das FRFs de S;

$[H_A(\omega)]$: matriz das FRFs de A.

As equações de (5.6) a (5.8) podem ser escritas de uma forma diferente levando-se em conta o particionamento das coordenadas descritas na Figura 5.23:

$$\begin{Bmatrix} \{X_P(\omega)\}_R \\ \{X_P(\omega)\}_C \end{Bmatrix} = \begin{bmatrix} [H_P(\omega)]_{RR} & [H_P(\omega)]_{RC} \\ [H_P(\omega)]_{CR} & [H_P(\omega)]_{CC} \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} \{F_P\}_R \\ \{F_P\}_C \end{Bmatrix} \quad (5.9)$$

$$\begin{Bmatrix} \{X_S(\omega)\}_C \\ \{X_S(\omega)\}_T \end{Bmatrix} = \begin{bmatrix} [H_S(\omega)]_{CC} & [H_S(\omega)]_{CT} \\ [H_S(\omega)]_{TC} & [H_S(\omega)]_{TT} \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} \{F_S\}_C \\ \{F_S\}_T \end{Bmatrix} \quad (5.10)$$

$$\begin{Bmatrix} \{X_A(\omega)\}_R \\ \{X_A(\omega)\}_C \\ \{X_A(\omega)\}_T \end{Bmatrix} = \begin{bmatrix} [H_A(\omega)]_{RR} & [H_A(\omega)]_{RC} & [H_A(\omega)]_{RT} \\ [H_A(\omega)]_{CR} & [H_A(\omega)]_{CC} & [H_A(\omega)]_{CT} \\ [H_A(\omega)]_{TR} & [H_A(\omega)]_{TC} & [H_A(\omega)]_{TT} \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} \{F_A\}_R \\ \{F_A\}_C \\ \{F_A\}_T \end{Bmatrix} \quad (5.11)$$

Com o objetivo de obter as matrizes de FRFs da estrutura acoplada, é imposto o equilíbrio das forças à compatibilidade de deslocamentos nas coordenadas acopladas, segundo:

$$\{F_P\}_C + \{F_S\}_C = \{F_A\}_C \quad (5.12)$$

$$\{X_P(\omega)\}_C = \{X_S(\omega)\}_C = \{X_A(\omega)\}_C \quad (5.13)$$

Como resultado, as sub-matrizes de FRFs que aparecem em (5.11) são expressas sob a forma (para simplificação, a dependência em relação a ω é omitida no que segue):

$$[H_A]_{RR} = [H_P]_{RR} - [H_P]_{RC} ([H_P]_{CC} + [H_S]_{CC})^{-1} [H_P]_{CR}. \quad (5.14)$$

$$[H_A]_{RC} = [H_A]_{CR}^T = [H_P]_{RC} ([H_P]_{CC} + [H_S]_{CC})^{-1} [H_S]_{CC} \quad (5.15)$$

$$[H_A]_{RT} = [H_A]_{TR}^T = [H_P]_{RC} ([H_P]_{CC} + [H_S]_{CC})^{-1} [H_S]_{CT} \quad (5.16)$$

$$[H_A]_{CC} = [H_P]_{CC} ([H_P]_{CC} + [H_S]_{CC})^{-1} [H_S]_{CC} \quad (5.17)$$

$$[H_A]_{CT} = [H_A]_{TC}^T = [H_P]_{CC} ([H_P]_{CC} + [H_S]_{CC})^{-1} [H_S]_{CT} \quad (5.18)$$

$$[H_A]_{TT} = [H_S]_{TT} - [H_S]_{TC} ([H_P]_{CC} + [H_S]_{CC})^{-1} [H_S]_{CT} \quad (5.19)$$

onde o símbolo $[]^T$ indica transposição matricial.

Dentro do contexto examinado, a estrutura secundária é constituída pelos elementos de suporte, modelados como sistemas não amortecidos de 1gdl, conforme ilustrado na Figura 5.24:

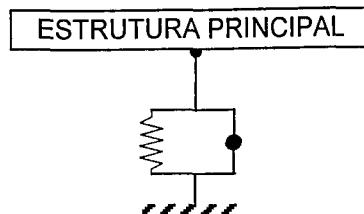


Figura 5.24 – Modelo do suporte.

A receptância correspondente ao ponto de suporte é dada por:

$$[H_S(\omega)] = \frac{1}{k - m\omega^2} \quad (5.20)$$

Sendo assim:

$$[H_s(\omega)]_{cc} = \frac{1}{k - m\omega^2} \quad (5.21)$$

$$[H_s(\omega)]_{CT} = [H_s(\omega)]_{TC} = [H_s(\omega)]_{TT} = \emptyset \quad (5.22)$$

No caso da existência de múltiplos suportes (m_j, k_j , $j=1,2,\dots,p$), (5.21) assume a forma:

$$[H_s(\omega)]_{cc} = \begin{bmatrix} \frac{1}{k_1 - m_1\omega^2} & \dots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & \frac{1}{k_p - m_p\omega^2} \end{bmatrix} \quad (5.23)$$

Introduzindo (5.21) a (5.23) em (5.14) a (5.19), as FRFs da estrutura acoplada são expressas como funções dos parâmetros dos suportes (m e k). Estas FRFs podem então ser empregadas para a construção de funções objetivo a serem minimizadas para a identificação dos parâmetros dos suportes.

