

# ALGORITMO GENÉTICO NA SÍNTESE DIMENSIONAL DE MECANISMOS

MARCIAL TRILHA JUNIOR\*, DANIEL MARTINS\*

*\*Laboratório de Robótica, Departamento de Eng. Mec, Universidade Federal de Santa Catarina  
Caixa Postal 476 – Campus Universitário – Trindade – CEP: 88040 900  
Florianópolis, SC – Brazil  
E-mails: marcial\_junior@yahoo.com.br, daniel@emc.ufsc.br*

**Abstract**— The optimization of kinematics of closed chains is one of the open problems in kinematics. In fact, there are not general methods to the dimensional synthesis of mechanisms. The method proposed here allows to carry on the dimensional synthesis of parallel planar kinematic chains using genetic algorithms by optimizing the dimensions of the links of the chain in order to allow that the end-effector, a chosen link of the chain, follows a pre-defined trajectory and move on a workspace with minimum error. This method applies screw theory and Davies' method, which are based on the Kirchhoff laws. The movement in the end-effector, is imposed by Assur Virtual Chains. The movement of the end-effector is described in the operational space, when the mobility of the chain is smaller than the dimension of the operational space, the system is redundant and a pseudoinverse solution is necessary. The objective function developed for the genetic algorithm is based on the joint errors. The method is applied to a slider-crank.

**Keywords**— Synthesis of Mechanisms, Genetic Algorithms, Assur Virtual Chains, Screw Theory.

**Resumo**— A otimização de cadeias cinemáticas fechadas é um dos problemas abertos em cinemática. De fato, não há nenhum método geral de síntese dimensional de mecanismos. O método aqui proposto objetiva a síntese dimensional de cadeias cinemáticas paralelas planas utilizando algoritmo genético para realizar a otimização das dimensões dos elos da cadeia, de forma que um ponto dessa cadeia siga uma trajetória pré-definida, em um espaço de trabalho restrito com o menor erro. Este método utiliza as teorias de helicóide, e Método de Davies que é baseado nas leis de Kirchhoff. Para a imposição do movimento ao efetuador final, é utilizada uma Cadeia Virtual de Assur. O movimento do efetuador final no espaço operacional quando a mobilidade da cadeia excede a dimensão do espaço operacional, é redundante e uma solução baseada em pseudoinversa é necessária. A função objetivo desenvolvida para o algoritmo genético é baseada no erro de posicionamento das juntas. O método é aplicado a um mecanismo de 4 elos RRRP.

**Palavras-chave**— Síntese de Mecanismos, Algoritmo Genético, Cadeia Virtual de Assur, Teoria de Helicóides.

## 1 Introdução

O projeto de mecanismos é normalmente composto por uma série de fases, muito assemelhadas a resolução de problemas gerais de engenharia, porém algumas peculiaridades estão presentes.

Os mecanismos, sendo basicamente dispositivos de transformação de movimento temos como primeira etapa de projeto a definição da tarefa, ou seja, das posições de um ou mais corpos e/ou a definição de uma trajetória a ser percorrida por algum elemento deste mecanismo.

Como segundo passo no projeto de mecanismos, temos a definição dos parâmetros e requisitos do mecanismo a ser gerado, tais como relações e ângulos de transmissão, limitações de tamanho, proporções entre os corpos, possíveis localizações dos pivôs fixos, limites dimensionais da região de trabalho ou confinamento e mobilidade desejada do mecanismo.

A etapa seguinte visa obter as possíveis configurações topológicas dos mecanismos que poderão realizar a tarefa desejada, isto é, número e tipo dos corpos e juntas, e como esses corpos estarão interconectados. Esta etapa é chamada de síntese de número. Baseando-se na formulação do problema, aplica-se alguma das metodologias de síntese dimensional a fim de obter o conjunto das dimensões dos corpos de forma que este execute a tarefa definida.

Durante os últimos anos, houve avanços importantes na solução de problemas relacionados a síntese de mecanismos, principalmente devido ao crescimento no desempenho dos computadores, e melhorias nas metodologias de otimização. Isto permitiu a aplicação de técnicas de programação matemática à síntese dimensional, porém a maioria dos métodos desenvolvidos abrange apenas problemas particulares. Além disso, estas técnicas conduzem a métodos de difícil aplicação e não levam em conta parâmetros importantes no projeto como o trabalho em espaço confinado.

