

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ
DEPARTAMENTO ACADÊMICO DE ELETROTÉCNICA
CURSO DE ENGENHARIA ELÉTRICA

ARTUR LUIZ ZANON FILHO
LUIS HENRIQUE DE OLIVEIRA ALVES

**IDENTIFICAÇÃO DE SISTEMAS A PARTIR DE MODELOS
NARX COM SELEÇÃO DE REGRESSORES POR
PROGRAMAÇÃO GENÉTICA**

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

CURITIBA

2018

ARTUR LUIZ ZANON FILHO
LUIS HENRIQUE DE OLIVEIRA ALVES

**IDENTIFICAÇÃO DE SISTEMAS A PARTIR DE MODELOS
NARX COM SELEÇÃO DE REGRESSORES POR
PROGRAMAÇÃO GENÉTICA**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Departamento Acadêmico de Eletrotécnica da Universidade Tecnológica Federal do Paraná como requisito parcial para obtenção do título de “Bacharel em Engenharia Elétrica” – Área de Concentração: Controle de sistemas.

Orientador: Prof. Dr. Elder Oroski

CURITIBA

2018

Artur Luiz Zanon Filho
Luis Henrique de Oliveira Alves

Identificação de sistemas a partir de modelos NARX com seleção de regressores por programação genética

Este Trabalho de Conclusão de Curso de Graduação foi julgado e aprovado como requisito parcial para a obtenção do Título de Engenheiro Eletricista, do curso de Engenharia Elétrica do Departamento Acadêmico de Eletrotécnica (DAELT) da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).

Curitiba, 20 de novembro de 2018.

Prof. Antonio Carlos Pinho, Dr
Coordenador de Curso
Engenharia Elétrica

Profa. Annemahlen Gehrke Castagna, Ma
Responsável pelos Trabalhos de Conclusão de Curso
de Engenharia Elétrica do DAELT

ORIENTAÇÃO

Elder Oroski, Dr.
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Orientador

BANCA EXAMINADORA

Elder Oroski, Dr.
Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Victor Batista Frencl, Dr.
Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Beatriz dos Santos Pês, Ma.
Instituto Federal do Paraná

A folha de aprovação assinada encontra-se na Coordenação do Curso de Engenharia Elétrica

AGRADECIMENTOS

Agradecemos, acima de tudo, a assistência de Deus na realização deste trabalho. Também fundamental foi o suporte dado por nossas famílias, sem o qual não seria possível sustentar motivação diante da rotina de trabalho, estudos e elaboração deste trabalho de conclusão de curso. Além desses, agradecemos ainda ao colega Matheus Kunhavalik da Rosa pela coleta de dados da planta usada no estudo de caso.

“Curiosity is more important than knowledge”. — Albert Einstein.

RESUMO

FILHO, Artur Luiz Zanon; ALVES, Luis Henrique de Oliveira. IDENTIFICAÇÃO DE SISTEMAS A PARTIR DE MODELOS NARX COM SELEÇÃO DE REGRESSORES POR PROGRAMAÇÃO GENÉTICA. 76 f. Trabalho de Conclusão de Curso – Curso de Engenharia Elétrica, Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Curitiba, 2018.

Nos últimos séculos, a humanidade vem buscando aprimorar sua capacidade de modelar matematicamente sistemas desconhecidos. As técnicas de identificação de sistemas modernas surgem como resposta à crescente complexidade dos sistemas que necessitam ser modelados. A identificação pode ser realizada por meio de modelos NARX - *Nonlinear AutoRegressive with eXogenous input*. Essa estrutura de modelo utiliza combinações de regressores e parâmetros para representar o comportamento de sistemas com características não-lineares. Os métodos de determinação dos regressores e suas combinações dependem, muitas vezes, de processos computacionalmente pouco eficientes. Como alternativa a esses, empregou-se neste trabalho a técnica de computação evolucionária denominada Programação Genética, PG. Adicionalmente, caracterizou-se a aplicação de um operador baseado no Método dos Mínimos Quadrados, MMQ, para auxiliar o processo evolutivo. A metodologia proposta foi validada através de dois sistemas: uma planta de vazão e um levitador magnético. Apesar de um aumento no tempo de processamento da PG, a aplicação do operador de MMQ gerou uma redução na ordem de 70% no MSE - *Mean Square Error* - dos melhores indivíduos, em relação aos valores obtidos sem o operador. A partir dos resultados atingidos, conclui-se que a identificação de sistemas, assistida pela PG, apresentou modelos precisos para os sistemas propostos.

Palavras-chave: NARX. Programação Genética. Identificação de Sistemas. Método dos Mínimos Quadrados.

ABSTRACT

FILHO, Artur Luiz Zanon; ALVES, Luis Henrique de Oliveira. NARX MODEL SYSTEMS IDENTIFICATION WITH REGRESSOR SELECTION BY GENETIC PROGRAMMING. 76 f. Trabalho de Conclusão de Curso – Curso de Engenharia Elétrica, Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Curitiba, 2018.

For the past few centuries, humankind has searched for ways to improve its capacity to mathematically model unknown systems. Modern system identification techniques arise as a response to the increasing complexity of the systems that need to be modeled. Identification can be achieved through the use of NARX, Nonlinear AutoRegressive with eXogenous input, models. This model structure uses regressors and parameters in order to represent the behavior of systems with nonlinear characteristics. Methods of determining regressors and their combinations often depend on low efficiency computer processes. As an alternative, this paper employs an evolutionary computation technique named Genetic Programming, GP. In addition, the application of a Least Squares Method, LSM, operator was defined, in assistance to the evolutionary process. The algorithm was utilized to identify two systems: an industrial fluid flow plant and a magnetic levitator. In spite of an increase in the mean processing time, the use of the LSM operator produced a near 70% reduction of the Mean Square Error, MSE, of the best individuals in relation to the results without the operator. With the obtained results, it is concluded that system identification through GP exhibited precise models for the proposed systems.

Keywords: NARX. Genetic Programming. System Identification. Least Squares.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1	– Exemplo de um Sistema Genérico.	18
FIGURA 2	– Fluxograma do processo de identificação.	24
FIGURA 3	– Esquema de representação de um modelo geral.	26
FIGURA 4	– Esquema da representação geral do modelo ARX.	27
FIGURA 5	– Esquema geral do processo de programação genética.	31
FIGURA 6	– Grafo Genérico $G(V, R)$	32
FIGURA 7	– Grafo Genérico em forma de Árvore.	33
FIGURA 8	– Exemplo de operação de <i>Crossover</i>	39
FIGURA 9	– Árvores antes e depois da mutação aplicada no nó que contém p_3 . ..	40
FIGURA 10	– Exemplo de árvore gerada por PG.	42
FIGURA 11	– Análise inversa da árvore do candidato - Dois cenários.	49
FIGURA 12	– Árvore remontada.	51
FIGURA 13	– Planta de controle de vazão do laboratório B004.	52
FIGURA 14	– Sinal de entrada aplicado.	53
FIGURA 15	– Sinal de saída amostrado.	53
FIGURA 16	– Sinal Validação de entrada aplicado.	54
FIGURA 17	– Sinal Validação de saída.	54
FIGURA 18	– Árvore do melhor indivíduo identificado para a planta de vazão. ...	57
FIGURA 19	– Validação do modelo sem MMQ x sinal de saída real.	60
FIGURA 20	– Validação do modelo sem MMQ x sinal de saída real - Ampliação. .	60
FIGURA 21	– Validação do modelo com MMQ x sinal de saída real.	61
FIGURA 22	– Validação do modelo com MMQ x sinal de saída real - Ampliação. .	61
FIGURA 23	– Esquema representativo do equipamento levitador magnético.	62
FIGURA 24	– Entrada amostrada para identificação do levitador.	64
FIGURA 25	– Saída amostrada para identificação do levitador.	64
FIGURA 26	– Entrada amostrada para validação do modelo identificado do levitador.	65
FIGURA 27	– Saída amostrada para validação do modelo identificado do levitador. 65	
FIGURA 28	– Árvore do <i>bestfit</i> gerado para identificação do levitador.	67
FIGURA 29	– Validação do modelo sem MMQ obtido para o sistema levitador. ...	70
FIGURA 30	– Ampliação da validação do modelo sem MMQ do levitador magnético. 70	
FIGURA 31	– Validação do modelo com MMQ obtido para o sistema levitador. ...	71
FIGURA 32	– Ampliação da validação do modelo com MMQ obtido para o sistema levitador.	71

LISTA DE TABELAS

TABELA 1	–	Parâmetros configuráveis utilizados nos estudos de caso.	55
TABELA 2	–	Resultados obtidos na identificação do sistema planta de vazão.	56
TABELA 3	–	Resultados do processo evolutivo com operador MMQ - planta de vazão.	58
TABELA 4	–	Resultados de seis rodadas da PG para o levitador magnético.	66
TABELA 5	–	Resultados obtidos com o MMQ para o sistema levitador magnético.	68

LISTA DE SIGLAS

GP	<i>Genetic Programming</i>
LSM	<i>Least Squares Method</i>
NARX	<i>Nonlinear AutoRegressive model with eXogenous input</i>
PG	Programação Genética
TCC	Trabaho de Conclusão de Curso
MMQ	Método dos Mínimos Quadrados
MSE	<i>Mean Square Error</i>
TRE	Taxa de Redução de Erros

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	12
1.1 DELIMITAÇÃO DO TEMA	13
1.2 PROBLEMA E PREMISSA	13
1.3 OBJETIVOS	15
1.3.1 Objetivos Gerais	15
1.3.2 Objetivos Específicos	15
1.4 JUSTIFICATIVA	15
1.5 PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS	16
1.6 ESTRUTURA DO TRABALHO	16
2 MODELAGEM MATEMÁTICA DE SISTEMAS	18
2.1 CONCEITOS MATEMÁTICOS	18
2.1.1 Linearidade	18
2.1.2 Causalidade	19
2.1.3 Invariância no Tempo	19
2.1.4 Transformada de Fourier	20
2.1.5 Convolução	20
2.1.6 Sinal Impulso e o Delta de Dirac	21
2.1.7 Amostragem e Critério de Nyquist	21
2.2 INTRODUÇÃO À IDENTIFICAÇÃO DE SISTEMAS	22
2.2.1 Modelagem de sistemas lineares	25
2.2.1.1 Modelo ARX	26
2.2.2 Modelagem de sistemas não-lineares	27
2.2.2.1 Modelos NARX	28
2.3 CONCLUSÕES PARCIAIS	28
3 PROGRAMAÇÃO GENÉTICA	30
3.1 DEFINIÇÃO GERAL DA PROGRAMAÇÃO GENÉTICA	30
3.2 REPRESENTAÇÃO GRÁFICA POR DIAGRAMAS EM ÁRVORES	32
3.3 POPULAÇÃO INICIAL	33
3.4 <i>FITNESS</i>	34
3.5 SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS	36
3.5.1 Método Proporcional ou Roleta	36
3.5.2 Torneio	36
3.5.3 Nivelamento Linear	37
3.6 OPERADORES GENÉTICOS	37
3.6.1 Reprodução	38
3.6.2 Crossover	38
3.6.3 Mutação	39
3.7 CRITÉRIO DE PARADA	40
3.8 CONCLUSÕES PARCIAIS	41
4 PARAMETRIZAÇÃO DA PROGRAMAÇÃO GENÉTICA	42
4.1 ESTRUTURA DO PROGRAMA E POPULAÇÃO INICIAL	42

4.2	ROTINA EVOLUCIONÁRIA	43
4.2.1	Metodologia de Cálculo de <i>Fitness</i>	43
4.2.2	Função de Avaliação de <i>Fitness</i>	43
4.2.3	Avaliação de estrutura dos candidatos	43
4.2.4	Seleção dos candidatos e operadores genéticos	44
4.2.5	Nova Geração	44
4.2.6	Critério de Parada e Apresentação do Melhor Candidato	45
4.3	CRITÉRIOS CONFIGURÁVEIS	45
4.4	CONCLUSÕES PARCIAIS	45
5	O OPERADOR DO MÉTODO DOS MÍNIMOS QUADRADOS	47
5.1	INTRODUÇÃO AO MÉTODO DE MÍNIMOS QUADRADOS	47
5.2	IMPLEMENTAÇÃO DO OPERADOR DO MMQ NA PROGRAMAÇÃO GENÉTICA	48
5.2.1	Análise Inversa	48
5.2.2	Mecanismo de Reconstrução	50
5.3	CONCLUSÕES PARCIAIS	51
6	RESULTADOS	52
6.1	PLANTA INDUSTRIAL DE CONTROLE DE VAZÃO	52
6.1.1	Procedimentos Experimentais	52
6.1.2	Identificação da Planta Industrial de Vazão	55
6.1.2.1	Aplicação da Programação Genética	55
6.1.3	Resultado do Processo Evolutivo Aplicado à Planta de Vazão	56
6.1.3.1	Resultados com a aplicação do Operador de MMQ	58
6.2	LEVITADOR MAGNÉTICO	62
6.2.1	Procedimentos Experimentais	62
6.2.2	Identificação do Sistema Levitador	66
6.2.3	Resultado do Processo Evolutivo Aplicado ao Levitador	66
6.2.3.1	Resultados do Operador de MMQ para o Levitador Magnético	68
7	CONCLUSÕES	72
8	SUGESTÕES PARA TRABALHOS FUTUROS	74
	REFERÊNCIAS	75

1 INTRODUÇÃO

O limiar do desenvolvimento muitas vezes está na compreensão do que previamente era incompreensível pela humanidade. Conforme relatado por Aguirre (2015, p.25), “desde a antiguidade, o homem tem procurado descrever matematicamente sistemas experimentais para ajudá-lo a entendê-los e, assim, resolver problemas relacionados a eles”.

O avanço tecnológico adicionou complexidade aos sistemas que se deseja identificar. A identificação de sistemas surge como resultado desta crescente demanda pela capacidade de se obter modelos matemáticos de sistemas desconhecidos. Primeiras a serem desenvolvidas, as representações lineares foram indispensáveis ao desenvolvimento tecnológico no passado. Entretanto, com o advento da modernidade, nota-se o surgimento de novas demandas, entre elas a capacidade de entender e controlar com maior precisão o estado transitório de um dado sistema (MADÁR, ABONYI, SZEIFERT, 2005), sendo que esse pode ser definido por uma função do tempo entre um estado inicial e o estado final correspondente. Essa nova condição pronuncia a noção de que os métodos prévios de identificação de sistemas, aqueles restritos pela concepção de linearidades, não seriam mais suficientemente precisos para cumprir o que é exigido pela contemporaneidade (MADÁR, ABONYI, SZEIFERT, 2005). Considerando isso, passou-se a adotar de maneira frequente o modelo NARX - *Nonlinear AutoRegressive with eXogenous input* - no processo de identificação, sendo ele capaz de gerar modelos matemáticos adequados incluindo as não-linearidades do sistema (HAYKIN, 1999, apud DANTAS, 2013).

Segundo Aguirre (2015, p.390), “os modelos NARX [...] são modelos discretos no tempo que explicam o valor de saída $y(k)$ em função de valores prévios dos sinais de saída e de entrada”, ou seja, por regressores. Em outras palavras, este modelo apresenta características exógenas, por utilizar suas entradas como um espaço de dados externo, e auto-regressivas, por utilizar sua própria saída como uma forma de realimentação.

Tão importante quanto a definição do modelo a ser utilizado é a definição da estrutura deste, e esta estrutura nada mais é do que o modo como os sinais de entrada e saída se inter-relacionam (POZO, 2002). Nessa situação é possível aplicar a computação evolutiva, que emprega conceitos da teoria da evolução de Darwin de forma que se faça uma autocorreção no modelo gerado baseado em sua capacidade de solucionar um dado problema (KOZA, 1994). A Programação Genética - PG, uma das metodologias de computação evolutiva, realiza esse processo de autocorreção através da identificação dos melhores indivíduos, ou modelos gerados, e os premiando através de uma maior

probabilidade de influir no resultado final do processo evolutivo (POZO, 2002).

A escolha da PG parte do fato que metodologias associadas à computação evolutiva vêm sendo muito utilizadas para a resolução de problemas com natureza similar ao proposto neste trabalho. Além disso, nota-se que sistemas bio-inspirados vêm se tornando cada vez mais utilizados em aplicações modernas, como em computação visual, redes sociais, mecanismos de pesquisa, dentre vários outros. É notório, portanto, que o uso da PG pode acarretar em aumento de eficiência computacional e melhora qualitativa no modelo apresentado para a solução do problema (MADÁR, ABONYI, SZEIFERT, 2005).