Neste trabalho fez-se uso apenas da equação (5.17). A determinação dos parâmetros foi feita minimizando-se a diferença entre as FRFs analíticas (associadas ao sistema com parâmetros desconhecidos) e as correspondentes "experimentais". Para obtenção da FRF no acoplamento ($[H_A]_{CC}$), os dados experimentais foram simulados considerando os valores exatos dos parâmetros de massa e rigidez dos suportes, dados na Figura 5.23. Para cada geração dos AGs, os parâmetros dos suportes foram modificados e uma nova FRF analítica ($[H_A]_{CC}^{ana}$) foi calculada e comparada com as FRFs "experimentais" $[H_A]_{CC}$. A comparação das duas FRFs foi feita em termos de uma função erro representando as diferenças entre as suas freqüências naturais e de anti-ressonância, conforme a equação:

$$J_E = \sum_{j=1}^v \frac{|\lambda_j^A - \hat{\lambda}_j^A|}{\lambda_j^A} + \sum_{j=1}^v \sum_{k=1}^{na} \frac{|\gamma_{j,k}^A - \hat{\gamma}_{j,k}^A|}{\gamma_{j,k}^A} \quad (5.24)$$

onde:

v : é o número de modos analisados;

na : posição onde as FRFs foram colhidas;

$\lambda_j^A, \hat{\lambda}_j^A$: são as j-ésimas freqüências naturais medidas e analíticas da estrutura acoplada;

$\gamma_j^A, \hat{\gamma}_j^A$: são as j-ésimas anti-ressonâncias medidas e analíticas da estrutura acoplada.

Na equação (5.22), as FRFs são inexistentes, pois os suportes não possuem coordenadas livres.

5.4.2 – Aplicações Numéricas

A seguir serão mostrados alguns exemplos que aliam a técnica de acoplamento de sub-estruturas a partir de FRFs com as facilidades dos AGs. A técnica será aplicada à uma estrutura suportada por elementos contendo parâmetros de massa e rigidez. É uma aplicação semelhante à do capítulo anterior, porém o enfoque dado neste capítulo tem como objetivo a utilização das FRFs do sistema e não a resposta temporal. Os parâmetros dos AGs foram os seguintes: população de 100 indivíduos, probabilidade de cruzamento de 0,9 e probabilidade de mutação de 0,01.

Como ilustração, a técnica foi aplicada a uma viga apoiada em dois elementos de suporte lineares, como mostra a Figura 5.25.

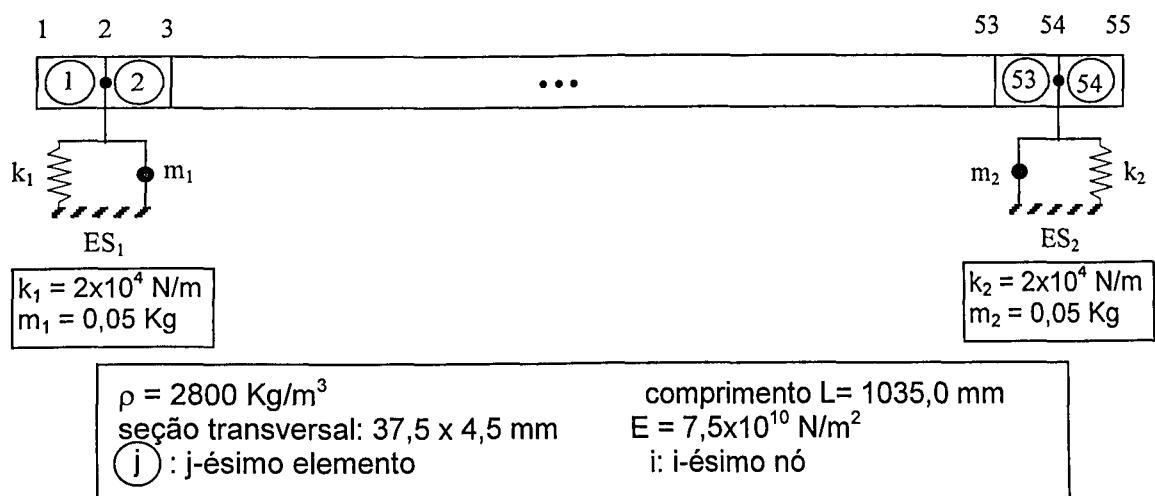


Figura 5.25 – Características da estrutura simulada – viga com 110 gdl.

A viga é a estrutura primária enquanto que os elementos de massa e rigidez conectados aos nós 2 e 54 representam os elementos de suporte, ou estrutura secundária. O problema consiste em determinar as características do suporte através da obtenção das FRFs da estrutura acoplada (primária + secundária).

As FRFs da viga são obtidas a partir de um modelo de elementos finitos. A vantagem no uso da técnica de acoplamento de sub-estruturas é que as FRFs do modelo primário são calculadas apenas uma vez, e o cálculo das FRFs da estrutura principal é feito através das Equações (5.14) a (5.19), sendo que a reanálise é feita apenas na estrutura secundária, que detém os parâmetros a serem determinados.