Os métodos gráficos para síntese cinemática de mecanismos são aplicáveis somente a mecanismos simples, devido ao aumento da complexidade das construções gráficas quando aplicados às cadeias cinemáticas com grande número de elementos. Os métodos analíticos são limitados pelo aumento da complexidade de obtenção das suas equações com o aumento do número de elementos, estão restritos a um determinado número de pontos da precisão a fim de permitir que a solução do sistema matemático seja fechada e apresentam problemas causados pela sequência incorreta dos pontos de precisão a serem seguidos [1] [2] [3].

O uso de métodos de otimização na síntese de manipuladores paralelos torna-se inevitável quando o número de pontos da trajetória excede um determinado valor e quando o número de corpos é grande. A síntese desses manipuladores envolve grande número

de variáveis e o espaço de solução contém um grande número de mínimos locais. Porém, normalmente existe apenas um mínimo global [4].

Os métodos de busca direta como os métodos baseados no gradiente e em elementos finitos, tendem a convergir ao ponto de mínimo mais próximo. Desta forma a obtenção de um mínimo global só será possível se os parâmetros iniciais forem dados próximos ao mínimo global, caso contrário, o método convergirá a um mínimo local.

Embora não totalmente garantidos, os métodos de busca globais têm uma possibilidade muito melhor da convergência ao mínimo global e na média, requerem menor tempo computacional. Os métodos de busca globais são estruturados para procurar no espaço inteiro de solução e para encontrar regiões onde os valores da função têm baixo custo. É importante ressaltar que, embora os métodos de busca globais, tais como os algoritmos genéticos, procurem todo o espaço de soluções possíveis, o tamanho da população é limitado e, assim, há sempre uma possibilidade de não se encontrar um mínimo global [5].

Este trabalho apresenta um método de síntese de manipuladores paralelos planos, utilizando Algoritmo Genético (AG) na otimização dimensional dos elos do manipulador, Método de Davies para resolução da cinemática, Newton-Raphson na integração, Cadeias Virtuais de Assur na imposição do movimento e garantia de fechamento da cadeia e inversa de Moore-Penrose para inversão de matrizes retangulares. Com o método proposto é possível realizar a síntese dimensional de manipuladores paralelos planos que trabalhem em espaços confinados. Este método não está limitado à configuração inicial do manipulador, ao número de pontos de controle da trajetória nem à complexidade da cadeia.

## 2 Metodo

O AG é um algoritmo de busca global baseado na evolução natural e na adaptação ao meio, onde os mais aptos sobrevivem e se reproduzem, produzindo maior número de descendentes e passando a seus filhos suas características. Assim, a população evolui de forma a melhorar sua adaptação ao meio. Computacionalmente a adaptação ao meio é dada a partir de uma função avaliação, sendo que o indivíduo com melhor avaliação é considerado mais apto [6].

Holland fornece uma forma de descrever a evolução da população de um algoritmo genético em função do tempo, provando sua convergência a partir do *Schema Theorem*. Com isto, o AG é um processo paralelo que executa uma busca através do espaço de possíveis *schemas* e ao mesmo tempo executa uma busca através do espaço de indivíduos. Então a equação do teorema indica que *schemas* de maior aptidão crescerão em influência com o passar das gerações, induzindo a convergência do sistema para um ponto de ótimo global, se for admitida uma população sufici-

cientemente grande interagindo por um número suficientemente grande de gerações [7].

Em geral um AG é dividido em 4 partes: a) representação ou codificação; b) criação da população inicial; c) avaliação dos indivíduos da população em termos de uma função avaliação; d) operações genéticas incluindo seleção dos reprodutores e reprodução e mutação. Cada uma das partes do AG será descrita a seguir.

### 2.1 Codificação

Cada indivíduo da população é representado por um vetor de números reais que corresponde às dimensões de um elo ou uma variável de junta. Os genes de cada indivíduo da população são compostos pelas variáveis a serem otimizadas, ou seja um comprimento de elo ou uma variável de junta. Nem todas as variáveis do mecanismo são variáveis genéticas, mas podem vir a ser. Por exemplo, os pontos onde a cadeia cinemática é fixada a base, pode ser uma variável a ser otimizada ou pode ser um local pré-definido. Apenas as variáveis genéticas sofrem o processo de recombinação e mutação.