1.1 DELIMITAÇÃO DO TEMA

Aplica-se o desenvolver deste Trabalho de Conclusão de Curso - TCC à implementação da identificação de sistemas por meio do modelo NARX assistido pela Programação Genética como método de determinação da combinação entre os termos regressores e parâmetros. Como estudos de caso, são identificados dois sistemas com dinâmica não-linear: o sistema da planta didática de controle industrial de fluxo, presente no laboratório B004 da Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Curitiba, e um levitador magnético.

1.2 PROBLEMA E PREMISSE

A identificação de sistemas não-lineares é, usualmente, uma tarefa não trivial. A obtenção de modelos que apresentam uma alta taxa de representabilidade das não linearidades intrínsecas ao sistema analisado é um processo complexo, tanto teórica quanto computacionalmente (MADÁR, ABONYI, SZEIFERT, 2005).

Um modelo frequentemente utilizado na identificação de sistemas não lineares é o modelo NARX (HAYKIN, 1999, apud DANTAS, 2013). Neste são utilizadas combinações entre os sinais de entrada, $u(k)$, atuais e os de saída, $y(k)$, passados para determinar a saída atual, relação descrita matematicamente em (1).

$$y(k) = g\left([y(k-1), \dots, y(k-d_y), u(k-\tau_d), \dots, u(k-d_u)]^T\right), \quad (1)$$

sendo $k \in \mathbb{N}$ o instante discretizado, $g: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$, d_y o máximo número de atrasos da saída, d_u o máximo número de atrasos da entrada e τ_d o tempo mínimo de resposta a uma dada

entrada, denominado de tempo morto.

O modelo real de um sistema, que representa perfeitamente o seu comportamento, é formado por uma determinada combinação entre regressores e parâmetros. A modelagem desse sistema, portanto, envolve estimar essa combinação de forma a garantir que o modelo corresponda ao sistema real em uma determinada situação. Entretanto, conforme se aumenta a estimativa para os valores de d_u e d_y , ocorre uma explosão combinatória das possíveis relações entre regressores (DANTAS, 2013). Métodos utilizados frequentemente para contornar isso envolvem, por exemplo, o *nonnegative garrote*, o *wavelet shrinkage* e a Análise de Variância (LIND, 2006). O conceito, porém, de computação evolutiva é raramente explorado.

1.3 OBJETIVOS

1.3.1 OBJETIVOS GERAIS

Desenvolver uma metodologia de identificação de sistemas associada ao modelo NARX, a partir dos conceitos de Programação Genética.

1.3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Conceituar tópicos de identificação de sistemas associados ao modelo NARX;
- Parametrizar o desenvolvimento da PG;
- Levantar os dados experimentais referentes aos sistemas;
- Identificar sistemas reais a partir da metodologia proposta;
- Simular o modelo obtido e compará-lo às respostas reais observadas para os mesmos parâmetros de entrada;

1.4 JUSTIFICATIVA

A identificação por modelo NARX é capaz de gerar bons modelos matemáticos para uma dada quantidade de parâmetros. Sabe-se, porém, que a maneira pela qual os regressores e suas combinações são determinados é dependente, muitas vezes, de técnicas computacionalmente pouco eficientes. A solução proposta neste trabalho envolve a aplicação de princípios de PG para a identificação dos regressores mais relevantes e suas inter-relações. O resultado será compilado em um modelo adequado ao sistema a ser identificado, mesmo quando verificam-se não-linearidades no seu funcionamento.

Conforme Dantas (2013), levando-se em consideração a frequência com a qual se emprega o modelo NARX na identificação de sistemas em diversas áreas do conhecimento, a busca por métodos mais robustos associados ao modelo ganha relevância. Nota-se também que a utilização de PG como parte desse processo é ainda restrita, o que configura uma oportunidade de crescimento do conhecimento tecnológico.

1.5 PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS

Diante dos objetivos propostos para este Trabalho de Conclusão de Curso propõe-se buscar variadas bibliografias, com o fim de embasar a argumentação teórica do desenvolvimento. Concomitantemente, visa-se redigir a explicação teórica do processo de identificação de sistemas utilizando modelo NARX associado à PG. Além disso, desenvolve-se o código no *software* MATLAB para a execução da metodologia.

Em seguida, parte-se para a aplicação do método proposto de identificação. Emprega-se a PG na identificação de dois sistemas com características não-lineares. Compara-se, então, o modelo proposto com um apurado pelo método de determinação de parâmetros ótimos, o Método dos Mínimos Quadrados - MMQ, simulando ambos e verificando a diferença através do MSE - *Mean Square Error*.

1.6 ESTRUTURA DO TRABALHO

Este trabalho seguirá a seguinte estrutura: no primeiro capítulo contextualiza-se o problema a ser abordado, a razão pela qual selecionou-se tal assunto, os objetivos do trabalho e os procedimentos adotados para garantir o cumprimento dos objetivos propostos. No capítulo dois, é descrito o processo de identificação de sistemas, dando enfoque a temas associados ao modelo NARX, bem como propriedades matemáticas relevantes à sua aplicação adequada. O capítulo três tem como foco a descrição teórica dos cálculos e funcionamento da metodologia da PG aplicada ao tópico de identificação de sistemas.

Realiza-se a determinação dos critérios adotados no desenvolvimento da PG no capítulo quatro. São justificados os parâmetros da PG conforme os tópicos desenvolvidos nos capítulos dois e três. O desenvolvimento dos conhecimentos associados ao MMQ é realizado no quinto capítulo. O sexto capítulo compreende a aplicação da PG descrita na identificação de sistemas reais, como também a apresentação de conclusões preliminares da aplicação da PG para a identificação de sistemas.

As conclusões a respeito do método aplicado, a discussão sobre suas implicações e um relato do desenvolver da pesquisa serão expostos no sétimo capítulo deste trabalho. Por fim, serão expostas, no oitavo capítulo, sugestões para se dar continuidade ao tema desenvolvido neste TCC.

2 MODELAGEM MATEMÁTICA DE SISTEMAS

Neste capítulo serão tratados temas relacionados a identificação de sistemas.

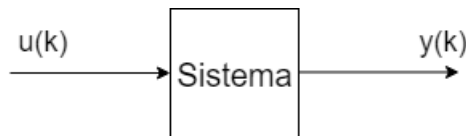
2.1 CONCEITOS MATEMÁTICOS

Para que se possa compreender adequadamente o desenvolvimento teórico da identificação de sistemas, é necessário que se realize uma conceituação básica de alguns pontos no âmbito matemático. Os temas descritos nesta seção são relevantes para que o contexto no qual qualifica-se o modelo NARX seja explorado conforme o âmbito deste TCC.

2.1.1 LINEARIDADE

Adota-se como representação de um sistema genérico o diagrama exposto na Figura 1, em que a interação entre um sinal de entrada $u(k)$ e um dado sistema produz o sinal de saída $y(k)$. Essa relação entrada-sistema-saída pode ser expressa através do operador “ \rightarrow ”, de forma que, para o sistema da Figura 1, é válida a relação $u(k) \rightarrow y(k)$.

Figura 1: Exemplo de um Sistema Genérico.



Fonte: Criação Própria.

“Um sistema é dito linear quando a resposta a uma combinação linear de entradas é a combinação de saídas correspondente a cada entrada individual” (LJUNG, 1987, tradução nossa, p.13). A conceituação de Ljung, portanto, pode ser expressa pela relação (2).

$$\alpha u_1(k) + \beta u_2(k) \rightarrow \alpha y_1(k) + \beta y_2(k), \quad (2)$$

sendo $\alpha, \beta \in \mathbb{R}$, $k \in \mathbb{N}$ e $y_1(k), y_2(k) \in \mathbb{R}$ os sinais de saída correspondentes aos respectivos sinais de entrada independentes $u_1(k), u_2(k) \in \mathbb{R}$.

O princípio da superposição é o elemento fundamental da linearidade. O conceito

determina que um sistema de saída $y(k)$ pode ser dividido em subsistemas com saídas $y_1(k)$ e $y_2(k)$ interindependentes.

Esta independência entre os subsistemas justifica a definição de Ljung. Ao se incidir o sinal de entrada $u_1(k)$ no primeiro subsistema, $y_1(k)$ será gerado. Aplicando-se o coeficiente multiplicativo α ao sinal $u_1(k)$, o sinal de saída corresponderá a $\alpha y_1(k)$. Analogamente, o subsistema 2 produzirá o sinal $\beta y_2(k)$. Pelo princípio da superposição, o sinal resultante será a soma das saídas $\alpha y_1(k)$ e $\beta y_2(k)$ conforme descrito por (2).

Sistemas lineares respondem também, como consequência, à relação (3).

$$u(k) = 0 \rightarrow y(k) = 0. \quad (3)$$

Distingue-se essa propriedade pela garantia de que não existe um *offset* no sinal de saída devido a características internas do sistema.

2.1.2 CAUSALIDADE

A causalidade é a propriedade que determina se um sistema corresponde ao princípio da causa e efeito. Em termos de análise de sinais, um sistema causal é aquele cuja saída $y(k)$ depende apenas de valores presentes ou passados de entrada $u(k)$ ou saída $y(k)$ (LJUNG, 1987):

$$y(k) = g(u(k), u(k-1), \dots, u(k-n), y(k-1), \dots, y(k-m)), \quad (4)$$

em que $k \in \mathbb{N}$, $u(k)$, $y(k) \in \mathbb{R}$ e $g: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$.

A não-causalidade de um sistema denota que o sinal de saída depende de uma combinação de sinais de entrada e saída futuros. Tal característica implica que o sistema não é exequível em situações naturais. Isso não significa, porém, que sistemas não-causais sejam impossíveis. Sistemas não-causais podem existir, por exemplo, quando se realiza o processamento digital de sinais em batelada, no qual os dados do sistema foram coletados previamente.

2.1.3 INVARIÂNCIA NO TEMPO

O sistema genérico descrito em (5) é caracterizado como invariante no tempo se a derivada de $g(\cdot)$ em relação ao tempo for igual a zero. Esta definição implica que o

sistema não é afetado pela passagem do tempo. Sendo $u(t) \rightarrow y(t)$ verdadeiro $\forall t$.

$$y(t) = g(u(t), t), \quad (5)$$

em que $g : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ é uma função do sinal de entrada $u(t) \in \mathbb{R}$ e do tempo instantâneo t e $y(t) \in \mathbb{R}$ o sinal de saída do sistema.

2.1.4 TRANSFORMADA DE FOURIER

A transformada de Fourier possibilita determinar a equação correspondente de um dado sinal no domínio da frequência. Essa característica é explorada em diversas áreas técnicas e científicas. A transformada é amplamente utilizada, por exemplo, no projeto de filtros de sinais determinísticos. Nesse caso, a análise é feita observando-se a curva resultante da transformada de Fourier do sinal avaliado, sendo eliminadas as bandas de frequência indesejadas ao processo específico por meio de filtros digitais ou analógicos.

A definição da transformada de Fourier $\mathfrak{F}\{.\}$ de $f(t)$ é descrita na equação (6).

$$F(\omega) = \mathfrak{F}\{f(t)\} = \int_{-\infty}^{\infty} f(t)e^{-j\omega t} dt, \quad (6)$$

sendo $t, \omega \in \mathbb{R}$, $\mathfrak{F} : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$, $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$, $F : \mathbb{C} \rightarrow \mathbb{C}$ e j a unidade imaginária.

Define-se a operação inversa da transformada de Fourier $\mathfrak{F}^{-1}\{.\}$ de $F(\omega)$ como:

$$f(t) = \mathfrak{F}^{-1}\{F(\omega)\} = \frac{1}{2\pi} \int_{-\infty}^{\infty} F(\omega)e^{j\omega t} d\omega. \quad (7)$$

2.1.5 CONVOLUÇÃO

A convolução é uma operação linear entre duas funções que resulta em uma terceira função. Pode ser interpretada como a soma dos produtos entre as funções ao longo da região compreendida pela superposição dos sinais em função do deslocamento entre elas. Define-se a convolução entre as funções $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ e $g : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ como o resultado da integral exposta na equação (8).

$$h(x) = f(x) * g(x) = \int_{-\infty}^{\infty} f(u)g(x-u) du, \quad (8)$$

em que x e $u \in \mathbb{R}$ e $h : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$.

A convolução no domínio discreto é definida pela equação (9).

$$h(k) = f(k) * g(k) = \sum_{n=-\infty}^{\infty} f(n)g(k-n). \quad (9)$$

2.1.6 SINAL IMPULSO E O DELTA DE DIRAC

O sinal impulso é um sinal cuja amplitude tende ao infinito e é concentrada em um determinado momento infinitesimal t_0 . A representação do impulso no tempo é feita pelo Delta de Dirac. Expresso pela letra grega δ , o Delta de Dirac descreve um impulso no instante t . Algebricamente:

$$\begin{aligned} \delta(t_0) &= \infty, \text{ para } t = t_0, \\ \delta(t_0) &= 0, \text{ para } t \neq t_0, \end{aligned} \quad (10)$$

sendo $t_0, t \in \mathbb{R}$.

O Delta de Dirac possui a peculiaridade de possuir integral de valor unitário conforme (11). Esse resultado parte da interpretação de que $\delta(t)$ é uma distribuição probabilística normal concentrada em t_0 , e não pode ser definida como uma função (DEGEN, STREIT, KOCH, 2015).

$$\int_{-\infty}^{\infty} \delta(t) dt = 1. \quad (11)$$

2.1.7 AMOSTRAGEM E CRITÉRIO DE NYQUIST

Como a demanda por processamento e tratamento digital de sinais é cada vez mais presente no cotidiano científico e tecnológico, surge a demanda pela discretização dos sinais de tal forma que se tenha amostras com representatividade do sinal real contínuo observado (LJUNG, 1987). A amostragem é o processo pelo qual se coleta os valores de uma função contínua em determinados pontos, caracterizando parte do processo de transformação contínuo-discreta.

O intervalo de tempo entre duas amostras é chamado de período de amostragem, T_s . O processo de amostragem pode ser realizado pela convolução do sinal analisado com um sinal trem de impulsos $p(t)$ com o intervalo de amostragem T_s exposto na equação

(12).

$$p(t) = \sum_{k=-\infty}^{\infty} \delta(t - kT_s), \quad (12)$$

$$y_p(t) = y(t) * p(t). \quad (13)$$

Assim, a convolução entre $y(t)$ e $p(t)$ pode ser expressa por (14).

$$y_p(t) = y(t) * p(t) = \sum_{k=-\infty}^{\infty} y(t) \delta(t - kT_s), \quad (14)$$

em que $y_p(t) \in \mathbb{R}$ é o sinal amostrado, $y(t) \in \mathbb{R}$ é o sinal contínuo original e $p(t) \in \mathbb{R}$ é o sinal trem de impulsos com período T_s .

A determinação do valor de T_s é vital para que o processo de amostragem abranja todas as características do sistema (DANTAS, 2013). Diante disso, foi desenvolvido o método de cálculo de tempo de amostragem via critério da frequência de Nyquist, ou teorema de Shannon (AGUIRRE, 2015), sendo esse caracterizado enquanto o sistema é analisado em sua resposta em frequência.

Caso a frequência de amostragem ω_s seja muito baixa, haverá perda de qualidade do sinal amostrado tanto pela distância entre os pontos amostrados quanto pelo efeito denominado *aliasing*, em que o sinal é distorcido devido à sobreposição de valores diferentes para um mesmo momento de amostra.

Shannon determina que ω_s deve ser maior que o dobro da componente de maior frequência do sinal amostrado ω_m . Entretanto, segundo Aguirre (2015), o limite mais frequentemente empregado é o de (15), para compensar qualquer inexatidão nos métodos de determinação do valor da frequência ω_m .

$$\omega_s = \frac{2\pi}{T_s} > 10 \omega_m. \quad (15)$$

2.2 INTRODUÇÃO À IDENTIFICAÇÃO DE SISTEMAS

A capacidade de elaborar modelos a partir de dados observados é um elemento essencial da ciência. Essa habilidade recebe nomes específicos conforme a área científica que a utiliza. No contexto de controle, dá-se a essa capacidade o nome de identificação

de sistemas (LJUNG, 2008).