A influência de ruído existente nas medidas também foi verificada através da adição de ruído artificial nas componentes das FRFs simuladas. O ruído considerado foi gerado através de perturbações aleatórias, introduzidas segundo a relação:

$$H_{ij}^{\varphi}(\omega) = H_{ij}(\omega) \times [1 + v(\varphi/100)] \quad (5.25)$$

onde $H_{ij}^{\varphi}(\omega)$ designa uma FRF genérica após a introdução do ruído, $H_{ij}(\omega)$ é a FRF isenta de ruído, v são números aleatórios uniformemente distribuídos no intervalo [-1;1] e φ é a porcentagem de ruído a ser adicionada.

A Tabela 5.3 mostra os resultados obtidos para os casos sem ruído e com dois níveis de ruído ($\varphi=2\%$ e $\varphi=5\%$). Nas Figuras 5.26, 5.28 e 5.30, a evolução dos parâmetros é mostrada ao longo das gerações. As Figuras 5.27, 5.29 e 5.31 ilustram a evolução da população dos AGs.

Tabela 5.3 - Resultados da identificação pela técnica de acoplamento de FRFs.

Sem ruído				
	k_1 [N/m]	k_2 [N/m]	m_1 [Kg]	m_2 [Kg]
Identificado	20101,11	19996,37	0,0492	0,0505
Erro (%)	0,50	0,01	1,6	1,0
Com ruído ($\phi=2\%$)				
	k_1 [N/m]	k_2 [N/m]	m_1 [Kg]	m_2 [Kg]
Identificado	20651,92	20143,76	0,0493	0,0504
Erro (%)	3,26	0,72	1,31	0,89
Com ruído ($\phi=5\%$)				
	k_1 [N/m]	k_2 [N/m]	m_1 [Kg]	m_2 [Kg]
Identificado	19068,73	20683,09	0,0431	0,0503
Erro (%)	4,66	3,42	13,79	0,50

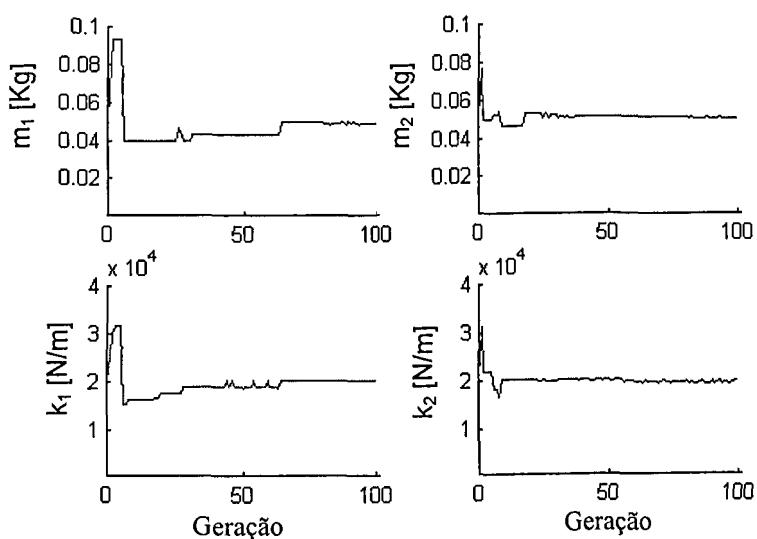


Figura 5.26 - Evolução dos parâmetros do suporte; simulação sem ruído.

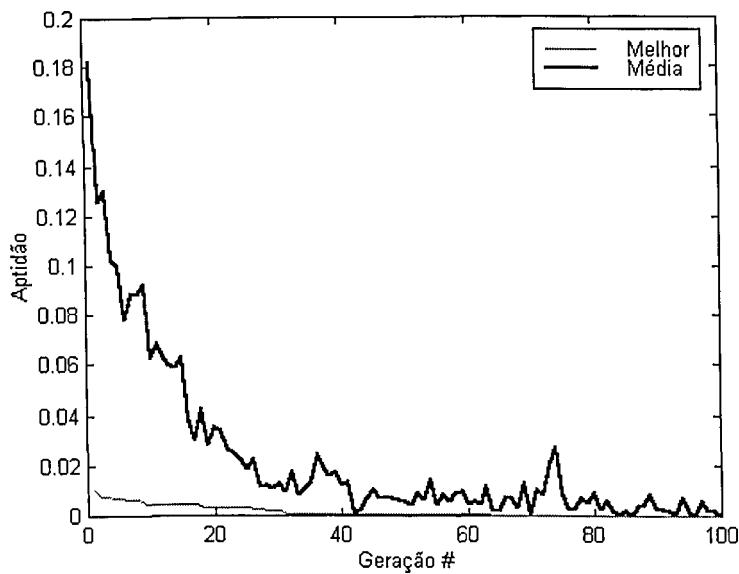


Figura 5.27 - Evolução do índice de aptidão dos indivíduos; simulação sem ruído.