Tendo sido definida a codificação e as variáveis genéticas, são criados os indivíduos que compõe a população inicial. A população inicial é formada por  $n$  indivíduos em que cada variável genética a ser otimizada é iniciada de forma aleatória. Igualmente aleatória é a definição das variáveis de junta na configuração inicial.

### 2.2 Função Avaliação

A função avaliação utilizada é baseada no Método de Davies [8], apresentada esquematicamente nas Fig.1 e 2, de onde são obtidos valores referentes aos erros de fechamento da cadeia  $EF$  [9] e erro de trajetória  $ET$ . Inicialmente a função avaliação é o somatório dos módulos dos erros de fechamento da cadeia cinemática, dos erros de trajetória e do número de inversões geométricas  $IG$  multiplicados por um coeficiente de adaptação  $CA$ . Após certo número de gerações, a função avaliação passa a ser apenas o somatório do erro de trajetória e do erro relativo às inversões geométricas, sendo o erro de fechamento da cadeia igual a zero. A aptidão do indivíduo é expressa pela eq. (1).

$$\sum_{i=1}^{n^{\circ} \text{ pontos}} (EF_i + ET_i + CA * IG_i) \quad (1)$$

Quando se deseja a síntese de um manipulador para ser utilizado em ambiente confinado, outras avaliações devem ser realizadas e seus valores devem ser adicionados ao somatório dos erros na função avaliação. A avaliação do confinamento é realizada definindo-se uma fronteira, a qual o manipulador não deverá transpor e quando algum ponto do manipulador transpuser esta fronteira o módulo desse erro é adicionado à função avaliação.

Outros problemas que podem estar associados à síntese de mecanismos, tais como, ângulos de transmissão, variações de velocidade ou aceleração, entre outros, podem ser detectados e adicionados na função avaliação, assim, influenciando a convergência a uma configuração que garanta ângulos de transmissão ou variações de velocidade e aceleração dentro dos limites especificados.

O Método de Davies em sua forma genérica é descrito a seguir.

### 2.2.1 Método de Davies

O método de Davies é uma variação do método baseado em helicóides e das leis de Kirchhoff, [10] [11] [12], possibilitando a determinação da cinemática direta e inversa utilizando uma abordagem sistemática.

A teoria de helicóides formulada inicialmente por Mozzi e sistematizada por Ball [8], foi utilizada por Hunt [13] e Tsai [14] onde aspectos da geometria cinemática foram adicionados. Baseado nesses desenvolvimentos e mesclando com as leis de Kirchhoff, Davies desenvolveu um método com o qual é estabelecida uma *equação de restrição*, de forma instantânea, entre as velocidades de todas as juntas do manipulador de cadeia fechada, onde as velocidades das juntas são representadas por helicóides. Com isso, dadas as magnitudes de algumas juntas, as magnitudes das demais são encontradas através da relação de restrição [15].

O movimento de uma junta pode ser representado univocamente por um helicóide coincidente com o eixo da junta. Este helicóide pode ser representado por um helicóide normalizado multiplicado por uma magnitude  $\Psi$ , por meio de:

$$\mathcal{S} = \hat{\mathcal{S}}\Psi \quad (2)$$

Este helicóide normalizado  $\hat{\mathcal{S}}$ , é constituído por:

$$\hat{\mathcal{S}} = \begin{bmatrix} S \\ S_0 \times S + hS \end{bmatrix} \quad (3)$$

Onde  $S$  é o vetor normalizado paralelo ao eixo do helicóide,  $S_0$  o vetor que liga o sistema de coordenadas inercial ao vetor  $S$  e  $h$  o passo do helicóide.