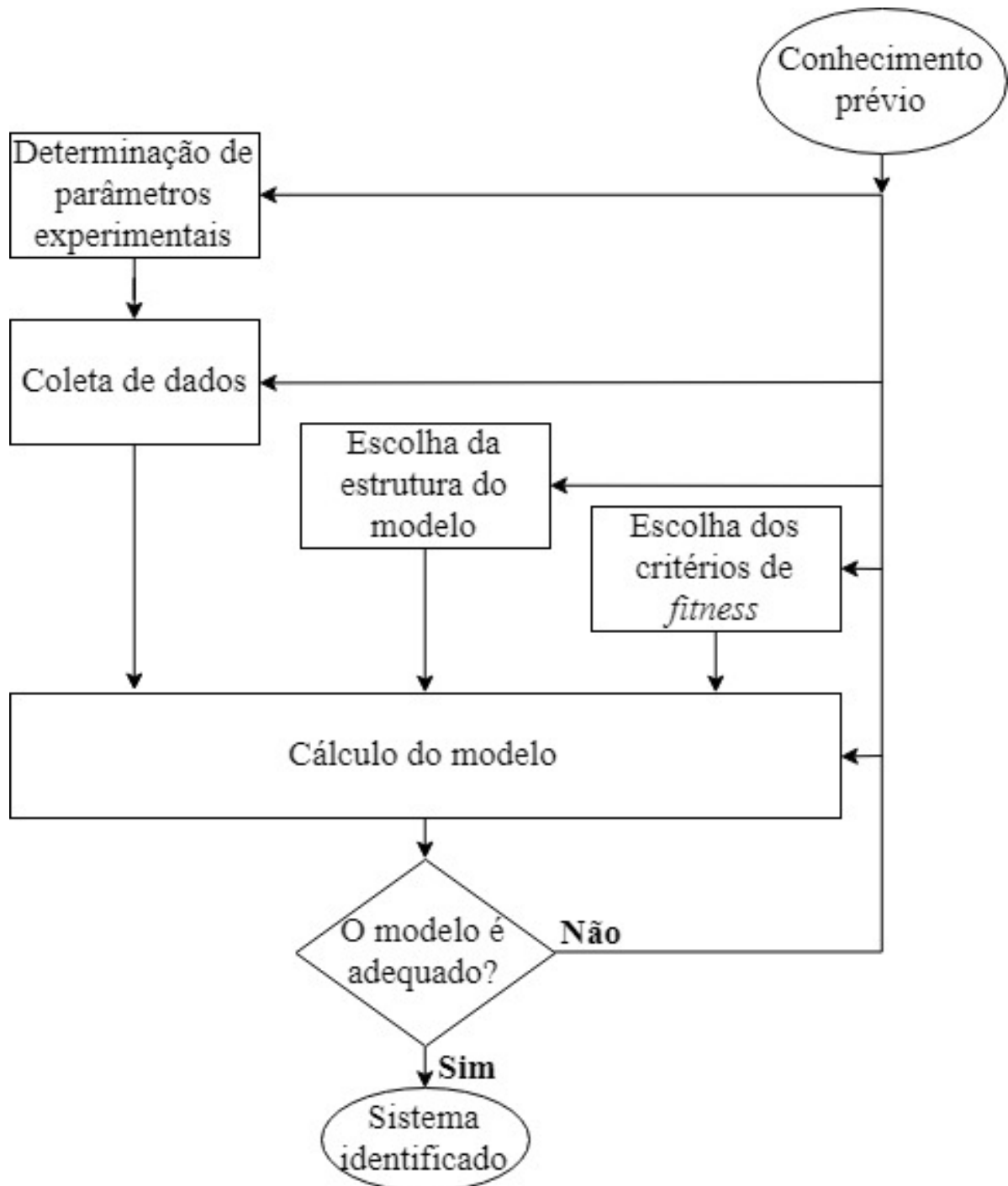
Há uma diferença no que categoriza identificação de sistemas e a chamada modelagem caixa-branca. Apesar de ambos terem o fim de encontrar um modelo para explicar o comportamento de um dado sistema, a modelagem caixa branca requer conhecimento prévio das variáveis que compõe o sistema (AGUIRRE, 2015). A identificação, por sua vez, baseia-se fundamentalmente em experimentação (LJUNG, 1987), configurando uma modelagem de tipo caixa-preta, definida como tal por não requerer conhecimento das propriedades físicas que determinam como o sistema se comporta (AGUIRRE, 2015). Por exemplo, o processo de modelagem caixa branca de um circuito eletrônico envolve o conhecimento dos seus componentes e como eles afetam a saída a ser analisada. Na identificação de sistemas, o procedimento compreende submeter dados obtidos de entrada e saída a uma análise para que se possa inferir um modelo matemático.

A técnica de identificação de sistemas consiste na execução de alguns procedimentos que promovem o desenvolvimento de modelos matemáticos adequados ao determinado pela demanda (DANTAS, 2013), conforme a Figura 2. Inicialmente, há a coleta de dados. Nesta fase, trata-se de se obter informações dos sinais de entrada e saída para posterior análise. A maneira pela qual se executa o experimento, o projeto do experimento, é essencial para se obter bons modelos (SODERSTROM, STOICA, 1987). Para se ter um experimento com bom projeto, por exemplo, incide-se sobre o sistema sinais que conhecidamente permitem uma boa extração de informações quanto ao comportamento dinâmico do sistema (LJUNG, 1987). O sinal de impulso $\delta(k)$ é relevante justamente por esta capacidade.

Na sequência, parte-se para a etapa de determinação da estrutura do modelo (DANTAS, 2013). A estrutura do modelo é definida primariamente pela ordem a ser adotada. Um exemplo de método de estimação de ordem consiste em observar o comportamento do modelo à medida que essa é aumentada. O grau de não-linearidade de um modelo, se muito superior a do sistema real, poderá levar a uma estimação mal condicionada de parâmetros. Caso seja muito inferior, o modelo não será representativo do comportamento dinâmico do sistema (AGUIRRE, 2015).

A qualidade do modelo resultante é então aferida, sendo o modelo caracterizado como suficientemente representativo do comportamento do sistema caso atenda aos critérios especificados (LJUNG, 1987).

Figura 2: Fluxograma do processo de identificação.



Fonte: Adaptado de LJUNG (1987).

2.2.1 MODELAGEM DE SISTEMAS LINEARES

A utilização de métodos de identificação por meio da aplicação de modelos lineares é prática comum tanto nos meios acadêmicos quanto nos meios técnicos. Esse comportamento é explicado devido à simplicidade, relativamente aos modelos não-lineares, e agilidade no processamento dos modelos em meios computacionais. Os modelos que utilizam essa abordagem apresentam resultados adequados à demanda em várias situações, apesar de se tratar de uma idealização das não-linearidades que acontecem na realidade (LJUNG, 1987). Conforme Aguirre (2015), de modo geral, representam-se os modelos lineares conforme a equação (16).

$$A(q)y(k) = \frac{B(q)}{F(q)}u(k) + \frac{C(q)}{D(q)}\nu(k), \quad (16)$$

em que os valores de $A(q)$, $B(q)$, $C(q)$, $D(q)$ e $F(q)$ são caracterizados conforme (17) e $\nu(k)$ é o ruído branco (largo espectro de frequência) que incide no sinal.

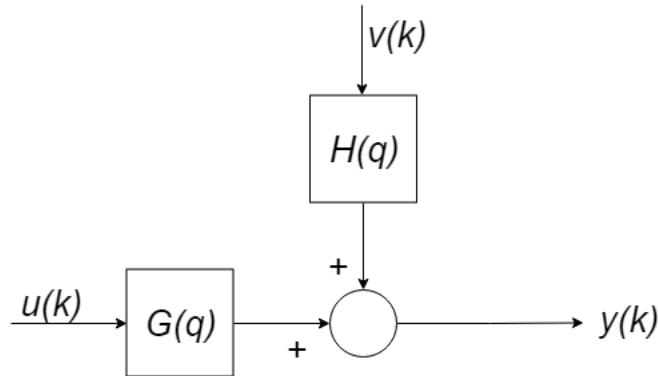
$$\begin{aligned} A(q) &= 1 - a_1q^{-1} - \dots - a_{n_y}q^{-n_y}, \\ B(q) &= b_1q^{-1} + \dots + b_{n_u}q^{-n_u}, \\ C(q) &= 1 + c_1q^{-1} + \dots + c_{n_\nu}q^{-n_\nu}, \\ D(q) &= 1 + d_1q^{-1} + \dots + d_{n_d}q^{-n_d}, \\ F(q) &= 1 + f_1q^{-1} + \dots + f_{n_f}q^{-n_f}. \end{aligned} \quad (17)$$

O operador de atraso q^{-n} é definido tal que $y(t)q^{-n} = y(t-n)$. No domínio da frequência, tem-se o mesmo conceito de operador de atraso, caracterizado pela variável complexa z , de forma que $y(k)z^{-n} = y(k-n)$.

Adotando a nomenclatura usual de identificação e os termos expostos em (17), tem-se caracterizado que $G(q)$ define a função de transferência do processo e $H(q)$ a do ruído, determinados conforme (18). Desta forma, pode-se representar um modelo geral por meio do diagrama da Figura 3.

$$\begin{aligned} G(q) &= \frac{B(q)}{F(q)A(q)}, \\ H(q) &= \frac{C(q)}{D(q)A(q)}. \end{aligned} \quad (18)$$

Figura 3: Esquema de representação de um modelo geral.



Fonte: Adaptado de AGUIRRE (2015).

2.2.1.1 MODELO ARX

O modelo ARX, do inglês, *AutoRegressive with eXogenous inputs*, pode ser obtido por meio da equação (16) adotando as simplificações descritas na equação (19). $A(q)$ e $B(q)$ são polinômios arbitrários. O modelo portanto apresenta a caracterização exposta na equação (20).

$$C(q) = D(q) = F(q) = 1, \quad (19)$$

$$A(q)y(k) = B(q)u(k) + \nu(k). \quad (20)$$

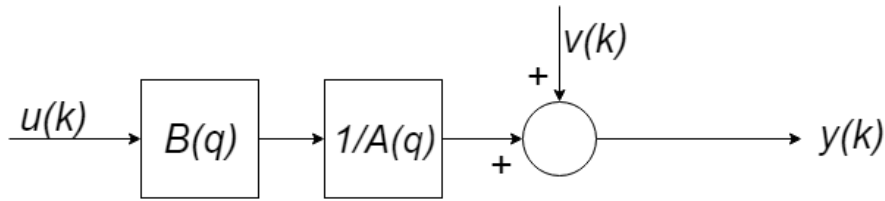
É comum, porém, a aplicação da simplificação exposta em (21) ao modelo ARX genérico de (20), resultando na equação definida em (22). Isso garante que a modelagem do sistema não inclua um termo de filtragem autorregressiva $A(q)$ atuante sob o ruído $\nu(k)$, mantendo sua característica de ruído branco (AGUIRRE, 2015). O modelo resultante é exposto na Figura 4.

$$G(q) = \frac{B(q)}{A(q)}, \quad H(q) = 1. \quad (21)$$

Tem-se, portanto:

$$y(k) = \frac{B(q)}{A(q)}u(k) + \nu(k). \quad (22)$$

Figura 4: Esquema da representação geral do modelo ARX.



Fonte: Adaptado de AGUIRRE (2015).

Em um dado sistema, os regressores são responsáveis pela caracterização de seu comportamento dinâmico. Os regressores são variáveis independentes que configuram a relação entre a saída e as variáveis atuais e passadas de um sistema causal. Os parâmetros, por sua vez, são as constantes presentes tanto na relação entre as combinações de regressores quanto isoladamente no modelo final. A utilização de modelos lineares permite adotar a forma de expressão de $y(k)$ em função das matrizes compostas por regressores e parâmetros conforme a equação (23).

$$y(k) = \Phi^T \theta, \quad (23)$$

sendo $y(k)$ o sinal de saída, Φ^T a matriz transposta de regressores e θ , a matriz de parâmetros.

Por exemplo, no caso de um sistema representado por $y(k) = 5y(k-1) + 4u(k)$, pode-se adotar a forma da equação (23), resultando na equação (24)

$$y(k) = \begin{bmatrix} y(k-1) & u(k) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 5 \\ 4 \end{bmatrix}. \quad (24)$$

2.2.2 MODELAGEM DE SISTEMAS NÃO-LINEARES

A adoção de estruturas de modelos não-lineares para descrever um sistema pode implicar em uma exigência maior de recursos computacionais, mas existe a possibilidade de obter um modelo mais representativo do fenômeno observado (AGUIRRE, 2015). Apesar desse ganho de precisão na modelagem de sistemas reais, que são não lineares, essa não é a maior motivação para a escolha deste tipo de modelo. Justifica-se o aumento da complexidade dos algoritmos quando se deseja modelar comportamentos dinâmicos que os modelos lineares não são capazes de reproduzir, como em uma geladeira, em que a

potência elétrica configura a entrada do sistema e a temperatura interna a sua saída (AGUIRRE, 2015).

2.2.2.1 MODELOS NARX

Segundo Dantas (2013), o modelo NARX, do inglês *Nonlinear AutoRegressive model with eXogenous inputs*, é capaz de abranger uma classe importante de sistemas não-lineares discretos no tempo. Ele consiste em expressar o valor atual $y(k)$ com valores prévios de entrada e saída conforme a equação (25).

$$y(k) = F^l[y(k-1), \dots, y(k-n_y), u(k-\tau_d), \dots, u(k-n_u)], \quad (25)$$

em que os valores de n_y , n_u e τ_d representam, respectivamente, os maiores atrasos na saída, na entrada e o atraso mínimo na resposta do sistema a uma entrada, denominado tempo morto. Na aplicação do modelo NARX, F^l pode ser um polinômio de grau l de forma previamente não conhecida (DANTAS, 2013).

Nota-se que, com o aumento do grau de não-linearidade do modelo, ocorre o fenômeno de explosão combinatória dos regressores. Um método comumente utilizado para determinar as relações entre os regressores é o da TRE - Taxa de Redução de Erros (DANTAS, 2013).

Apesar das não-linearidades nos regressores, o modelo NARX pode ser linear nos parâmetros. Isso implica que este modelo pode ser representado na forma da equação (23). Existe também a representação através do modelo polinomial de Kolmogorov-Gabor, descrito na equação (26) (AGUIRRE, 2015).

$$y(k) = \sum_i c_i \prod_{j=1}^{n_y} y(k-j) \prod_{r=\tau_d}^{n_u} u(k-r), \quad (26)$$

sendo que $c_i \in \mathbb{R}$ são os parâmetros do modelo, j e $r \in \mathbb{N}$ são os atrasos dos sinais de entrada $u(k)$ e saída $y(k)$ respectivamente, $\tau_d \in \mathbb{N}$ é o tempo morto e n_u e $n_y \in \mathbb{N}$ são os atrasos máximos dos sinais de entrada e saída no modelo respectivamente.

2.3 CONCLUSÕES PARCIAIS

Neste capítulo, foram abordados conceitos matemáticos referentes ao tema da identificação de sistemas, como a linearidade, causalidade, invariância no tempo e

correlação. O critério de frequência de amostragem pelo teorema de Shannon também foi exposto, além de um critério prático definido por Aguirre (2015). Por fim, conceituou-se o processo de identificação de sistemas lineares e não-lineares, sendo esses aplicáveis através das estruturas de modelo ARX e NARX demonstradas.

A partir dessas conceituações, a técnica da computação evolucionária denominada Programação Genética, PG, pode ser desenvolvida no âmbito da identificações de sistemas delimitado neste TCC.

3 PROGRAMAÇÃO GENÉTICA

Neste capítulo, o tema da Programação Genética, PG, e sua aplicação no âmbito de identificação de sistemas será abordado.

3.1 DEFINIÇÃO GERAL DA PROGRAMAÇÃO GENÉTICA

A Programação Genética - PG - é uma ferramenta de simplificação do processo de autocorreção e autogeração de programas, embasada no conceito darwiniano de *survival and reproduction of the fittest*, ou sobrevivência e reprodução dos mais aptos (KOZA, 1994). A aferição da qualidade do modelo gerado é feita por um valor de mérito, *fitness*, que representa a capacidade deste modelo de solucionar o problema. A simplicidade e robustez do método têm garantido sua utilização em diversas áreas de conhecimento, tais como otimização de soluções, aprendizado de máquina, desenvolvimento de estratégias e fórmulas matemáticas, análise de modelos econômicos, entre outros (POZO, 2002 apud MITCHELL, 1997).

O desenvolvimento conforme a metodologia proposta pela PG é composto por etapas bem definidas, descritas no esquema da Figura 5. Inicialmente, gera-se uma população inicial de modo aleatório. Esta população inicial pode ou não ser gerada dentro de certos moldes, que buscam, ao mesmo tempo, gerar diversidade inicial suficiente para o programa se desenvolver e reduzir a chance de divergência em algum dos passos evolutivos (POZO, 2002).