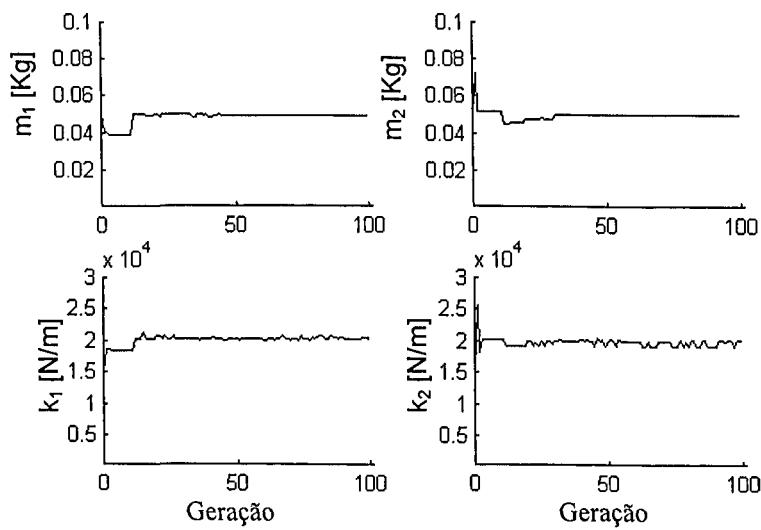


Figura 5.28 - Evolução dos parâmetros do suporte; simulação com ruído ($\varphi=2\%$).

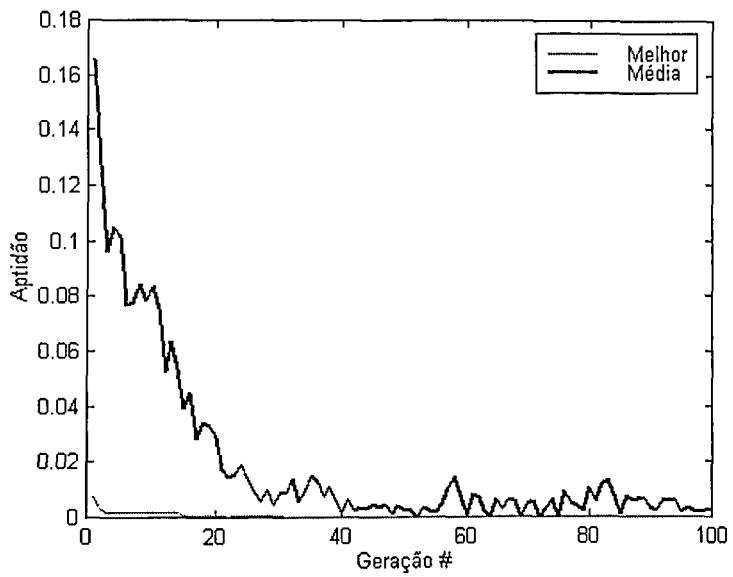


Figura 5.29 - Evolução do índice de aptidão dos indivíduos; simulação com ruído ($\phi=2\%$).

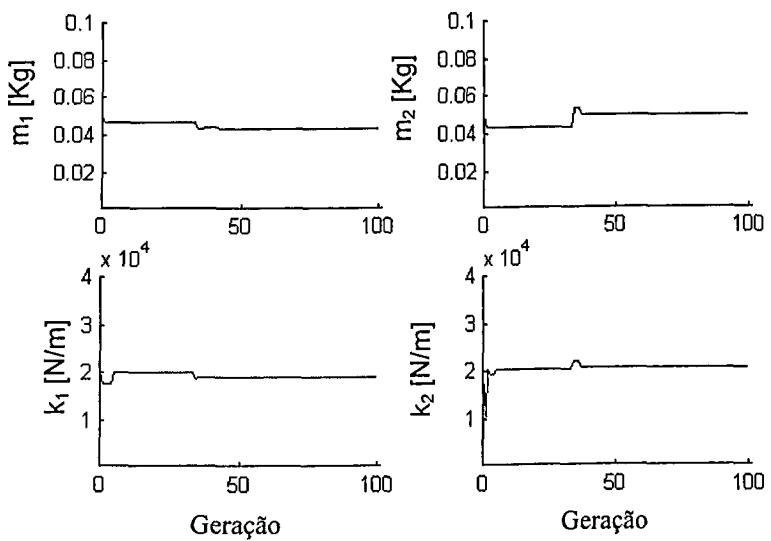


Figura 5.30 - Evolução dos parâmetros do suporte; simulação com ruído ($\phi=5\%$).

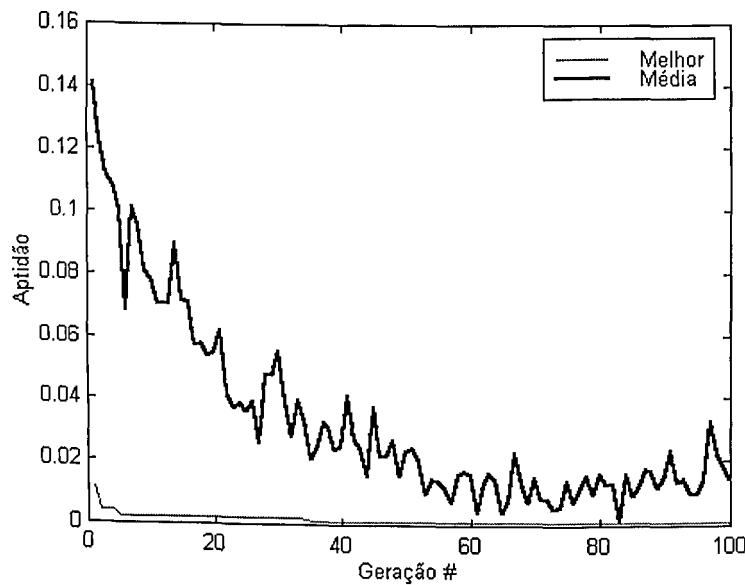


Figura 5.31 - Evolução do índice de aptidão dos indivíduos; simulação com ruído ($\varphi=5\%$).