Normalmente as juntas têm um grau de liberdade e são do tipo rotativa ou prismática. Para uma junta rotativa, o passo  $h$  é igual a 0 e o helicóide normalizado é dado por:

$$\hat{\mathcal{S}} = \begin{bmatrix} S \\ S_0 \times S \end{bmatrix} \quad (4)$$

Para uma junta prismática, onde  $h = \infty$ , o helicóide normalizado é dado por:

$$\hat{\mathcal{S}} = \begin{bmatrix} 0 \\ S \end{bmatrix} \quad (5)$$

A lei das malhas de Kirchhoff estabelece que o somatório das diferenças de potencial ao longo de qualquer um circuito elétrico é nula, pois os pontos inicial e o final são os mesmos. O método de Davies

estabelece de forma análoga que o somatório das velocidades relativas entre elos adjacentes, ao longo de um circuito de uma cadeia fechada, é cinematicamente nulo. Com isto podemos denotar que:

$$\sum \mathcal{S} = 0 \quad (6)$$

$$\mathcal{S}_A + \mathcal{S}_B + \mathcal{S}_C + \mathcal{S}_D + \dots + \mathcal{S}_i = \vec{0}$$

Esta equação, substituindo pelos helicóides normalizados dados na eq.(3), é chamada de equação de restrição, e pode ser escrita como:

$$\hat{\mathcal{S}}_A \Psi_A + \hat{\mathcal{S}}_B \Psi_B + \hat{\mathcal{S}}_C \Psi_C + \hat{\mathcal{S}}_D \Psi_D + \dots + \hat{\mathcal{S}}_i \Psi_i = \vec{0} \quad (7)$$

A equação de restrição pode ser escrita na forma matricial como:

$$\left[ \hat{\mathcal{S}}_A + \hat{\mathcal{S}}_B + \hat{\mathcal{S}}_C + \dots + \hat{\mathcal{S}}_i \right]_{(\lambda \times F)} \begin{Bmatrix} \Psi_A \\ \Psi_B \\ \Psi_C \\ \vdots \\ \Psi_i \end{Bmatrix}_{(F \times 1)} = \vec{0}_{(\lambda \times 1)} \quad (8)$$

ou na forma compacta:

$$[\hat{N}]_{(\lambda \times F)} \{\Psi\}_{(F \times 1)} = \vec{0}_{(\lambda \times 1)} \quad (9)$$

onde  $[N]$  é a matriz de rede dos movimentos normalizados. Separando em juntas primárias e juntas secundárias temos:

$$\hat{N}_s \Psi_s = -\hat{N}_p \Psi_p \quad (10)$$

onde  $[\hat{N}_s]$  é a de rede matriz dos movimentos normalizados correspondentes às juntas secundárias,  $[\hat{N}_p]$  é a matriz de rede dos movimentos normalizados correspondentes às juntas primárias,  $\Psi_s$  é o vetor das magnitudes das variáveis secundárias e  $\Psi_p$  é o vetor das magnitudes das variáveis primárias. Isolando o vetor das magnitudes das variáveis secundárias temos que:

$$\Psi_s = -\hat{N}_s^{-1} \hat{N}_p \Psi_p \quad (11)$$

Para a cinemática de posição podemos integrar a eq.(10) por exemplo, pelo método de Newton-Raphson [8], assim temos que:

$$\frac{q_{S(t_k)} - q_{S(t_{k-1})}}{\Delta t} = -\hat{N}_s^{-1} \hat{N}_p \frac{q_{P(t_k)} - q_{P(t_{k-1})}}{\Delta t} \quad (12)$$

$$q_{S(t_k)} = q_{S(t_{k-1})} - \hat{N}_s^{-1} \hat{N}_p \{q_{P(t_k)} - q_{P(t_{k-1})}\}$$

onde  $q_{S(t_k)}$  é o vetor com as variáveis secundárias no tempo  $t_k$ ,  $q_{S(t_{k-1})}$  é o vetor com as variáveis secundárias no tempo  $t_{k-1}$ ,  $q_{P(t_k)}$  é o vetor com as variáveis primárias no tempo  $t_k$  e  $q_{P(t_{k-1})}$  é o vetor com as variáveis primárias no tempo  $t_{k-1}$ , sendo os helicóides montados com a configuração no tempo  $t_{k-1}$ . Desta forma tendo a configuração inicial, e dado  $q_{P(t_k)}$ , obtém-se  $q_{S(t_k)}$ .