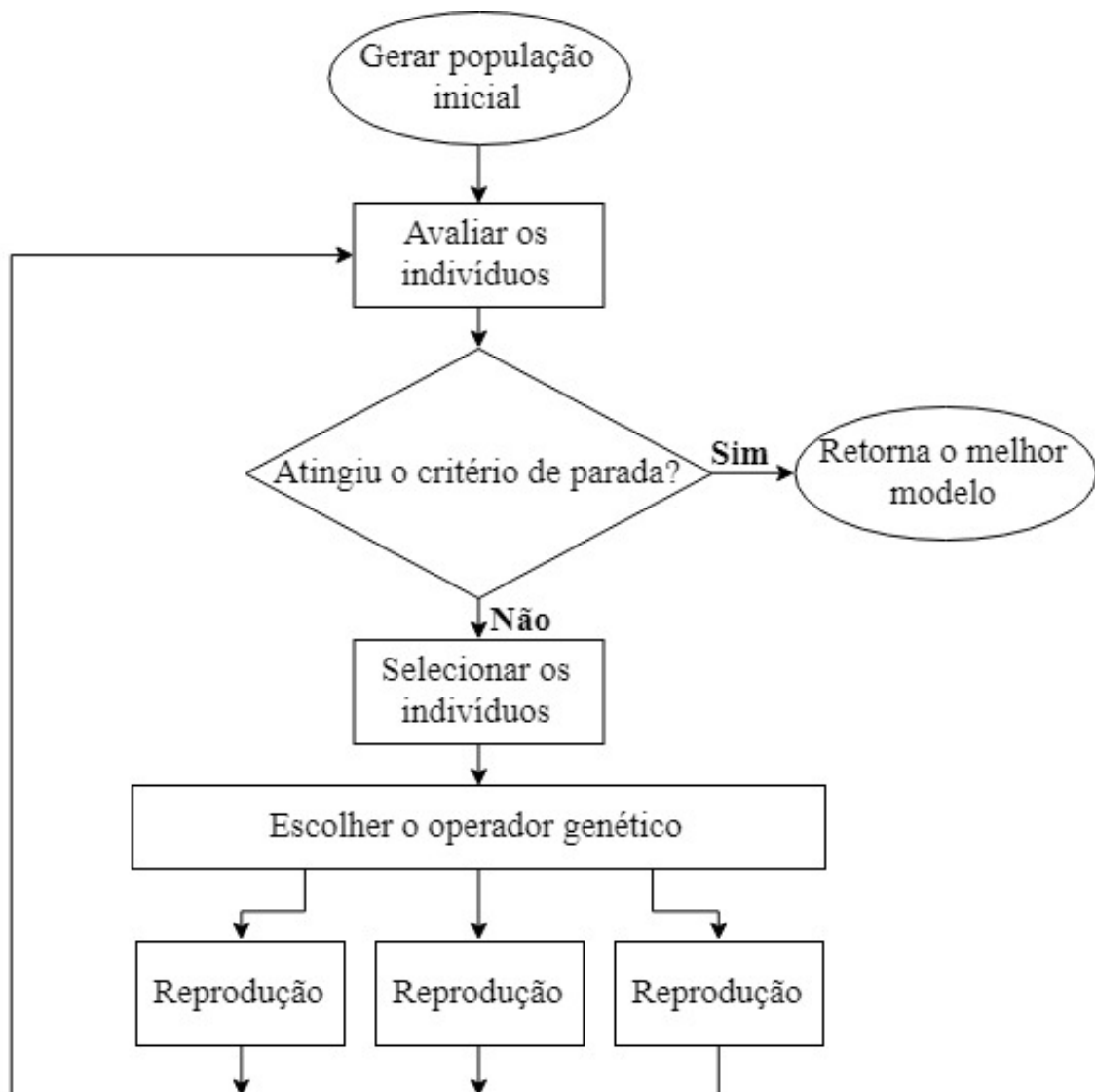
Gerada a população inicial, é utilizado o conceito de *fitness* para verificar a aptidão dos indivíduos genitores. Na natureza, assim como no desenvolvimento da PG, seres com maior grau de adaptabilidade ao ecossistema em que estão inseridos têm maior chance de sobreviver e reproduzir-se, passando adiante as informações contidas em seu código genético. O desenvolvimento da PG utiliza-se do *fitness* para atingir este objetivo: determinar quais são os candidatos mais adaptados à situação analisada, fazendo com que estes sejam selecionados para passar adiante suas informações.

Para todos os passos evolutivos da PG é verificado o chamado critério de parada dos programas da atual geração. Como o objetivo é obter um programa ou sistema que satisfaça as necessidades de resolução do problema - dentro de padrões aceitáveis, o processo pode ser finalizado quando o critério de parada, que deve ser previamente definido, for atingido (POZO, 2002).

Conhecendo-se os valores de *fitness* dos indivíduos com os quais se está iterando, o processo de seleção e reprodução visa separar os candidatos mais adaptados e reproduzi-los, sempre com o objetivo de passar adiante as propriedades dos indivíduos mais interessantes do ponto de vista evolutivo. Existem vários métodos de seleção, tais como roleta ou proporcional, torneio, truncamento, nivelamento linear, nivelamento exponencial, entre outros (POZO, 2002).

Selecionados os candidatos, os processos de transmissão genética para a próxima geração são aplicados através de operadores genéticos. Entre os principais operadores destacam-se cruzamento - ou *crossover* -, mutação e reprodução.

Figura 5: Esquema geral do processo de programação genética.

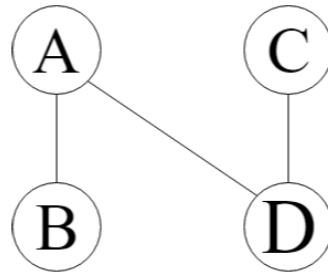


Fonte: Adaptado de POZO (2002).

3.2 REPRESENTAÇÃO GRÁFICA POR DIAGRAMAS EM ÁRVORES

Um dos fatores que diferencia a PG de outras formas de programação bio-inspirada é a caracterização da estrutura adotada por meio de objetos matemáticos denominados grafos em forma de árvore. Dado um conjunto de termos, ou nodos, não-vazio V e um conjunto R , que determina a relação entre os termos de V , pode-se configurar um grafo genérico $G(V, R)$. Na Figura 6, tem-se o grafo gerado a partir de $A, B, C, D \in V$ ligados de tal forma que $R = \{(A, B), (A, D), (C, D)\}$.

Figura 6: Grafo Genérico $G(V, R)$.



Fonte: Criação Própria.

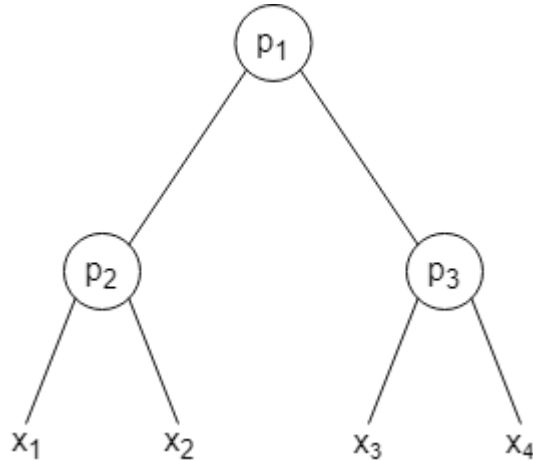
Os grafos utilizados na PG são enquadrados na categoria de grafos em forma de árvore. Nesses grafos, o conjunto A é constituído de forma a garantir uma relação hierarquizada entre os termos de V , conforme demonstrado na Figura 7. Quando aplicadas na PG, as estruturas-árvores são consideradas programas genéricos cuja forma e tamanho variam dinamicamente a cada etapa evolutiva (KOZA, 1994). A utilização da árvore simplifica a visualização das operações a serem realizadas. Além disso, auxilia no processo de identificação de pontos passíveis de evolução em uma determinada mudança de geração.

A representação de modelos matemáticos por meio das estruturas em forma de árvore pode ser feita conforme descrito na Figura 7. Os nós, representados pelos círculos contendo os termos p_k , tratam-se de operações e funções matemáticas. Os termos x_k , por sua vez, são denominados folhas ou terminais que, no caso da identificação de sistemas, podem ser uma constante independente, um regressor ou um parâmetro, determinados pela estrutura do modelo matemático.

Na PG, o processo de determinação de cada termo da árvore é feito de forma randômica. Escolhidos os conjuntos de possibilidades de funções matemáticas $F = \{.\}$ e dos terminais $T = \{.\}$, associa-se aleatoriamente os valores dos termos p_k e x_k conforme o conjunto correspondente (KOZA, 1994). Por exemplo, pode-se adotar um conjunto de

possibilidades de operações como $F = \{+, -, *\}$, do qual serão escolhidos três operações a serem associadas aos nós p_k . Assumindo que $p_1 = +$, $p_2 = *$ e $p_3 = -$, a estrutura do modelo gerado terá a forma $y(k) = x_1x_2 + x_3 - x_4$. O processo de escolha feito para o conjunto de possibilidades de terminais T é análogo.

Figura 7: Grafo Genérico em forma de Árvore.



Fonte: Criação Própria.

Apesar da aleatoriedade intrínseca ao processo evolutivo, a seleção dos termos p_k e x_k deve ser restrita às possibilidades que não alteram os critérios estabelecidos para identificar o sistema. Caso seja adotado um modelo padrão de segunda ordem, cada modelo gerado deve ser checado, sendo necessária a aplicação de uma alteração de estrutura ou penalidade no *fitness* dos modelos que não condizem com os parâmetros pré-determinados.

Chama-se de profundidade de uma estrutura-árvore a quantidade de níveis de aplicação de funções até que se alcance as folhas. No esquema genérico da Figura 7, observa-se dois níveis de nós distintos e o nível das folhas, o que configura uma árvore de profundidade três. A profundidade tem uma importância significativa na demanda computacional da execução de uma PG. Adota-se comumente um valor máximo para prevenir que o processo evolutivo tenda a uma árvore grande demais e, por consequência, a um produto final demasiadamente complexo.

3.3 POPULAÇÃO INICIAL

A população inicial de uma PG é o conjunto de estruturas-árvore que serve como ponto de partida ao processo evolutivo. A população inicial é gerada por um processo

randômico dentro do universo de possibilidades, delimitadas por regras de criação e os conjuntos de possíveis funções e terminais $F = \{.\}$ e $T = \{.\}$, respectivamente. Geralmente, restringe-se também a profundidade máxima da população inicial, para se evitar árvores muito grandes (POZO, 2002).

A identificação de sistemas envolve estabelecer critérios específicos para garantir um resultado esperado. A natureza aleatória da geração da população inicial, portanto, também deve ser restringida a um conjunto de regras de criação. Existe, porém, argumentos contra a imposição de regras delimitadoras muito específicas. O engessamento da estrutura das árvores reduziria o universo de possíveis soluções para o processo evolutivo, afetando a diversidade genética da população (KOZA, 1994), por exemplo.

A especificidade das regras de criação é, portanto, uma tarefa de balanceamento entre a manutenção de uma estrutura de modelo fixa e a liberdade de iteração entre gerações da PG. O ponto de equilíbrio neste caso envolve o compromisso de se ter o controle sobre os níveis mais profundos das árvores, verificando-se apenas se o modelo gerado condiz com a estrutura selecionada. Em caso contrário, aplica-se uma penalidade no *fitness* desta árvore, o que reduziria a probabilidade de dar continuidade evolutiva ao fenômeno.

Outro ponto relevante da população inicial é o número de indivíduos N_{ind} . Como a população é mantida constante durante a aplicação do processo evolutivo, a população inicial deve ter tamanho e variedade de árvores suficientes de forma que seja garantida a abrangência requerida do espaço de busca pela solução do problema (POZO, 2002).

3.4 *FITNESS*

O conceito da sobrevivência dos mais aptos é o cerne da PG. A métrica de aptidão de uma determinada solução gerada para resolver o que lhe é demandado é o que se denomina *fitness*. Indivíduos com melhores *fitness* são premiados com maiores probabilidades de serem selecionados à reprodução (POZO, 2002). Objetiva-se com isso garantir que as melhores características tenham as maiores chances de serem compartilhadas pelas gerações futuras.

A função de *fitness* trata de qualificar a adaptação de uma solução pela comparação entre o resultado produzido pelo processo evolutivo e o real (POZO, 2002). O problema é o fator determinante na escolha tanto da função de *fitness* quanto do método de avaliação da função. Um valor de *fitness* alto, por exemplo, pode ser adequado quando

este determina a eficiência do modelo gerado, mas quando se avalia o erro, mostra que este indivíduo deve ser penalizado na reprodução. Os métodos comumente utilizados de avaliação de *fitness* são o de aptidão nata, padronizada, ajustada e normalizada (KOZA, 1994).

A aptidão nata F_r , *raw fitness* (KOZA, 1994), é a medida equivalente ao valor produzido pela função de *fitness*. A avaliação do erro é a forma mais comum de aptidão nata, sendo frequentemente adotado o MSE como forma de cálculo (POZO, 2002). Para lidar com a dificuldade de interpretação de situações em que valores mais altos de *raw fitness* são mais benéficos, porém, pode-se utilizar o conceito da aptidão padronizada F_s , *standardized fitness*. Nesta, há um reajuste do valor da aptidão nata de forma que os melhores indivíduos terão o *fitness* mais próximo de zero (KOZA, 1994). Para isso, deve haver uma estimativa de um valor máximo para a aptidão nata, $F_{r \text{ max}}$. Se $F_r(k, g)$ é a aptidão nata do k -ésimo indivíduo da geração g , então determina-se sua aptidão padronizada $F_s(k, g)$ por meio da equação (27).

$$F_s(k, g) = F_{r \text{ max}} - F_r(k, g). \quad (27)$$

Como outra forma de determinação de *fitness*, tem-se a aptidão ajustada F_a , calculada pela equação (28). Um aspecto importante desse método de aferição de aptidão é o enquadramento dos resultados entre os valores zero e um. Essa propriedade permite um maior enfoque nas variações menores do valor de aptidão padronizada (KOZA, 1994).

$$F_a(k, g) = \frac{1}{1 + F_s(k, g)}. \quad (28)$$

A aptidão normalizada F_n por sua vez, além de ter suas possíveis saídas entre zero e um como a aptidão ajustada, tem como característica o fato de quanto maior o valor, mais apto será o indivíduo. Além disto, a soma de todos os *fitness* dos candidatos de uma geração é igual a um (KOZA, 1994). A aptidão normalizada é calculada pela equação (29), sendo que $N_{ind}(g)$ é o número de indivíduos na geração g .

$$F_n(k, g) = \frac{F_a(k, g)}{\sum_{i=1}^{N_{ind}(g)} F_a(i, g)}. \quad (29)$$

Embora existam características importantes do ponto de vista avaliativo nos demais métodos, a forma de aferição de aptidão nata é a mais frequentemente utilizada. Como a vasta maioria de tempo de computação do processo evolutivo é consumido pelo

cálculo de *fitness* de todos os indivíduos gerados (KOZA, 1994), qualquer complicação deste processo resulta em um aumento significativo no tempo de processamento da PG.

3.5 SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS

Em um processo iterativo de evolução, no qual se busca desenvolver um candidato apto ao ambiente ou problema através de interações genéticas entre candidatos inicialmente gerados, é de suma importância definir um método robusto e eficiente de escolha dos candidatos que irão produzir um novo indivíduo (KOZA, 1994).

A escolha dos indivíduos será baseada nas aptidões individuais dos candidatos para o problema proposto. Cada método avalia e utiliza esta característica de aptidão de forma diferente e esta maneira de utilização define o desempenho do método. Para a PG, existem cinco métodos principais: seleção proporcional ou roleta, torneio, truncamento, nivelamento linear e nivelamento exponencial (POZO, 2002). Neste trabalho serão analisados os métodos da Roleta, Torneio e Nivelamento Linear.

3.5.1 MÉTODO PROPORCIONAL OU ROLETA

No método de determinação de indivíduos por Roleta, todos os candidatos são “condensados” em um disco, similar a uma roleta, em que cada candidato representa uma fatia deste disco. O tamanho da representação de cada indivíduo é proporcional ao seu *fitness*. De modo a representar todos os candidatos nesta roleta, normaliza-se a aptidão dos candidatos, assim todos os valores serão restringidos entre zero e um (POZO, 2002). Finalizada a representação dos candidatos, um valor é gerado aleatoriamente entre zero e um, sendo que o valor coletado irá definir qual posição da roleta - ou qual candidato - será escolhido.