Os resultados mostram que, como era esperado, a precisão dos parâmetros identificados é tanto menor quanto mais elevado for o nível de ruído, embora precisão aceitável tenha sido obtida, mesmo com $\varphi=5\%$. Uma característica importante no uso desta técnica é a de poder realizar a identificação colhendo-se a resposta em apenas alguns pontos do sistema analisado. Tal facilidade é importante quando o teste é feito experimentalmente, pois elimina a necessidade do uso de grande número de sensores.

As figuras a seguir mostram as FRFs traçadas com os valores exatos dos parâmetros, em comparação com as FRFs traçadas com os parâmetros identificados. Quase não se percebem diferenças entre as curvas nos três casos estudados.

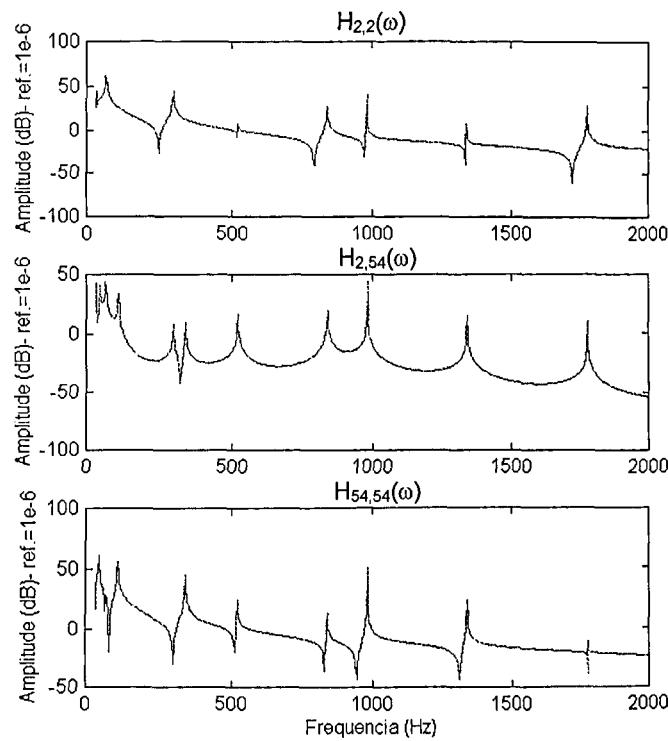


Figura 5.32 – Amplitudes das FRFs ($H_{2,2}(\omega)$, $H_{2,54}(\omega)$ e $H_{54,54}(\omega)$). Simulação sem ruído : (---) identificado ; (—) exato.

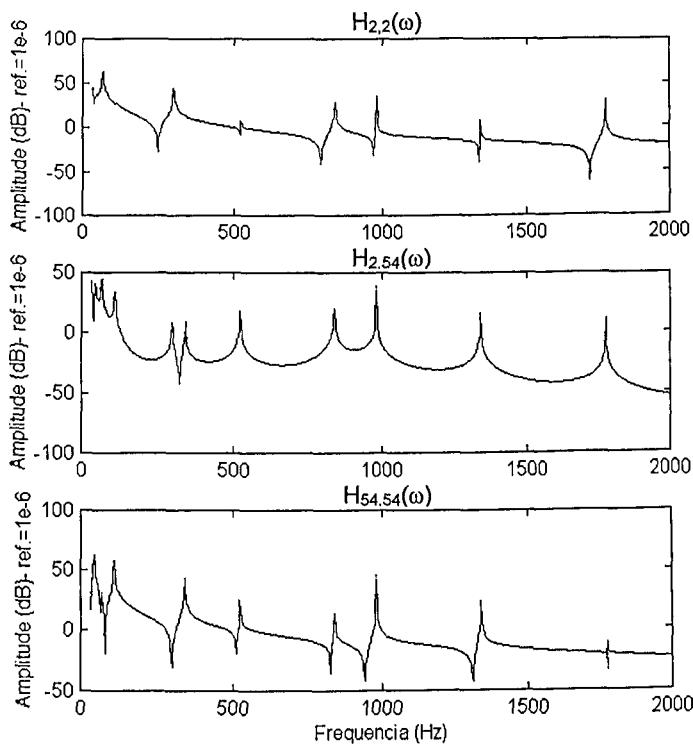


Figura 5.33 – Amplitudes das FRFs ($H_{2,2}(\omega)$, $H_{2,54}(\omega)$ e $H_{54,54}(\omega)$). Simulação com ruído ($\varphi=2\%$): (---) identificado ; (—) exato.