Como pode ser visto acima, o método de Davies necessita de uma configuração inicial para, a partir desta, seguir os movimentos impostos. Essa configuração inicial não é necessariamente uma posição cinematicamente coerente, é possível estipular uma

configuração “quase qualquer” e iterativamente atingir a primeira configuração cinematicamente coerente, caso exista. Este método consiste em, dada uma configuração inicial qualquer  $q_{S(t_{k-1})}$  e  $q_{P(t_{k-1})}$  e um ponto a ser atingido, montam-se as matrizes  $N_S$  e  $N_P$  e obtém-se  $q_{S(t_k)}$ . Fazendo  $q_{S(t_{k-1})} = q_{S(t_k)}$  e  $q_{P(t_{k-1})} = q_{atingido}$  calcula-se novamente  $q_{S(t_k)}$  e iterativamente chega-se aos valores de  $q_{S(t_k)}$  da configuração inicial possível, caso exista. O fluxo de operações pode ser visto na Fig. 3.

Porém dependendo das variáveis iniciais das juntas, a primeira configuração cinematicamente coerente atingida pode ser uma configuração geometricamente invertida, assim o método fica atrelado a primeira configuração inicial dada.

### 2.2.2 Cadeia Virtual de Assur

Uma Cadeia Virtual de Assur é essencialmente uma ferramenta para obter informações sobre o movimento de algum ponto da cadeia ou para impor movimentos em uma cadeia cinemática.

A utilização de Cadeias Virtuais de Assur é normalmente aplicada à análise de manipuladores seriais e/ou para a imposição de movimento a este tipo de manipuladores, contudo, nada impede que esta técnica seja aplicada a manipuladores paralelos. Neste trabalho as Cadeias Virtuais de Assur são utilizadas para garantia do fechamento da cadeia [9] e na imposição do movimento ao efetuador final.

As Cadeias Virtuais de Assur são cadeias cinemáticas compostas de corpos e juntas virtuais que satisfazem às seguintes propriedades: a) a Cadeia Virtual de Assur é aberta; b) os helicóides normalizados da suas juntas são linearmente independentes; c) não alteram a mobilidade da cadeia cinemática real na qual for unida [15] [16].

Como por exemplo, um mecanismo biela-manivela de 3 juntas rotativa e 1 prismática, Fig.3, possui 1 DOF. Uma Cadeia Virtual de Assur para representar o movimento do efetuador final deste manipulador poderia ser uma cadeia com três juntas sendo duas prismáticas e uma rotativa (PPR), de 3 DOF. A ligação das duas cadeias resulta em uma cadeia cinemática fechada com 6 corpos e 7 juntas, com mobilidade 1, como pode ser verificado pela equação geral da mobilidade apresentado na eq.(13).

$$\begin{aligned} M &= \lambda * (n - j - 1) + j \\ M &= 3 * (6 - 7 - 1) + 7 \\ M &= 1 \end{aligned} \quad (13)$$

onde  $M$  é a mobilidade da cadeia fechada,  $\lambda$  é a dimensão do espaço operacional,  $n$  o numero de corpos e  $j$  o numero de juntas de 1 DOF.

### 2.3 Seleção e Reprodução

Similarmente a natureza, onde os indivíduos mais aptos se reproduzem maior número de vezes que os demais, computacionalmente um individuo com melhor avaliação, ou aptidão, também tende a se reproduzir mais.

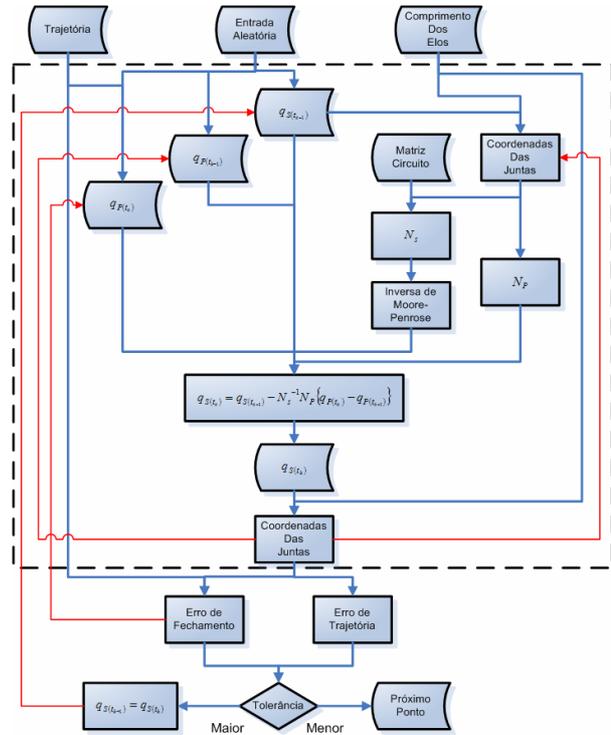


Figura 1. Fluxograma do Método de Davies.