Este método foi extensamente utilizado nos primórdios da implementação de metodologias associadas à PG, mas a ineficiência que a aptidão normalizada causa no tempo de computação o tornou inviável em muitos processos evolutivos (KOZA, 1994).

3.5.2 TORNEIO

No método de seleção por Torneio, um grupo de indivíduos é escolhido aleatoriamente dentre todo o corpo de indivíduos. Esses candidatos disputam entre si, sendo selecionado aquele que possui o melhor valor de *fitness* (POZO, 2002).

Na natureza, o método de seleção por torneio é normalmente utilizado. É comum observar dois animais de uma espécie entrando em conflito pelo direito de acasalamento. Geralmente o mais forte e adaptado, o de melhor *fitness*, é o vencedor da disputa (BOEUF, 1974).

É importante ressaltar que se trata de uma medida de probabilidade e, portanto, nem sempre o melhor candidato é selecionado. Para garantir as chances de um candidato de *fitness* pior ser selecionado, é estabelecida uma probabilidade mínima de seleção denominada valor de corte (POZO, 2002).

3.5.3 NIVELAMENTO LINEAR

No método de seleção por Nivelamento Linear, todos os indivíduos são ordenados em função crescente de seu valor de *fitness*, sendo designado a cada indivíduo k da geração g um valor $i(k, g)$ correspondente ao seu índice nesta fila, de um a $N_{ind}(g)$ - número de indivíduos na geração g (POZO, 2002). Feito isso, determina-se a probabilidade $\rho(k, g)$ do candidato ser selecionado, conforme a equação (30).

$$\rho(k, g) = \frac{1}{N_{ind}(g)} \left\{ n^- + (n^+ - n^-) \frac{i(k, g) - 1}{N_{ind}(g) - 1} \right\}, \quad (30)$$

em que $n^- \geq 0$ e $n^- + n^+ = 2$.

Neste método, mesmo que dois candidatos possuam o mesmo valor de aptidão, eles terão probabilidades únicas de serem selecionados. Além disso, os valores de n^+ e n^- são de definição própria e representam a prioridade do melhor e do pior candidato serem selecionados, respectivamente. A seleção destas duas constantes pode direcionar o fluxo probabilístico de toda a população.

3.6 OPERADORES GENÉTICOS

Operadores genéticos podem ser descritos como a rotina de atualização e de transferência das características de um indivíduo - ou conjunto de indivíduos - de uma geração para a próxima (KOZA, 1994). Estas rotinas são responsáveis por coletar as informações contidas em uma determinada geração, alterá-las aleatoriamente, de forma individual ou plural, e passá-las para os candidatos da geração seguinte.

Os operadores têm a função de analisar a representação por grafos de uma estrutura e, conforme o tipo de interação definida, alterar a sua estrutura e transferi-

la para a próxima geração como um novo indivíduo. Em suma, os operadores genéticos são responsáveis pelo processo evolutivo do programa.

Segundo Koza (1994), os três métodos mais comuns de alteração e transferência de características são: reprodução, *crossover* e mutação.

3.6.1 REPRODUÇÃO

A operação de reprodução é a aplicação do princípio elementar darwiniano da seleção e sobrevivência dos mais aptos na Programação Genética (KOZA, 1994). A operação de reprodução é o prêmio máximo dado às estruturas-árvores com maior *fitness*, visto que no âmbito da PG a operação é assexual e corresponde a transferência integral e sem alterações da árvore para a geração seguinte (POZO, 2002).

A metodologia de seleção do indivíduo mais comum é a chamada seleção por proporcionalidade de *fitness* (KOZA, 1994). Nesse método, a probabilidade de um indivíduo ser selecionado para a reprodução $P_{rep}(k, g)$ é dada pela equação (31), sendo que $F_n(k, g)$ é o valor de *fitness* normalizado do k -ésimo indivíduo da geração g e N_{ind} o número total de indivíduos da geração g .

$$P_{rep}(k, g) = \frac{F_n(k, g)}{\sum_{i=1}^{N_{ind}(g)} F_n(i, g)}. \quad (31)$$

Como não há alteração no indivíduo, seu *fitness* permanecerá inalterado na mudança de geração. Isso possibilita uma redução significativa no tempo de processamento da PG. Conforme Koza (1994), caso seja aplicada a operação de reprodução em 10% dos indivíduos, a técnica produz uma redução imediata no tempo total de computação de uma ordem próxima a mesma porcentagem.

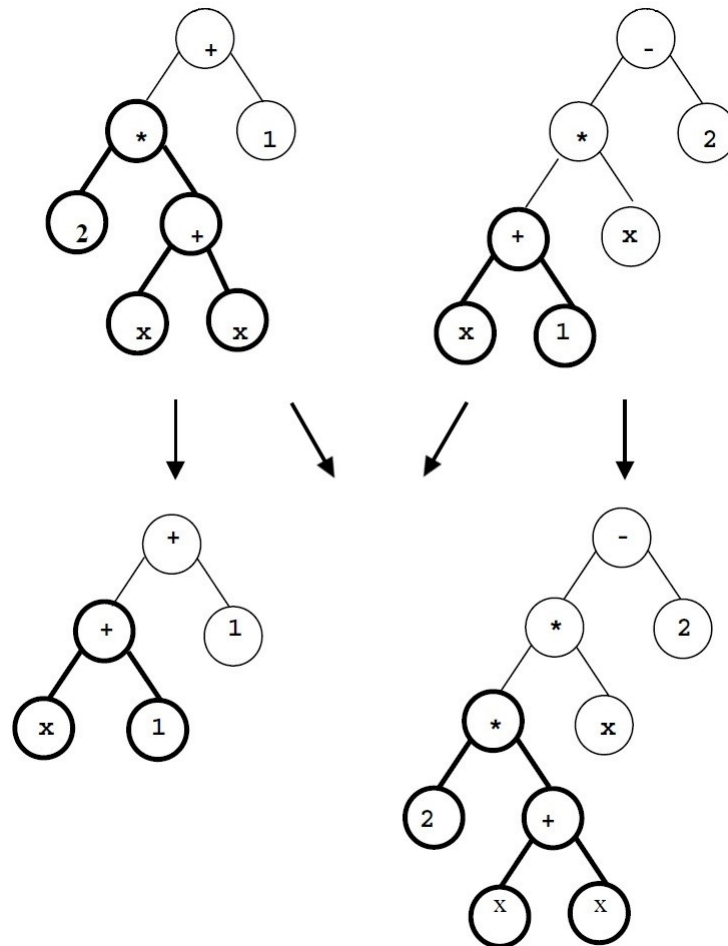
3.6.2 CROSSOVER

O processo de *crossover*, ou *crossing-over*, é o fenômeno biológico em que dois cromossomos diferentes se cruzam e trocam informações genéticas um com o outro. Após este processo, cada um dos cromossomos carrega parte da informação que pertencia ao outro.

Na PG, este processo segue exatamente a mesma dinâmica. Duas árvores, pré-selecionadas de acordo com os métodos de seleção, tem um de seus nós aleatoriamente escolhido. Todos os nós e folhas que estão abaixo deste nó são cruzados com os termos

abaixo de um nó aleatório do outro indivíduo selecionado. Este processo faz com que cada uma das duas árvores adquira informações que antes eram de outro indivíduo. O processo de *crossover* na PG é exemplificado pela Figura 8.

Figura 8: Exemplo de operação de *Crossover*.

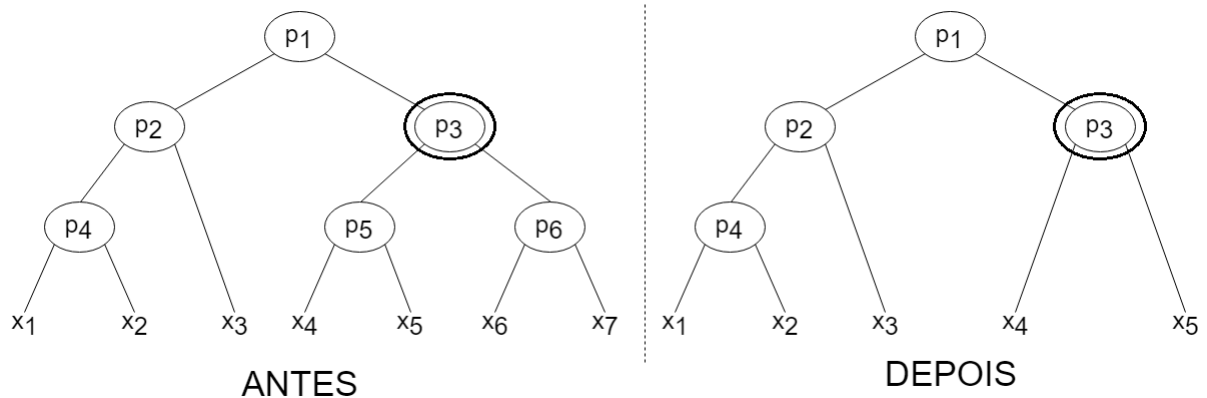


Fonte: Adaptado de POZO (2002).

3.6.3 MUTAÇÃO

A mutação, exemplificada na Figura 9, é a operação que consiste na seleção de um nó aleatório e consequente substituição da estrutura abaixo deste por outra gerada através de um processo aleatório (POZO, 2002). Apesar de ser uma operação benéfica na reintrodução de diversidade em uma população que está tendendo a convergir prematuramente (KOZA, 1994), também é típico de ser extinguido justamente um segmento que pode ter grande impacto na performance de etapas mais avançadas do processo evolutivo.

Figura 9: Árvores antes e depois da mutação aplicada no nó que contém p_3 .



Fonte: Adaptado de KOZA (1994).

Essas características fazem da mutação uma operação a ser aplicada preferencialmente em indivíduos de *fitness* padronizado, F_p , alto. Esta alternativa advém do fato de que a probabilidade de um indivíduo assim influenciar grandemente o processo evolutivo é pequena, mesmo que contenha um ramo que possa ser benéfico às gerações futuras.

3.7 CRITÉRIO DE PARADA

Os critérios de parada, ou término, de uma PG caracterizam a avaliação de quando se deve encerrar o processo evolutivo (POZO, 2002). Conforme a Figura 5, a cada nova geração, o critério é verificado e, caso o mesmo seja atingido, o melhor indivíduo desta última geração é determinado como a melhor solução para o problema. Em caso negativo, o processo evolutivo é continuado indefinidamente até que algum critério de término seja alcançado (POZO, 1992).

Os critérios mais amplamente utilizados envolvem a limitação do número de gerações a um valor máximo arbitrário e a determinação de um valor mínimo satisfatório para o *fitness* do melhor indivíduo (KOZA, 1994). Existe ainda o critério que avalia o desempenho de toda a população de uma geração, tendo continuidade o processo evolutivo caso exista uma melhoria no *fitness* médio observado (KRAMMER, 2000, apud POZO, 2002).

3.8 CONCLUSÕES PARCIAIS

A técnica de algoritmo baseado em computação evolucionária denominada Programação Genética, PG, e os tópicos necessários para sua implementação foram descritos neste capítulo. Definiu-se, primeiramente, a forma de representação de indivíduos por grafos em árvore, seus elementos nós e folhas e a propriedade denominada profundidade. A partir disso, foram descritos os temas de população inicial, métrica de aptidão de indivíduos, ou *fitness*, e funções de avaliação desse valor, métodos de seleção de indivíduos e os operadores genéticos da reprodução, *crossover* e mutação.

Foi relatado, também, que os indivíduos são avaliados a cada geração quanto ao chamado critério de término do processo evolutivo, a partir do qual tem-se a definição do melhor indivíduo. A execução do algoritmo evolucionário da geração da população inicial até que o critério de término seja alcançado foi definido como uma rodada.

Diante das definições descritas, o processo de parametrização e implementação do algoritmo da PG para a identificação de sistemas por modelos NARX pode ser realizado.

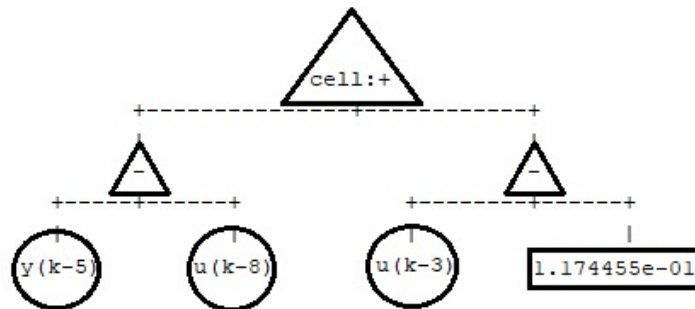
4 PARAMETRIZAÇÃO DA PROGRAMAÇÃO GENÉTICA

Neste capítulo, serão estabelecidos os tópicos referentes à aplicação dos parâmetros da PG.

4.1 ESTRUTURA DO PROGRAMA E POPULAÇÃO INICIAL

A estrutura-árvore de um indivíduo é, inicialmente, constituída por elementos vazios. O processo de preenchimento é realizado da maior profundidade ao nó primário, situado na profundidade um. Esse processo é constituído pela atribuição de funções matemáticas elementares, regressores e constantes a cada elemento, sendo que nenhum destes pode permanecer vazio, conforme demonstrado na Figura 10, cujo indivíduo pode ser expresso por $y(k) = [y(k-5) - u(k-8)] + [u(k-3) - 1,174455 \times 10^{-1}]$.

Figura 10: Exemplo de árvore gerada por PG.



Fonte: Criação Própria.

Na Figura 10, os regressores são representados pelos círculos, constantes pelos retângulos e funções pelos triângulos. Os elementos folha recebem os regressores e as constantes, obrigatoriamente, enquanto os nós recebem apenas as operações matemáticas.

A definição de parâmetros específicos da estrutura da árvore é essencial para se obter eficiência computacional e evolucionária do programa. Esses parâmetros buscam impor limitações às características construtivas do candidato e do modelo gerado a partir deste, sendo as principais a profundidade e o atraso máximo dos regressores, ou ordem máxima.

4.2 ROTINA EVOLUCIONÁRIA

O procedimento descrito pela Figura 5 determina que os primeiros passos para a execução de uma PG consistem em determinar os parâmetros construtivos dos candidatos e gerar a população inicial. A rotina evolucionária é composta pelos passos subsequentes, nos quais efetivamente ocorre o processo evolutivo. Nela, realiza-se o cálculo e a avaliação do valor de *fitness*, a seleção dos indivíduos e a aplicação dos operadores genéticos. Os candidatos gerados por esse processo constituem uma nova geração. A rotina é repetida até que se atinja algum critério de término.

4.2.1 METODOLOGIA DE CÁLCULO DE *FITNESS*

A aferição da aptidão nata dos candidatos é feita por meio do *Mean Square Error* - MSE. Este método permite mensurar a diferença entre o valor real e o obtido através do modelo calculado mediante a exponenciação ao segundo grau, conforme (32).

$$F_r(k, g) = MSE(k, g) = \frac{1}{N_{amost}} \sum_{i=0}^{N_{amost}} \left[y(i) - \hat{y}(i) \right]^2, \quad (32)$$

em que $F_r(k, g)$ é a aptidão nata do k -ésimo indivíduo da geração g , N_{amost} é o número de amostras do sinal real, $y(i)$ é o sinal medido no instante i e $\hat{y}(i)$ é o valor estimado para o instante i a partir do modelo gerado.

4.2.2 FUNÇÃO DE AVALIAÇÃO DE *FITNESS*

Emprega-se para a avaliação dos candidatos a função de *fitness* ajustada, exposto em (28). Esse método reduz os valores sem escala de *raw fitness* para um valor entre zero e um, sendo que um representa perfeita aptidão e zero representa incompatibilidade total. Tal decisão foi tomada para fins de simplificação do processo de avaliação dos indivíduos.

4.2.3 AVALIAÇÃO DE ESTRUTURA DOS CANDIDATOS

Todos os indivíduos são verificados de maneira a se apurar conformidade quanto aos parâmetros construtivos de árvore e de modelo, preestabelecidos de forma arbitrária como regra do processo evolutivo. Essa avaliação é feita através de uma análise ponto-a-ponto dos elementos da árvore. Uma vez que sejam identificados desvios com relação aos parâmetros determinados, o candidato em questão será penalizado através de um

fator multiplicativo, determinado empiricamente, no valor de 0,8 ao seu *fitness* ajustado. Esse valor foi determinado como suficientemente punitivo ao indivíduo infrator das regras do processo evolutivo, preservando-se ainda a probabilidade de que alterações significativamente impactantes em termos de MSE se propaguem no processo evolutivo. O mesmo fator, 0,8, é aplicado novamente para cada caso de não-correspondência aos termos estipulados.