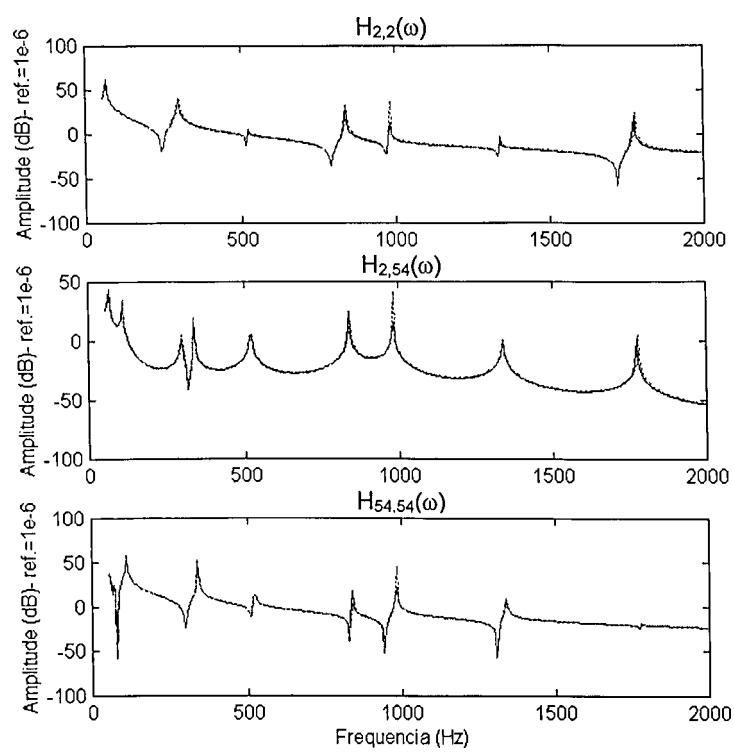


Figura 5.34 – Amplitude das FRFs ($H_{2,2}(\omega)$, $H_{2,54}(\omega)$ e $H_{54,54}(\omega)$). Simulação com ruído ($\varphi=5\%$): (---) identificado ; (—) exato.

CAPÍTULO VI

Conclusões Gerais e Perspectiva Futuras

Foi estudada, neste trabalho, a aplicação dos algoritmos genéticos a alguns problemas de identificação paramétrica de sistemas mecânicos. Foram examinados problemas de naturezas variadas, sendo propostas metodologias de resolução explorando diferentes tipos de dados experimentais. Isto, com o objetivo de estender a avaliação efetuada a uma larga gama de problemas práticos. Assim, foram considerados os problemas de ajuste de modelos de elementos finitos, de localização de falhas estruturais e de identificação de propriedades de elementos de suporte lineares e não lineares, sendo exploradas as auto-soluções, freqüências de anti-resonância, funções de resposta em freqüência e respostas temporais. As diversas aplicações numéricas realizadas, referentes tanto a sistemas simulados, quanto a uma estrutura real, ensaiada em laboratório, demonstram serem os AGs uma técnica versátil e robusta, capaz de fornecer resultados satisfatórios mesmo na presença de fatores complicadores, como os ruídos experimentais e mínimos locais da função objetivo.

Embora a confrontação entre os AGs e os algoritmos tradicionais de otimização não esteja entre os principais objetivos estabelecidos para este trabalho, evidências puderam ser encontradas indicando que os AGs podem mostrar-se mais robustos que os otimizadores tradicionais, no tocante à presença de ruído e à multimodalidade.

O maior inconveniente dos AGs é o seu elevado esforço computacional, que torna inviável sua utilização para a identificação em tempo real. Foi observado, contudo, que o maior volume de cálculos é despendido na avaliação da função objetivo para cada indivíduo da população, ao passo que pequeno esforço computacional é requerido para a realização dos operadores dos AGs. A avaliação da função objetivo e a atribuição dos índices de adaptação aos indivíduos requerem uma série de modificações dos parâmetros do modelo, seguidas de cálculos de suas respostas dinâmicas, num processo conhecido como reanálise. Assim, a redução do esforço computacional só pode ser obtida através do emprego de algoritmos eficientes de reanálise (exata ou aproximada). Estudos visando a proposição destes algoritmos devem continuar sendo objeto de pesquisas futuras.

Perspectivas estão também abertas no tocante à proposição de novos operadores dos AGs, visando conferir-lhes propriedades interessantes, como maior velocidade de convergência com menores populações, o que também permitiria a redução do tempo de processamento.

A análise da bibliografia científica recente revela a tendência de que os AGs sejam cada vez mais utilizados na resolução de diversos tipos de problemas de Engenharia e, em particular, de problemas de otimização e identificação.

CAPÍTULO VII

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Amdriambololona, H., 1990, "Optimisation des Essais et Recalage de Modèles Structuraux", Thèse de Doctorat, Université de Franche-Comté, U.F.R.S.T., Besançon.

Baker, J. E., 1985, "Adaptive Selection Methods for Genetic Algorithms", Proceedings of the First International Conference on Genetic Algorithms and their Application, Hillsdale, New Jersey, USA, pp. 101-111.

Baker, J. E., 1987, "Reducing Bias and Inefficiency in the Selection Algorithm", Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms and their Application, Hillsdale, New Jersey, USA, pp. 14-21.

Bathe, K. J., 1989, "Finite Element Procedures in Engineering Analysis", Prentice-Hall.

Beck, J. V. and Arnold, K. J., 1977, "Parameter Estimation in Engineering Science", John Wiley & Sons.