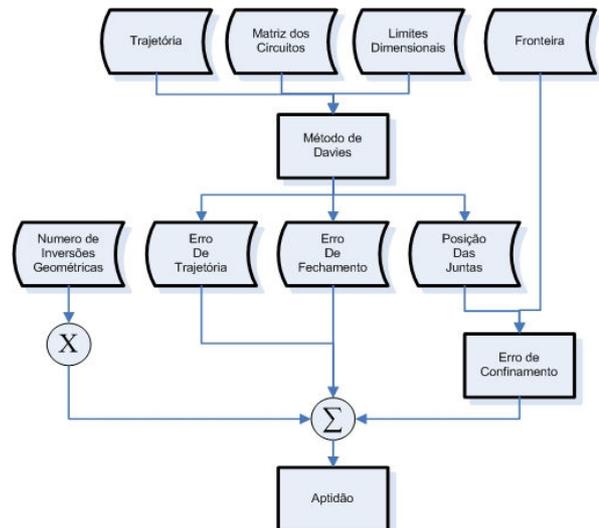


Figura 2. Fluxograma da obtenção do valor de aptidão de cada indivíduo.

Para o processo de recombinação no algoritmo genético é realizada uma seleção dentre o grupo de indivíduos pertencentes à população. Uma relação de reprodutores é montada com base na avaliação de cada indivíduo, os mais aptos aparecendo um maior número de vezes.

Uma seleção baseada apenas na aptidão dos indivíduos tende a diminuir a robustez do algoritmo podendo encaminhar a convergência para um ponto não de máximo. O grande problema na utilização direta dos valores da avaliação dos indivíduos é a ocorrência de crowding, onde um *superindivíduo* com avaliação muito maior que os demais poderia monopolizar as reproduções, exterminando a diversidade da população.

Similarmente como ocorre na vida animal, por exemplo, em bandos de macacos, o macho dominante do bando, mais forte que os demais, produz maior número de descendentes, tomando para si todas as fêmeas. Porém existem outros machos no bando que também se reproduzirão podendo chegar a algumas fêmeas antes do macho dominante. Assim, mesmo que o macho dominante cruze com todas as fêmeas, ele chegará atrasado em algumas, limitando suas reproduções. Da mesma forma aplicamos essa teoria ao algoritmo, limitando o número de reproduções do indivíduo com maior aptidão.

O novo indivíduo gerado terá seus genes formados por uma média entre os valores dos genes dos pais, os quais são selecionados do grupo de reprodutores, e são escolhidos aleatoriamente pelo método da roleta, com o algoritmo abaixo.

$$\text{Indivíduo}_{\text{selecionado}} = m + 1 - \lfloor b \rfloor \quad (14)$$

$$b = \left\lfloor \frac{-1 + \sqrt{1 + 4 * \text{rand} * (m^2 + m)}}{2} \right\rfloor$$

onde  $m$  é o número de indivíduos da população de reprodutores,  $\text{rand}$  é um número aleatório entre 0 e 1 e  $\lfloor b \rfloor$  retorna o maior valor menor que  $b$ . É utilizado o *elitismo* para *clonar* o melhor indivíduo da população a fim de garantir que este esteja presente na próxima geração facilitando a convergência.

#### 2.4 Mutação

A mutação é um processo aleatório de modificação de genes, muito útil para a manutenção da diversidade da população e para possibilitar a criação de novos indivíduos, desta forma fortalecendo a busca em todo o espectro.

Neste estudo a mutação ocorre aleatoriamente com uma chance de 6%. O processo é realizado após todas as reproduções, onde o indivíduo selecionado para a mutação sofre duas mutações locais, onde dois genes escolhidos aleatoriamente são substituídos por um número aleatório entre um máximo e um mínimo, previamente definidos gerando assim um novo indivíduo. Este indivíduo criado será somente avaliado na próxima geração, não importando se é um indivíduo viável ou não.