4.2.4 SELEÇÃO DOS CANDIDATOS E OPERADORES GENÉTICOS

O primeiro operador genético aplicado é o da reprodução. Isso se justifica devido à independência de sua metodologia de aplicação em relação aos métodos de seleção. A probabilidade de um determinado candidato ser escolhido é correspondente a sua proporção em relação à soma do *fitness* da população de sua geração, de acordo com a equação (31).

O processo de *crossover*, por sua vez, depende dos métodos de seleção para identificar os indivíduos aos quais serão aplicados o operador. A forma de seleção utilizada para este fim é o de torneio, explorado na Seção 3.5.2.

Neste trabalho, adota-se a metodologia de seleção por meio da aplicação de dois torneios independentes, envolvendo três candidatos cada. Os selecionados são sujeitos ao *crossover*, originando dois indivíduos, que farão parte da próxima geração.

A probabilidade de ocorrência da mutação é não nula para qualquer candidato. A aplicação desse operador é inversamente proporcional ao valor de *fitness* padronizado, ou seja, quanto menos adaptado for um indivíduo, maior a chance deste sofrer mutação.

4.2.5 NOVA GERAÇÃO

A nova geração do processo evolutivo é constituída de todos os candidatos produzidos pela aplicação dos operadores genéticos na geração anterior. Os novos indivíduos são, então, introduzidos novamente à rotina evolutiva, dando prosseguimento ao processo evolutivo. Esse procedimento de criação-avaliação-modificação (POZO, 2002) permanece em continuidade até que se verifique que um critério de parada seja alcançado.

4.2.6 CRITÉRIO DE PARADA E APRESENTAÇÃO DO MELHOR CANDIDATO

Neste trabalho, adota-se como critério de término a estipulação de um valor máximo de gerações, tendo em vista a busca pela eficiência de tempo computacional. O melhor candidato, ou *bestfit*, é então determinado em razão do valor de MSE, e é dado como resultado final do processo evolutivo. O processo desenvolvido desde a geração da população inicial até a apresentação do melhor indivíduo é definido como uma rodada da PG.

4.3 CRITÉRIOS CONFIGURÁVEIS

Diante do objetivo de se elaborar uma ferramenta de identificação de sistemas por modelos NARX através da aplicação da PG, algumas características do processo de geração do modelo foram programadas de forma a serem alteradas livremente. Os itens configuráveis constituem alterações nas características de construção dos candidatos e parâmetros do processo evolutivo, sem influência na estrutura do processo descrita na Figura 5.

Ao permitir essas alterações, abre-se a possibilidade de se comparar modelos obtidos através de critérios diferentes. Os termos de livre alteração são:

- Critério de parada;
- Profundidade máxima das árvores;
- Número de indivíduos por geração;
- Atrasos máximos de sinal de entrada e sinal de saída retroalimentado e tempo morto;
- Operações matemáticas incluídas no conjunto de funções $F = \{.\}$.

4.4 CONCLUSÕES PARCIAIS

Foram descritos nesse capítulo os procedimentos e critérios de configuração da implementação do algoritmo da Programação Genética, PG, desempenhada neste TCC. Dentre os parâmetros descritos, estão a utilização do *Mean Square Error*, MSE, como métrica de aptidão, sendo esse valor avaliado pela função de *fitness* ajustada.

Além disso, foram tratados os processos de avaliação das estruturas dos indivíduos, a forma de seleção dos candidatos e a implementação dos operadores genéticos

e a utilização do critério de término por número de gerações. Por fim, foram expostos alguns critérios configuráveis do processo evolutivo, que podem ser alterados a cada nova rodada da PG.

Ao algoritmo descrito neste capítulo, o operador baseado no Método dos Mínimos Quadrados, MMQ, pode ser desempenhado como auxílio ao processo evolutivo.

5 O OPERADOR DO MÉTODO DOS MÍNIMOS QUADRADOS

Neste capítulo, serão abordados os tópicos conceituais básicos relevantes à aplicação do Método dos Mínimos Quadrados na PG desenvolvida. Além disso, será relatada a metodologia de implementação do método como operador do processo evolutivo.

5.1 INTRODUÇÃO AO MÉTODO DE MÍNIMOS QUADRADOS

Conforme Aguirre (2015), o Método dos Mínimos Quadrados - MMQ - é um método conhecido e amplamente utilizado em diversas áreas da ciência e tecnologia. Baseado em conceitos revelados por Gauss em seus estudos astronômicos, o MMQ é formulado de maneira que se reduza o erro de estimação de modelagem com base em uma função de custo (AGUIRRE, 2015). Aplicado aos modelos NARX, o método estima um conjunto de parâmetros capaz de reduzir o erro produzido pelo modelo sendo determinado, para um conjunto específico de regressores.

Assumindo que a matriz de parâmetros estimados $\hat{\theta}$ apresente um resíduo ξ ao modelar o comportamento de Y com o conjunto de regressores Φ^T , então, utilizando-se da forma de representação de modelos proposta em (23), tem-se a representação descrita em (33).

$$Y = \Phi^T \hat{\theta} + \xi, \quad (33)$$

sendo que $\xi \in \mathbb{R}$ é definido como o erro de modelagem do sinal Y com o conjunto de parâmetros estimados $\hat{\theta}$ e regressores Φ^T .

O MMQ utiliza a função de custo (34) para verificar a qualidade da capacidade de $\Phi^T \hat{\theta}$ de representar o conjunto de dados Y (AGUIRRE, 2015).

$$J_{MQ} = \xi^T \xi = \|\xi\|^2, \quad (34)$$

em que J_{MQ} é a função de custo a partir do resíduo ξ e $\|x\|$ é a norma vetorial de x .

A melhor solução para um dado problema pode ser determinada pela minimização de J_{MQ} . Caso J_{MQ} seja nulo, a combinação de regressores pode representar Y perfeitamente com o conjunto de parâmetros $\hat{\theta}$ (AGUIRRE, 2015). Por meio de (35),

é possível chegar a esse conjunto $\hat{\theta}$ ótimo para sistemas lineares, o que não representa zerar a função de custo J_{MQ} , mas determinar o seu valor mínimo dado o conjunto de regressores Φ .

$$\hat{\theta}_{MQ} = [\Phi^T \Phi]^{-1} \Phi^T Y. \quad (35)$$

O vetor $\hat{\theta}_{MQ}$ substitui, então, os parâmetros estimados $\hat{\theta}$ no modelo $\Phi^T \hat{\theta}$. Aplicado à PG, isso representa uma reformulação da árvore do indivíduo, sendo esta reestruturada de forma que os novos parâmetros correspondam a suas respectivas combinações de regressores.

O método apresentado pode ser declarado como o MMQ clássico. Conforme Aguirre (2015), essa versão do estimador não é a mais sofisticada, pois pode apresentar polarização. A polarização, ou tendência, do MMQ ocorre quando existe correlação entre a matriz de regressores e a modelagem de ruído $\nu(k)$, descritos, por exemplo, no modelo (22). O método do estimador dos mínimos quadrados ponderados, o estimador estendido de mínimos quadrados e, ainda, o estimador generalizado de mínimos quadrados são alternativas capazes de contornar essa polarização (AGUIRRE, 2015). Neste TCC, porém, será empregado o método clássico descrito por (35).

5.2 IMPLEMENTAÇÃO DO OPERADOR DO MMQ NA PROGRAMAÇÃO GENÉTICA

A aplicação de um operador de MMQ na PG consiste em encontrar o melhor conjunto de constantes $\hat{\theta}_{MQ}$ que minimize o erro J_{MQ} , dada a estrutura do modelo do indivíduo gerado pelo processo evolutivo. O processo de verificação dessa estrutura é definido neste trabalho como análise inversa, e é descrito na Seção 5.2.1. Para que os coeficientes calculados pelo operador de MMQ possam ser aplicados conforme a estrutura do modelo originário, emprega-se um mecanismo de reconstrução das árvores, definido na Seção 5.2.2. Realizados os dois procedimentos, insere-se novamente o indivíduo na rotina evolucionária.

5.2.1 ANÁLISE INVERSA

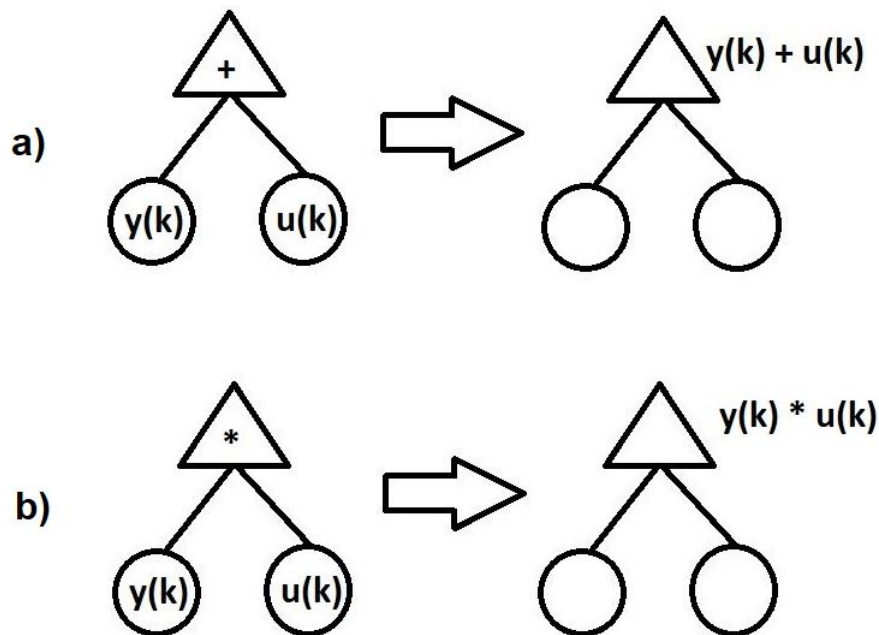
No algoritmo desenvolvido a partir da conceituação descrita até o capítulo 4, não eram conhecidas as combinações de regressores e parâmetros presentes nas árvores dos indivíduos. Os efeitos da estrutura do modelo eram compreendidos pelo resultado

final, avaliado através de funções desempenhadas na programação da PG. A estrutura de cada árvore apenas poderia ser observada como uma *string* segregada por separadores parênteses, conforme exemplificado por (36). Revelou-se a primeira dificuldade referente à inserção do operador de MMQ na programação: identificar as combinações existentes na estrutura do modelo, respeitando o que foi definido através da rotina evolucionária. Para isso, desenvolveu-se o processo de análise inversa.

$$y(k) = (((y(k-6) * 0,458) * (0,301 + u(k-2))) + (0,544 - 0,00217) - (0,924 * y(k-7))). \quad (36)$$

O processo da análise inversa consiste em observar cada par de folhas e o nó que as relacionam, o denominado nó-pai. Dado o conjunto de funções matemáticas definido como $F = \{+, -, *\}$, avalia-se a existência de dois cenários. O operador existente nos nós-pais pode ser ou de soma e subtração ou de multiplicação. No caso de soma e subtração, os conteúdos do par de folhas são operados pela soma, sendo essa aplicada mesmo nos casos em que o nó-pai possua operação de subtração, visto que os coeficientes dos regressores serão redefinidos com aplicação do operador de MMQ. A função determinada a partir disso é repassada para o nó-pai, conforme Figura 11a, e considerada como uma nova folha para efeito do processo da análise inversa.

Figura 11: Análise inversa da árvore do candidato - Dois cenários.



Fonte: Criação Própria.

Para a operação de multiplicação, aplica-se a operação distributiva entre as duas partes, sendo o resultado sintetizado no conteúdo do nó-pai. Isso é feito de maneira análoga ao processo desempenhado no caso de operadores de soma ou subtração, conforme a Figura 11b. Esse processo é repetido em todos os níveis da árvore até que se alcance o nó central, na profundidade um.

Além da identificação das combinações entre regressores, a análise inversa observa a existência de parâmetros que resultam em uma constante isolada no modelo final, denominada de constante pura. Simplificando a equação (36), obtém-se o resultado exposto em (37), em que 0,542 configura uma constante pura. Para que a estrutura da árvore definida pela PG possa ser mantida, as constantes puras devem ser tratadas como elementos da matriz Φ , de (35). O resultado obtido pela análise é um vetor $C = [\cdot]$, cujas células são preenchidas com as combinações entre regressores existentes na estrutura da árvore original e, caso aferida a existência de uma constante pura, a última célula assume o valor unitário.

$$y(k) = 0,458 y(k-6) u(k-2) + 0,138 y(k-6) - 0,924 y(k-7) + 0,542. \quad (37)$$

Gera-se a matriz Φ de forma que cada combinação de regressores ou constante pura averiguada no vetor $C = [\cdot]$ tenha uma coluna atribuída. O operador de MMQ descrito em (35) é, então, aplicado à matriz obtida, resultando em um vetor $\hat{\theta}_{MQ}$ de parâmetros ótimos para o conjunto $C = [\cdot]$.

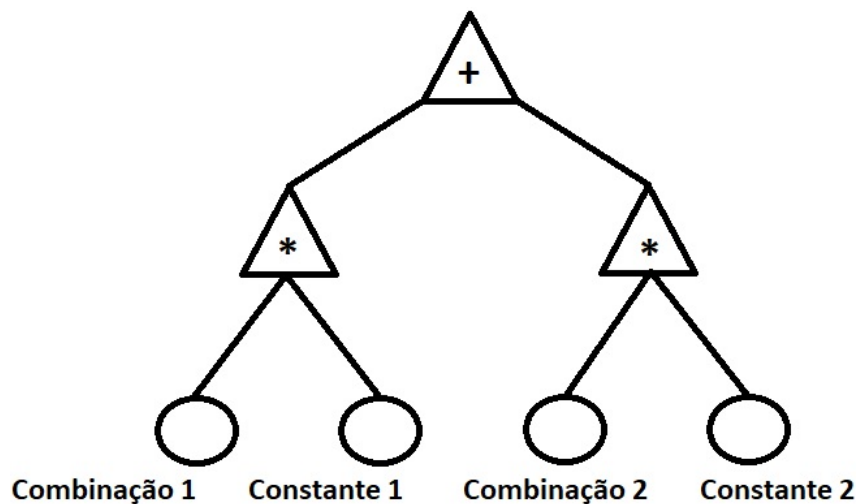
5.2.2 MECANISMO DE RECONSTRUÇÃO

Como se deseja configurar um conjunto de parâmetros determinados pelo MMQ $\hat{\theta}_{MQ}$ relacionados a elementos específicos do vetor $C = [\cdot]$, a forma da árvore original não pode ser utilizada para representar o indivíduo. As árvores na PG são geradas por processos aleatórios, muitas vezes produzindo um resultado não compatível com a ordenação estrutural necessária para que os novos coeficientes sejam reproduzidos sem alteração na estrutura do modelo resultante. Para tanto foi necessária a programação de um mecanismo de reconstrução de árvores.

O mecanismo consiste em atribuir a um par de folhas sob o mesmo nó-pai um elemento do vetor $C = [\cdot]$ e seu respectivo coeficiente determinado pelo MMQ. A árvore é preenchida até que todos os termos de $C = [\cdot]$ sejam representados. Os nós-pais

recebem o operador multiplicativo. Aos demais nós existentes na árvore, atribui-se a operação de soma. As novas árvores geradas pelo mecanismo podem ser sumarizadas pela representação da Figura 12. Os valores característicos do indivíduo relevantes à PG, como o de *fitness* e profundidade, são recalculados e o indivíduo é reinserido na rotina evolucionária. A utilização do mecanismo para viabilizar a implementação do operador de MMQ não altera o funcionamento dos operadores genéticos (mutação, *crossover* e reprodução). No entanto, a proporção de aplicação de cada operador deve ser reajustada para compensar a aplicação do operador de MMQ.

Figura 12: Árvore remontada.



Fonte: Criação Própria.

5.3 CONCLUSÕES PARCIAIS

Neste capítulo, foram descritos os processos envolvidos na implementação de um operador baseado no Método dos Mínimos Quadrados, MMQ, no algoritmo da Programação Genética, PG, desenvolvida e parametrizada anteriormente. A partir da identificação das estruturas dos modelos constantes nos indivíduos, através da chamada análise inversa, desempenhou-se o operador de MMQ por meio do mecanismo de reconstrução de árvores. Os algoritmos propostos para a PG, com e sem a aplicação desse operador, podem ser aplicados e comparados.