Benle, A. W., 1998, "Implementação de um Sistema Experimental de Algoritmos Genéticos em C++ para Geração e Otimização de Malhas de Elementos Finitos", Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Uberlândia.

Bledsoe, W. W., 1961, "The Use of Biological Concepts in the Analytical Study of Systems", ORSA-TIMS National Meeting, San Francisco.

Blickle, T. e Thiele, L., 1995, "A Comparison of Selection Schemes used in Genetic Algorithms", TIK Report Nr. 11, December.

Box, G. E. P., 1957, "Evolutionary Operation: a Method for Increasing Industrial Productivity", Journal of the Royal Statistical Society C 6, No 2, pp. 81-101.

Braga, C. G., 1998, "O Uso de Algoritmos Genéticos para Aplicações em Problemas de Otimização de Sistemas Mecânicos", Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Uberlândia.

Cavicchio, D. J., 1970, "Adaptive Search Using Simulated Evolution", Unpublished Doctoral Dissertation, University of Michigan, Ann Arbor.

De Jong, K. A. 1975, "A Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems", Dissertation Abstract International, 36(10), 5140B.

Esparcia-AlcÚzau, A. I. e Sharman, K. C., 1996, "Some Applications of Genetic Programming in Digital Signal Processing, Late Breaking Papers at the Genetic Programming 96 Conference, Stanford University, CA, USA.

Fogel, L. J., Owens, A. J. e Walsh, M. J., 1996, "Artificial Intelligence through Simulated Evolution", New York, John Wiley.

Friedman, G. J., 1959, "Digital Simulation of an Evolutionary Process", General Systems Yearbook 4, pp.171-184.

Friswell, M. I, Penny, J. E. T. e Lindfield, G., 1995, "The Location of Damage from Vibration Data Using Genetic Algorithms", Proceedings of the 13rd International Modal Analysis Conference, Nashville, Tennessee, pp. 1640-1646.

Friswell, M. I, Penny, J. E. T. and Garvey, S. D., 1996, "A Combined Genetic and Eigensensitivity Algorithm for the Location of Damage in Structures", Proceedings of the Conference Reld at Swansea. #[*

Furuya, H. and Haftka, R. T., 1996, "Combining Genetic and Deterministic Algorithms for Locating Actuators on Space Structures", Journal of Spacecraft and Rockets, Vol. 33, No. 3, pp.422-427.

Goldberg, D. E., 1989, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Reading, MA, Addison Wesley Pub. Co, 1989.

Goldberg, D. E. and Deb, K., 1991, "A Comparative Analysis of Selection Schemes Used in Genetic Algorithms", *Foundations of Genetic Algorithms*, San Mateo, California, USA, pp. 69-93.

Goldberg, D. E. and Richardson, J., 1987, "Genetic Algorithms with Sharing for Multimodal Function Optimization", *Genetic Algorithms and their Applications: Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms*, pp.41-49.

Gray, G.J., Murray-Smith, D.J., Li, Y., 1996, "Structural System Identification Using Genetic Programming and Block Diagram Oriented Simulation Tool", *Electronics Letters*, Vol. 32, No. 15, pp. 1422-1424.

Hancock, P. J. B., 1994, "An Empirical Comparison of Selection Methods in Evolutionary Algorithms", *Evolutionary Computing: AISB Workshop*, Leeds, UK, Selected Papers, Springer-Verlag.

Holland, J. H., 1975, "Adaptation in Natural and Artificial Systems", The University of Michigan Press, Ann Arbor.

Houck, C.R., Joines J. and Kay, M., 1996, "A Genetic Algorithm for Function Optimization: A Matlab Implementation", *ACM Transactions on Mathematical Software*.

Kammer, D. C., 1988, "Optimum Approximation for Residual Stiffness in Linear System Identification", *AIAA Journal*, Vol. 26, pp.110-112.

Koza, J, 1992, "Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection", The MIT Press.

Kundu, S., Kamagata, K., Sugino, S., Minowa, T. e Seto, K., 1997, "Solving Vibration Control Problems Using Reduced Order Models for Flexible Structures - A Genetic Algorithm Approach", *Proceedings of Design Engineering Technical Conferences*, Sacramento, California, pp. 1-7.

Larson, C. B. e Zimmerman, D. C., 1993, "Structural Model Refinement Using a Genetic Algorithm Approach", *Proceedings of the 11th International Modal Analysis Conference*, Kissimmee, Florida, pp. 1095-1101.

Michalewicz, Z., 1994, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs", Second, Extended Edition, Springer-Verlag, NY.

Miller, B. L., e Shaw, M. J., 1995, "Genetic Algorithms with Dynamic Niche Sharing for Multimodal Function Optimization", (IlliGAL Report No. 95010). Urbana: University of Illinois at Urbana-Champaign, Illinois Genetic Algorithms Laboratory.

Motterhead, J. E. and Friswell, M. I., 1993, "Model Updating in Structural Dynamics: A Survey", Journal of Sound and Vibration, Vol.167, No. 2, pp.347-375.

Mühlenbein, H. e Schlierkamp-Voosen, D., 1993, "Predictive Models for the Breeder Genetic Algorithm: I. Continuous Parameter Optimization", Evolutionary Computation, 1 (1), pp. 25-49.