### 3 Aplicação do Método

O algoritmo proposto foi aplicado a síntese de um manipulador de 4 elos, RRRP, com mobilidade 1, a

fim de obter a combinação das dimensões dos seus elos para que este manipulador siga a trajetória estipulada. O manipulador foi sintetizado para executar uma tarefa em um espaço de trabalho confinado, sendo a fronteira de confinamento definida como a união de uma reta horizontal que passa pelo ponto  $y=10$  mm e de uma reta vertical que passa pelo ponto  $x=25$  mm. Este confinamento sendo definido apenas para as juntas B, C e D.

A fronteira de confinamento juntamente com o esquema topológico do mecanismo e a cadeia virtual de Assur, a qual impõe o movimento ao mecanismo, estão ilustrados na Fig.3.

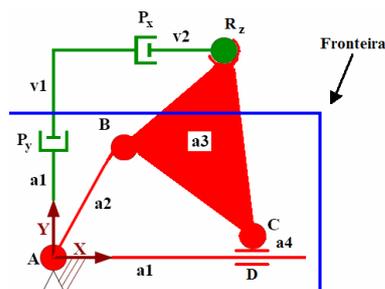


Figura 3. Manipulador com Cadeia Virtual de Assur e fronteira de confinamento.

Como variáveis genéticas temos as dimensões dos corpos  $a_2$  (distância AB),  $a_3$  (3 variáveis, distâncias BC, CE e BE),  $a_4$  (distância AD) e a coordenada  $A_x$ . Os valores de  $A_y$  e  $D_y$  foram definidos como iguais a zero.

A população inicial foi constituída de 200 indivíduos com dimensões de seus corpos estando dentro dos limites dimensionais de 30 mm e 5 mm.

Tabela 1. Resultados de simulação.

Nº gerações	40	39	40
População inicial	200	200	200
Erro médio [mm]	0.302	0.262	0.386

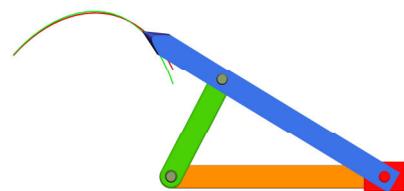


Figura 4. Representação do manipulador gerado.

O critério de parada do algoritmo foi o número máximo de iterações de 40 gerações ou diversidade da população menor que 10 mm. A diversidade da população foi definida como sendo o somatório das diferenças entre a maior e a menor dimensão de cada corpo do mecanismo.

Os dados das simulações estão exaustos na Tab. 1 e o mecanismo gerado na Fig. 4.

A movimentação do manipulador dada pela Cadeia Virtual de Assur é função dos pontos de controle, assim, a distribuição destes pontos tende a influenciar no resultado final.

#### 4 Discussão e Conclusão

No exemplo apresentado, a fronteira de confinamento foi definida por retas, porém esta região de confinamento pode ser definida de outras formas, necessitando apenas a implementação de algoritmo que monitore esta fronteira.

O método aqui apresentado não está atrelado à configuração inicial do manipulador como em muitos outros casos apresentados na literatura, desta forma apresenta grande vantagem em relação aos demais métodos de síntese dimensional de mecanismos, podendo iniciar o processo de síntese dimensional sem se preocupar em obter uma configuração inicial cinematicamente coerente, a qual interfere no resultado final quando a busca do ótimo é direta.

Em muitos casos de síntese de mecanismos, é desejável além da imposição da posição a imposição da orientação ao efetuador final. Com o método aqui apresentado, posição e orientação do efetuador final são impostas ao mecanismo não importando qual a mobilidade deste. Esta estratégia, a qual utiliza o método da Inversa de Moore-Penrose, promove um pequeno acúmulo de erro, o que em muitos casos não interfere no resultado final.

Em grande número de aplicações de síntese dimensional de mecanismos as quais utilizam algoritmo genético como ferramenta de otimização, este algoritmo genético é programado e configurado para cada caso específico não sendo uma ferramenta flexível. No estudo aqui apresentado, a alimentação do algoritmo genético é realizada totalmente em função de avaliações de erro, seja de posição do efetuador final, fechamento da cadeia e confinamento, desta forma, a topologia do mecanismo a ser sintetizado não influencia em nada à atuação do algoritmo genético, sendo ele neste caso totalmente genérico.