6 RESULTADOS

Neste capítulo, será realizada a aplicação da PG descrita nos capítulos anteriores a sistemas reais.

6.1 PLANTA INDUSTRIAL DE CONTROLE DE VAZÃO

Para averiguar o funcionamento da PG desenvolvida neste TCC, foi escolhido como primeira estação de teste a planta industrial didática de controle de vazão de fluidos exposta na Figura 13, presente no laboratório B004 da Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Curitiba. Este sistema foi escolhido devido à existência de não linearidades em seu funcionamento. A coleta dos sinais reais deste estudo de caso foi feita pelo aluno Matheus Kunhavalik da Rosa, da mesma instituição.

Figura 13: Planta de controle de vazão do laboratório B004.

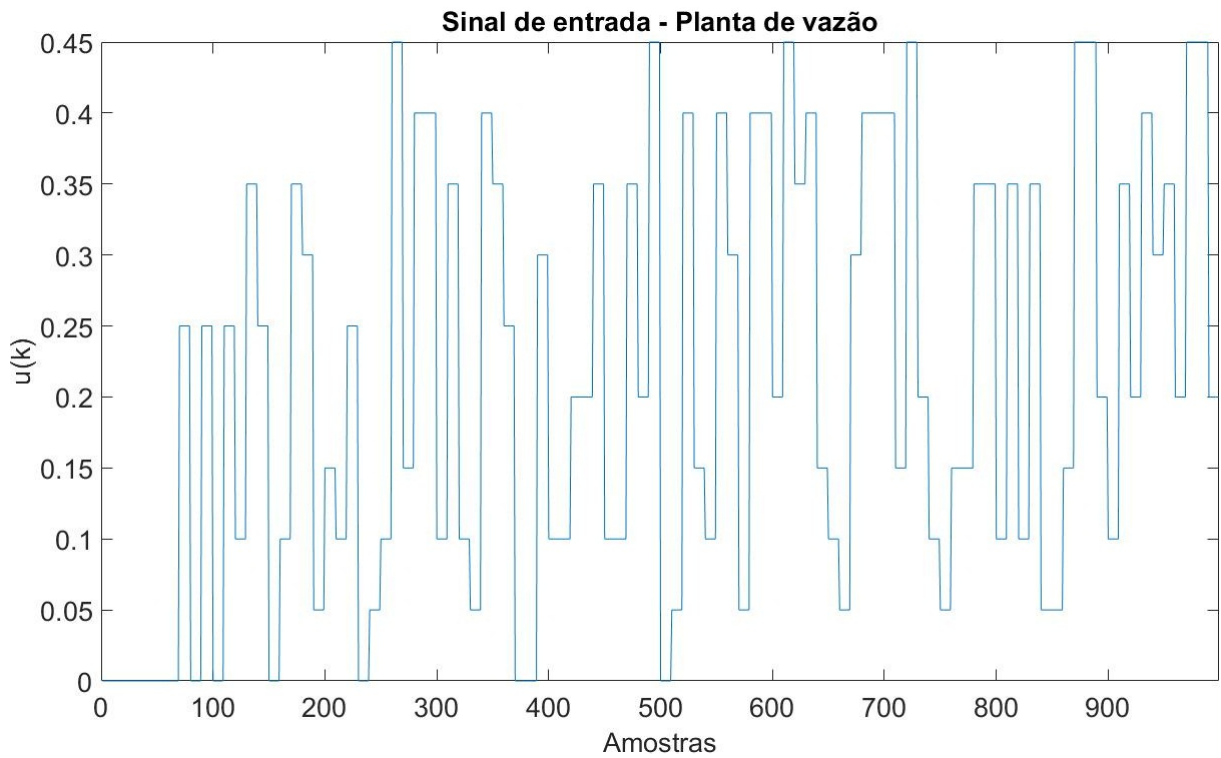


Fonte: Criação Própria.

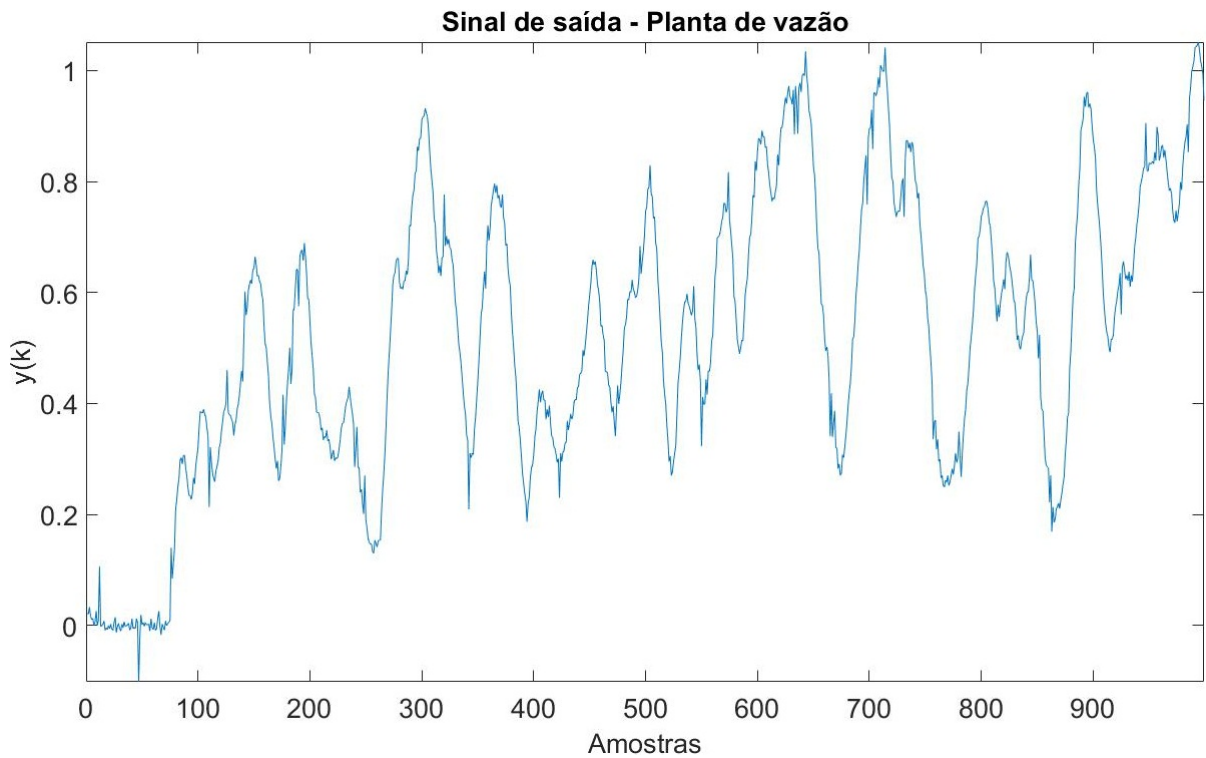
6.1.1 PROCEDIMENTOS EXPERIMENTAIS

Na planta citada na seção anterior, o controle de vazão é feito através de um inversor, responsável pelo acionamento de uma bomba hidráulica. A vazão é medida por meio de um transdutor de vazão, cuja amplitude de corrente varia entre 4 e 20 mA.

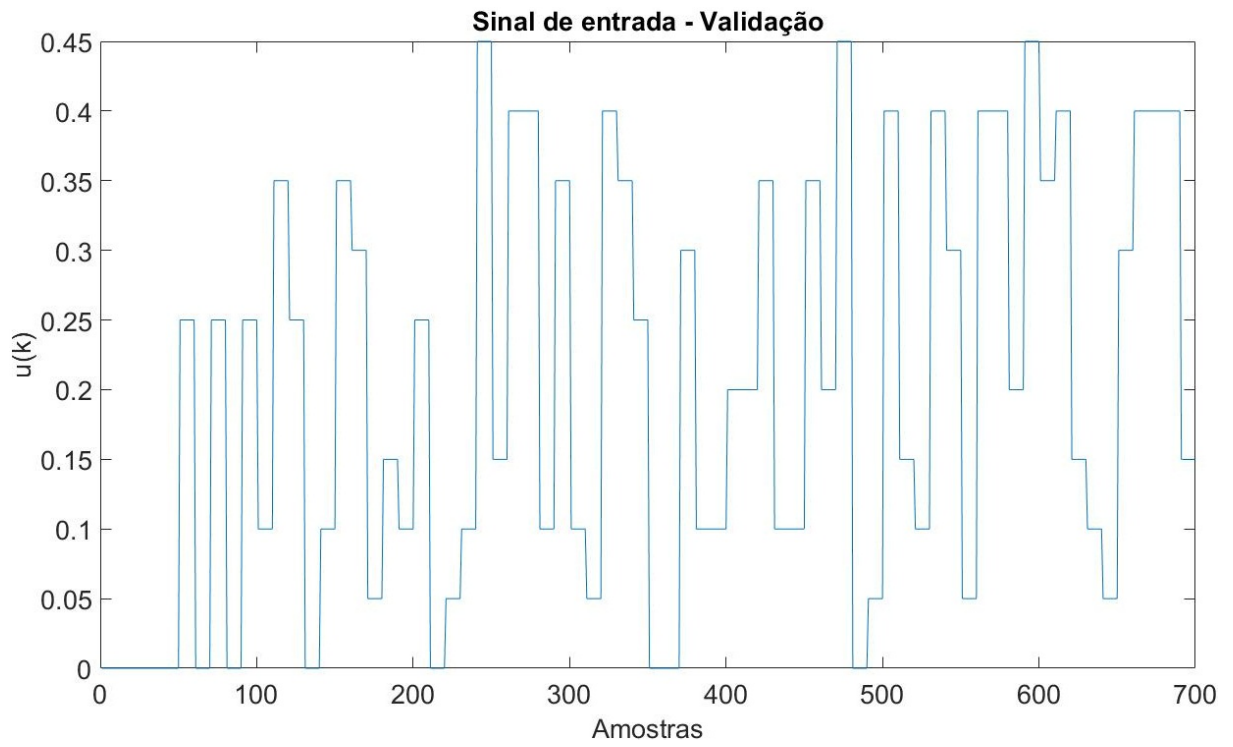
O sistema foi operado através das portas analógicas de um microcontrolador e um resistor de 220Ω . O microcontrolador foi conectado a um computador via RS232, sendo a comunicação realizada com o *software* MATLAB.

Figura 14: Sinal de entrada aplicado.

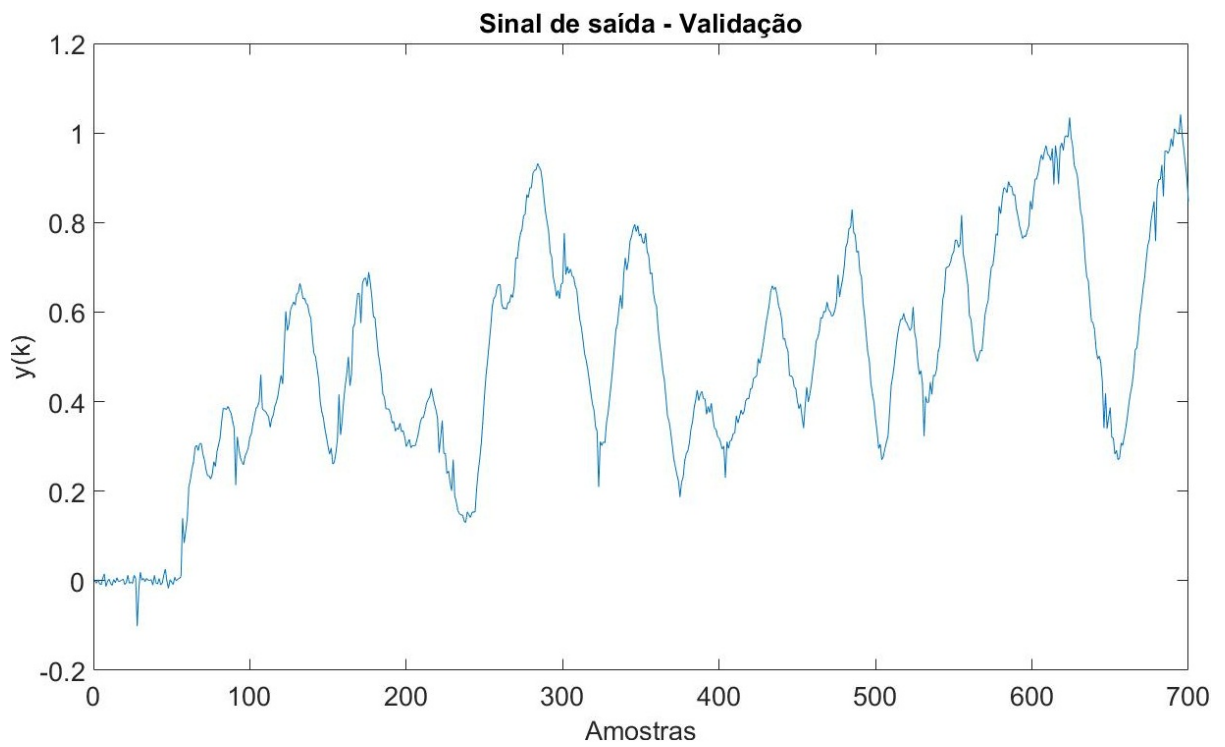
Fonte: Criação Própria.

Figura 15: Sinal de saída amostrado.

Fonte: Criação Própria.

Figura 16: Sinal Validação de entrada aplicado.

Fonte: Criação Própria.

Figura 17: Sinal Validação de saída.

Fonte: Criação Própria.

O inversor foi acionado por meio de um sinal de duração e magnitude variáveis, gerado no microcontrolador e comunicado através de sua porta dedicada a PWM, exposto na Figura 14. A vazão foi coletada através da medição da tensão sobre o resistor, que foi conectado ao transdutor de vazão, pela porta analógica do microcontrolador. O sinal amostrado, indicado na Figura 17, foi normalizado, tendo como referência a tensão medida para a vazão nominal. Como sinais de validação, foram utilizadas seções dos sinais de entrada e saída amostrados, contidas no intervalo $[20, 719]$.

6.1.2 IDENTIFICAÇÃO DA PLANTA INDUSTRIAL DE VAZÃO

A modelagem do sistema determinado pelos sinais de entrada $u(k)$ - dados enviados pelo microcontrolador ao inversor - e de saída $y(k)$ - a tensão sobre o resistor ligado ao transdutor de vazão - é estruturada conforme o modelo NARX, descrito na Seção 2.2.2.1. Os elementos que compõem este modelo serão determinados por meio do processo evolutivo da PG.

6.1.2.1 APLICAÇÃO DA PROGRAMAÇÃO GENÉTICA

A aplicação da PG depende de alguns critérios arbitrários, descritos na Seção 4.3. A estes itens foram definidos os valores presentes na tabela 1. Esses valores foram escolhidos empiricamente de forma a minimizar o MSE do modelo resultante para o caso específico deste sistema, planta industrial de vazão, e para a PG com os operadores apresentados até o capítulo 4.

Tabela 1: Parâmetros configuráveis utilizados nos estudos de caso.

Parâmetro	Valor
Numero máximo de gerações (Critério de parada)	50
Profundidade máxima das árvores	9
Indivíduos em cada geração	250
Atraso máximo na entrada	10
Atraso máximo na saída	10
Tempo morto	0
Operadores matemáticos	$F = \{+, -, *\}$

Fonte: Criação Própria.

O conjunto de valores descritos na tabela 1 foi definido como padrão a ser empregado nos estudos de caso abordados neste TCC. Além disso, determinou-se que seriam realizadas seis rodadas da PG. Essa quantidade de rodadas foi escolhida arbitrariamente de forma a permitir que o processo evolutivo tivesse maior probabilidade de atingir um melhor resultado, além de demonstrar a aleatoriedade do processo evolutivo.

6.1.3 RESULTADO DO PROCESSO EVOLUTIVO APLICADO À PLANTA DE VAZÃO

Através da execução da PG obteve-se o melhor candidato, o *bestfit*, do processo evolutivo realizado, cuja estrutura em forma de árvore está exposta na Figura 18. O valor de *fitness* medido através do MSE desse indivíduo foi determinado como sendo $MSE = 7,61 \cdot 10^{-4}$.