Natke, G. H and Bem-Hain, 1993, "Identification of Boundary Conditions of Structures", Proceedings of the 11th International Modal Analysis Conference, Kissimmee, Florida, pp. 1490-1492.

Natke, H. G. and Cempel, C., 1991, "Fault Detection and Localization in Structures: a Discussion", Mechanical System and Signal Processing, Vol. 5, No. 5, pp.345-356.

Otte, D., Grangier, H., Leuridan, J. and Aquilina, R., 1991, "Prediction of the Dynamics of Structural Assemblies Using Measured FRF-Data: Some Improved Data Enhancement Techniques", Proceedings of the International Modal Analysis Conference, USA, pp.909-917.

Rade, D. A., 1994, "Correction Paramétrique de Modèles Éléments Finis: Élargissement de L'Espace de Connaissance", Thèse de Doctorat, Université de Franche-Comté.

Rade, D. A. and Lallement, G., 1998, "A Strategy for the Enrichment of Experimental Data as Applied to a Inverse Eigensensitivity-Based FE Model Updating Method", MechanicalSystems and Signal Processing, Vol. 12, No. 2, pp.293-307.

Rade, D. A. and Steffen Jr., V., 1999, "Optimization of Dynamic Vibration Absorbers Over a Frequency Band", Proceedings of the 11th International Modal Analysis Conference, Kissimmee, FL, pp.188-193

Rechenberg, I., 1973, "Evolutionsstrategie - Optimierung technischer Systeme nach Prinzipien der biologischen Evolution", Stuttgart: Frommann-Holzboog.

Reed, J., Toombs, R., e Barricelli, N. A, 1967, "Simulation of Biological Evolution and Machine Learning, Journal of Theoretical Biology 17, pp. 319-342.

Rice, H. J., Xu, K. Q. and Fitzpatrick, J. A., 1986, "Identification of Local Non-Linearities in Multiple Degree-of-freedom Systems, "Proceedings of the Conference on Identification in Engineering Systems, Swansea, UK, pp. 238-252.

Ryan III, G. W., 1995, "A Genetic Search Technique for Identification of Aircraft Departures", Atmospheric Flight Mechanics Conference AIAA 95-3453, Baltimore, Maryland.

Santos, I. F., 1996, "Theoretical and Experimental Identification of the Stiffness and Damping Coefficients of Active Tilting-Pad Journal Bearing", Proceedings of the Conference on Identification in Engineering Systems, Swansea, UK, pp.783-792.

Schulz, M. J. and Inman, D. J., 1994, "Model Updating Using Constrained Eigenstructure Assignment", Journal of Sound and Vibration, Vol. 178, No. 1, pp.113-130.

Schwefel, H.-P., 1981, "Numerical Optimization of Computer Models", Chichester, Wiley & Sons.

Silva, L. A., 1996, "Identificação de Falhas Estruturais Baseada na Sensibilidade Inversa de Pólos e de Zeros de Funções de Resposta em Freqüência", Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Uberlândia.

Silva, L. A. and Rade, D. A., 1999, "Time Domain-Based Identification of Mechanical Characteristics of Supporting Elements", Proceedings of the 17th International Modal Analysis Conference, Orlando, Florida, pp.1616-1621.

Söderstrom, T. and Stoica, P., 1989, "System Identification", Prentice Hall.

Stabb, M. and Blelloch, P., 1995, "A Genetic Algorithm for Optimally Selecting Accelerometer Locations", Proceedings of the 13th International Modal Analysis Conference, Nashville, Tennessee, pp. 1530-1534.

Starkweather, T., Whitley, D. and Mathias, K., 1991, "Optimization using Distributed Genetic Algorithms", Parallel Problem Solving from Nature - PPSN I. volume 496 of Lecture Notes in Computer Science, NY, Springer-Verlag, pp.176-185.

Steffen Jr., V. and Assis, E. G., "Parameter Identification in Rotor Bearing Systems", Proceedings of the 17th International Modal Analysis Conference, Orlando, Florida, pp.1100-1106.

Syswerda, G., 1989, "Uniform Crossover in Genetic Algorithms", Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, San Mateo, California, USA, pp. 2-9.

Tanaka, M. and Nakamura, M., 1994, "Application of Genetic Algorithm to Plural Defects Identification", Inverse Problems in Engineering Mechanics, Balkema, Rotterdam, pp. 377-382.

Tanese, R., 1989, "Distributed Genetic Algorithms", Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, San Mateo, California, USA, Morgan Kaufmann Publishers, pp.434-439.

Vanderplaats, G. N., 1984, "Numerical Optimization Techniques for Engineering Design: With Applications", McGraw-Hill, NY.

Walter, E. and Pronzato, L., 1994, "Identification de Modèles Paramétriques à Partir de Rondées Expérimentales", Masson, Paris.

Worden, K. and Deacon, B. P., 1996, "Genetic Parameter Estimation", Proceedings of the Conference on Identification in Engineering Systems, pp. 499-509.

Yap, K. C. and Zimmerman, D. E., 1998, "The Effect of Coding on Genetic Algorithm Based Structural Damage Detection", Proceedings of the 16th International Modal Analysis Conference, Pasadena, CA, pp. 165-171.