Foi verificado que devido a aleatoriedade da configuração inicial, os pontos iniciais da trajetória apresentam valores de erro superiores aos demais pontos, por isto é recomendado uma maior densidade de pontos de controle no início da trajetória a fim de minimizar esse efeito.

Este método, mesmo sendo um método comprovadamente viável, ainda não está concluído, pois como em muitos outros métodos está sendo aplicado a um mecanismo útil, mas simples e em um espaço planar. Os próximos passos deste trabalho serão a expansão do espaço de trabalho de planar para especial, a implementação de detecção de inversões geométricas as quais entrarão juntamente como alimentação do algoritmo genético em forma de erro e utilizando o mesmo algoritmo genético, permitindo a aplicação do método a mecanismos com maior mobilidade e maior número de circuitos. Passos futuros serão a incorporação da cinostática ao método, assim como a síntese de *dwell mechanisms* ou mecanismos com parada.

#### Referências Bibliográficas

1. Cabrera, J.A., Simon, A. and Prado, M., Optimal synthesis of mechanisms with genetic algorithms. *Mech Mach Th*, 2002. **37**(10): p. 1165-1177.
2. Shiakolas, P.S., Koladiya, D. and Kebrle, J., On the optimum synthesis of six-bar linkages using differential evolution and the geometric centroid of precision positions technique. *Mech Mach Th*, 2005. **40**(3): p. 319-335.
3. Fernandez-Bustos, I., Aguirrebeitia, J., Aviles, R. and Angulo, C., Kinematical synthesis of 1-dof mechanisms using finite elements and genetic algorithms. *Fin. Elem. Analysis.Des.*, 2005. **41**(15): p. 1441-1463.
4. Smaili, A. and Diab, N., Optimum synthesis of hybrid-task mechanisms using ant-gradient search method. *Mech. Mach. Th.*, 2007. **42**(1): p. 115-130.
5. Gen, M. and Cheng, R., *Genetic Algorithms & Engineering Optimization*. 2000, New York: John Wiley & Sons.
6. Yamamoto, L., *Uso de Simulated Annealing e Algoritmo Genético no Problema da Reconfiguração de uma Rede de Distribuição de Energia Eletrica*, in *Prog. de Pós-Grad. em Mét. Num. em Eng.* 2004, UFPR: Curitiba.
7. Viana, V., *Meta-Heurística e Programação paralela em Otimização Combinatória*. 1998, Florianópolis: Edições UFSC. 250.
8. Campos, A., *Cinemática Diferencial de Manipuladores Empregando Cadeias Virtuais*, in *Pos-Grad em Eng. Mec.* 2004, UFSC: Florianópolis.
9. Guenther, R., Cruz, D.F., Simas, H. and Martins, D., *An integration method for differential inverse kinematic of closed chain robots*, in *IXX Brazilian Congress of Mechanical Engineering* 2007.
10. Davies, T.H., Kirchhoff's circulation law applied to multi-loop kinematic chains. *Mechanism and Machine Theory*, 1981. **16**: p. 171-183.
11. Davies, T.H., *The 1887 committee meets again freedom and constraint*, in *Ball 2000 Conference*. 2000, Cambridge University Press: University of Cambridge. p. 1-56.
12. Davies, T.H., Freedom and constraint in coupling networks. *Mech. Eng. Sci.*, 2006. **220**: p. 989-1010.
13. HUNT, K.H., *Kinematic Geometry of Mechanisms*. 1978, Oxford: Clarendon Press.
14. Tsai, L.-W., *Robot Analysis, The Mechanics of Serial and Parallel Manipulators*. 1999: John Wiley & Sons Publication
15. Campos, A., Guenther, R. and Martins, D., Differential kinematics of serial manipulators using virtual chains. 2005. **27**(4): p. 345-356.
16. Santos, C.H.F.d., Guenther, R., Martins, D. and Pieri, E.R.D., Virtual kinematic chains to solve the underwater vehicle-manipulator systems redundancy. *J. Bra. Soc. Mech. Sci. Eng.*, 2006. **28**(3): p. 354-361.