Nota-se também que o MSE médio da população, MSE_{pop} , neste caso foi de $MSE_{pop} = 7,51 \cdot 10^{-2}$. Portanto, o indivíduo *bestfit* foi aproximadamente 98,69 vezes melhor que a média do MSE dos demais candidatos desta rodada da PG. Isso implica que os indivíduos do processo evolutivo não estão tendendo a uma única estrutura, garantindo uma variabilidade genética elevada.

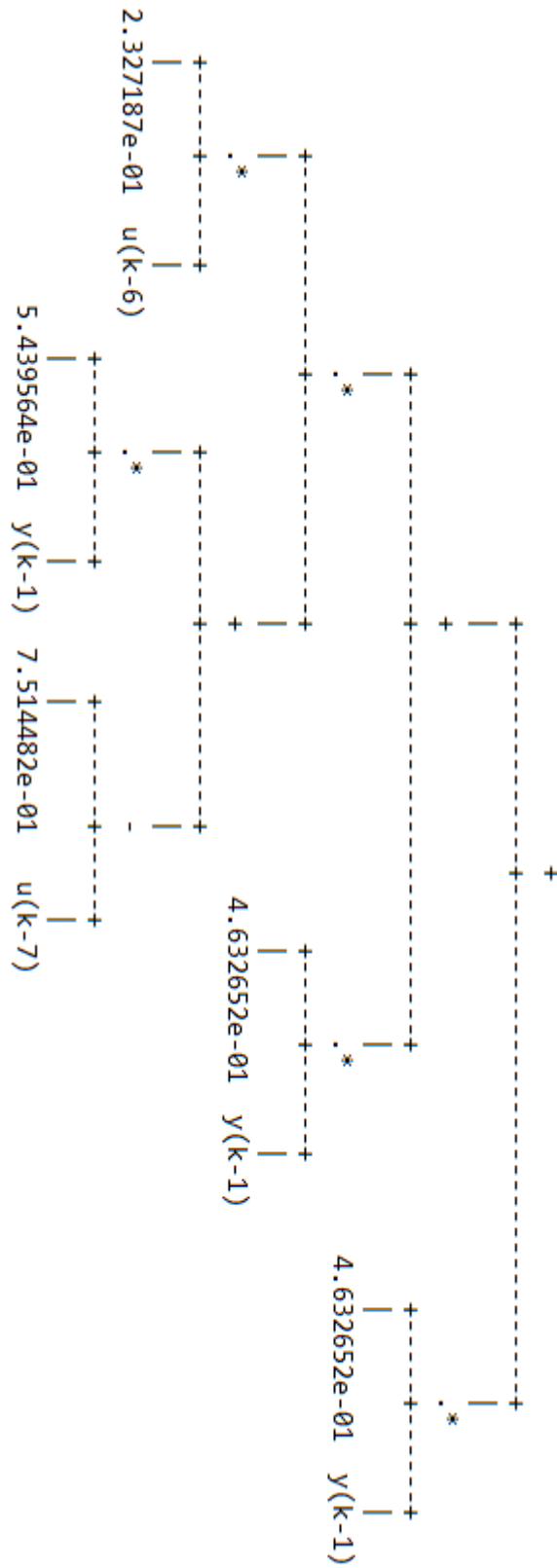
Foram realizadas seis rodadas do programa, obtendo-se um tempo médio por execução de aproximadamente 4,62 minutos. Essa medição foi realizada desde o instante de início de execução da PG até o melhor candidato ser indicado para cada rodada da PG. As comparações entre os sinais real e calculado estão expostos na Figura 19. A Figura 20 apresenta uma ampliação da diferença entre o modelo e o sinal coletado entre as amostras $[80, 180]$.

Tabela 2: Resultados obtidos na identificação do sistema planta de vazão.

Rodada	MSE	MSE_{pop}	Profundidade	Ordem de entrada	Ordem de saída
1	$7,61 \times 10^{-04}$	$7,51 \times 10^{-02}$	6	7	1
2	$1,06 \times 10^{-03}$	$1,51 \times 10^{-01}$	6	9	9
3	$7,91 \times 10^{-04}$	$1,04 \times 10^{-01}$	7	9	2
4	$7,61 \times 10^{-04}$	$1,13 \times 10^{-01}$	7	7	1
5	$9,91 \times 10^{-04}$	$1,53 \times 10^{-01}$	5	10	3
6	$1,02 \times 10^{-03}$	$1,43 \times 10^{-01}$	4	-	8

Fonte: Criação Própria.

Figura 18: Árvore do melhor indivíduo identificado para a planta de vazão.



Fonte: Criação Própria.

A partir dos resultados obtidos para cada rodada da PG, que estão expostos na tabela 2, conclui-se que o processo evolutivo gera indivíduos com uma grande variedade de estruturas para diferentes rodadas. Apesar disso, os valores de MSE dos melhores indivíduos foram similares, indicando que regressores de maior ordem não necessariamente geram um resultado melhor.

6.1.3.1 RESULTADOS COM A APLICAÇÃO DO OPERADOR DE MMQ

Adotando-se os procedimentos empregados na identificação do sistema da planta industrial de vazão sem o operador de MMQ, foram realizadas seis rodadas da rotina da PG. Os resultados obtidos para o conjunto de parâmetros configuráveis da tabela 1, conforme o método utilizado, estão dispostos na tabela 3, sendo que na rodada 5, em destaque, o indivíduo *bestfit* foi determinado, apresentando o valor de *fitness* de $MSE = 4,00 \cdot 10^{-4}$. O tempo médio por rodada foi de aproximadamente 42,82 minutos.

O indivíduo *bestfit* apresentou um valor de *fitness* aproximadamente 111,75 vezes melhor que o MSE médio da população de sua rodada, de $MSE_{pop} = 4,47 \cdot 10^{-2}$. Isso demonstra que a proporção adotada para o operador de mutação foi eficiente em promover a variabilidade genética mesmo com a pressão para a convergência de estrutura gerada pelo operador de MMQ.

Tabela 3: Resultados do processo evolutivo com operador MMQ - planta de vazão.

Rodada	MSE	MSE_{pop}	Profundidade	Ordem de entrada	Ordem de saída
1	$4,10 \times 10^{-04}$	$5,71 \times 10^{-02}$	9	10	10
2	$4,00 \times 10^{-04}$	$6,19 \times 10^{-02}$	9	10	10
3	$4,00 \times 10^{-04}$	$5,40 \times 10^{-02}$	9	10	10
4	$4,00 \times 10^{-04}$	$5,24 \times 10^{-02}$	9	10	10
5	$4,00 \times 10^{-04}$	$4,47 \times 10^{-02}$	9	10	10
6	$4,10 \times 10^{-04}$	$5,32 \times 10^{-02}$	9	10	10

Fonte: Criação Própria.

Observou-se que o processo evolutivo tendeu a uma solução comum entre as rodadas composta por regressores com ordem máxima de dez tanto para o sinal de entrada como o de saída, parâmetros limítrofes estipulados pela tabela 1. Ademais notou-se que as estruturas das árvores convergiram para uma configuração composta por uma profundidade de nove, também a máxima estipulada pelos parâmetros da tabela 1. Esse

comportamento de tender aos limites dos parâmetros configuráveis, porém, era esperado. Como o operador de MMQ trata de calcular parâmetros ótimos para um determinado conjunto de regressores, o processo evolutivo apenas seleciona as melhores combinações de regressores. Isso significa que a PG tenderá a combinar todos os regressores possíveis para modelar o comportamento do sistema analisado.

O sinal de saída a partir do modelo do indivíduo *bestfit* está caracterizado nas Figuras 21 e 22. Devido ao tamanho da árvore do melhor indivíduo, não foi possível inserir uma figura demonstrativa de sua estrutura neste TCC.

Figura 19: Validação do modelo sem MMQ x sinal de saída real.

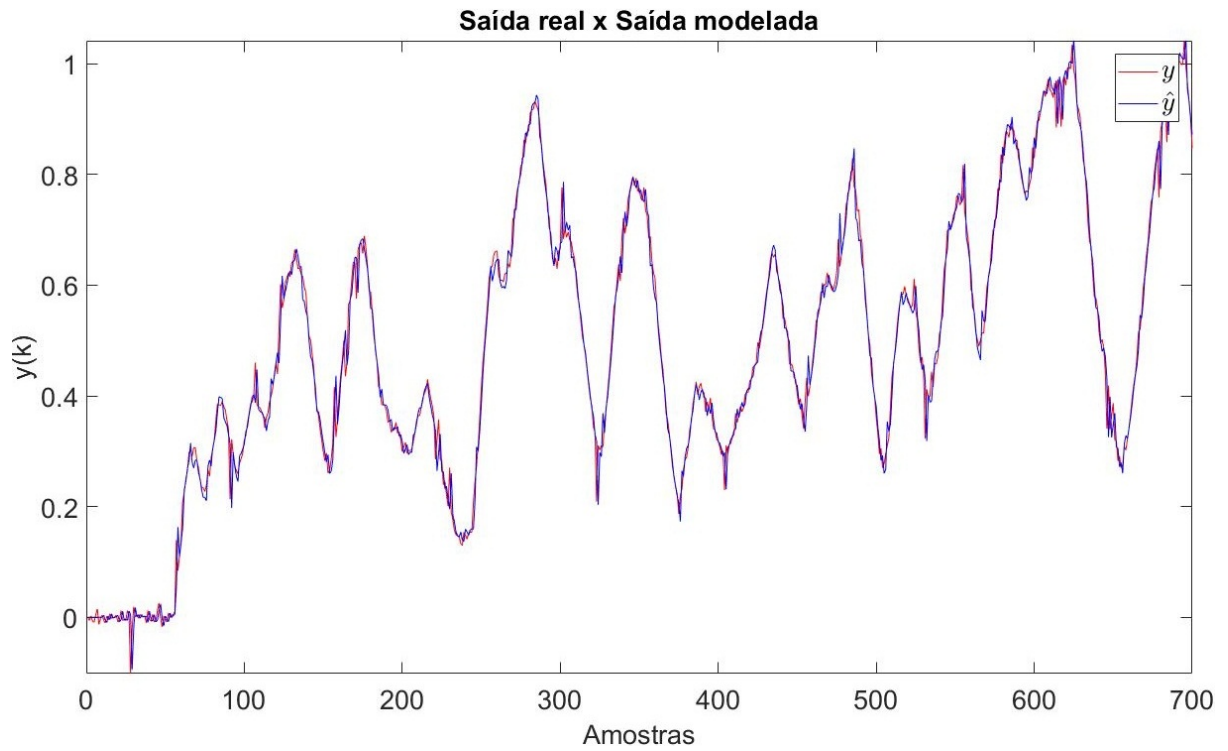


Figura 20: Validação do modelo sem MMQ x sinal de saída real - Ampliação.

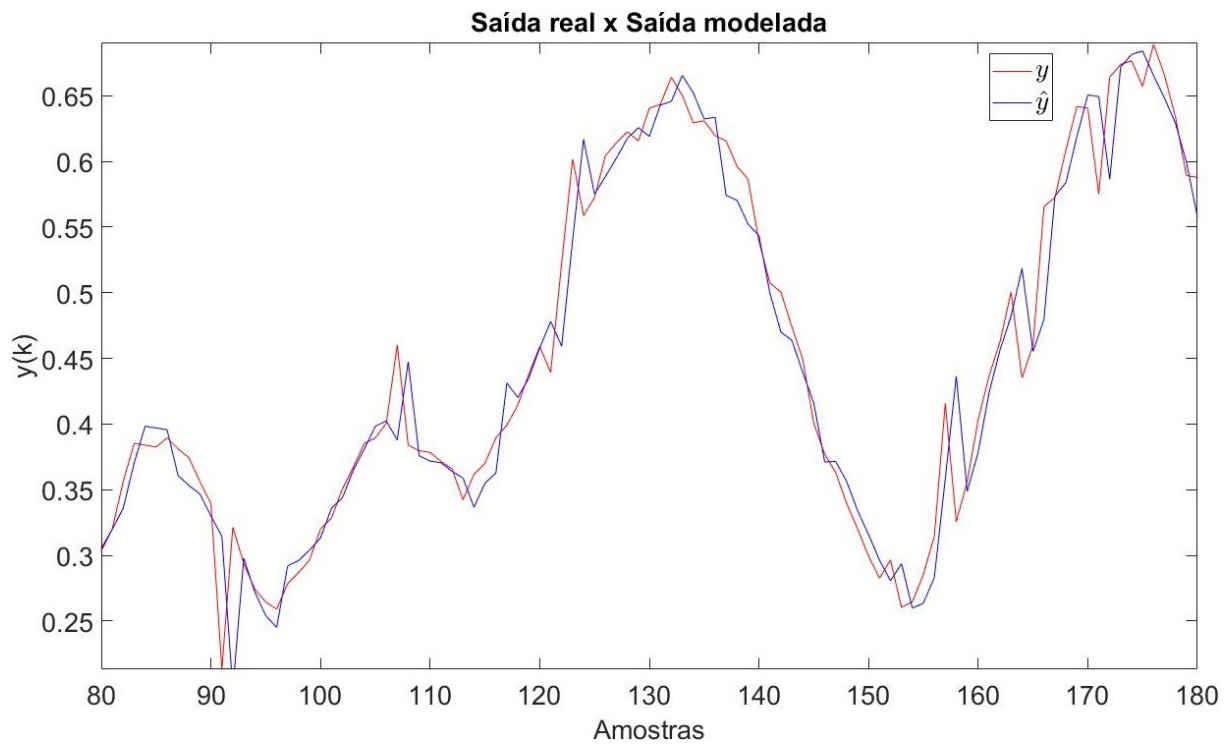
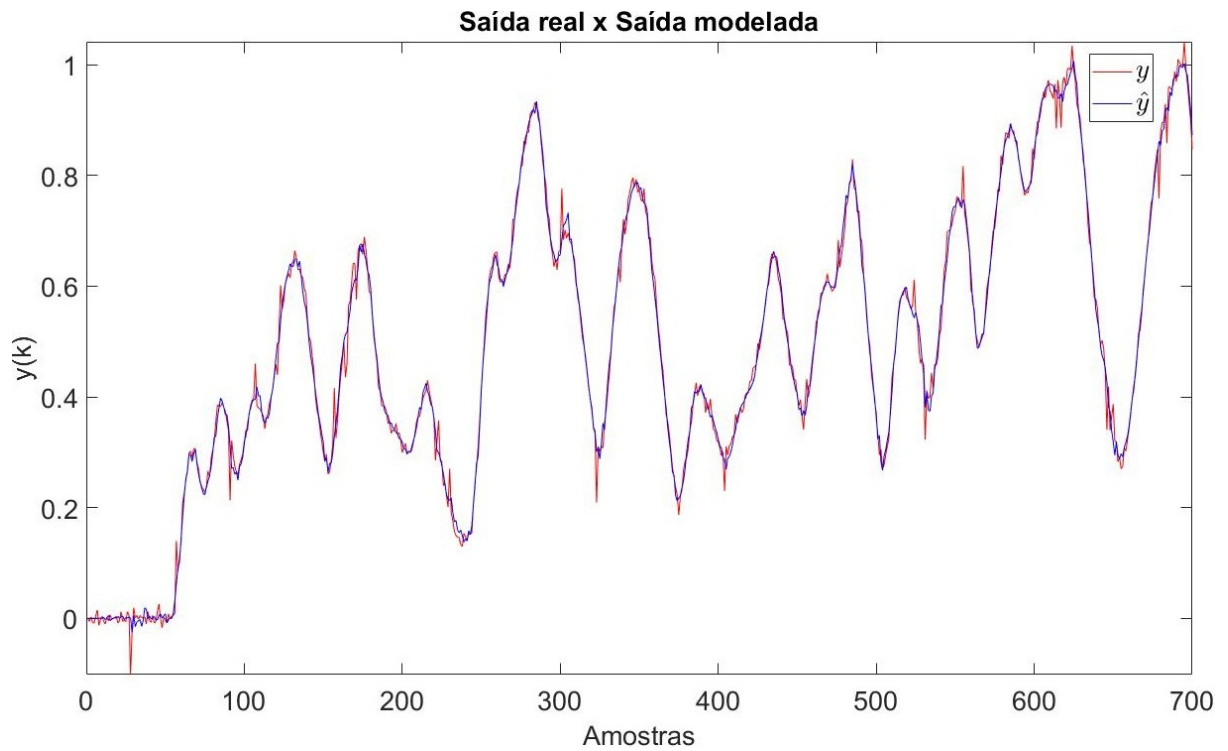
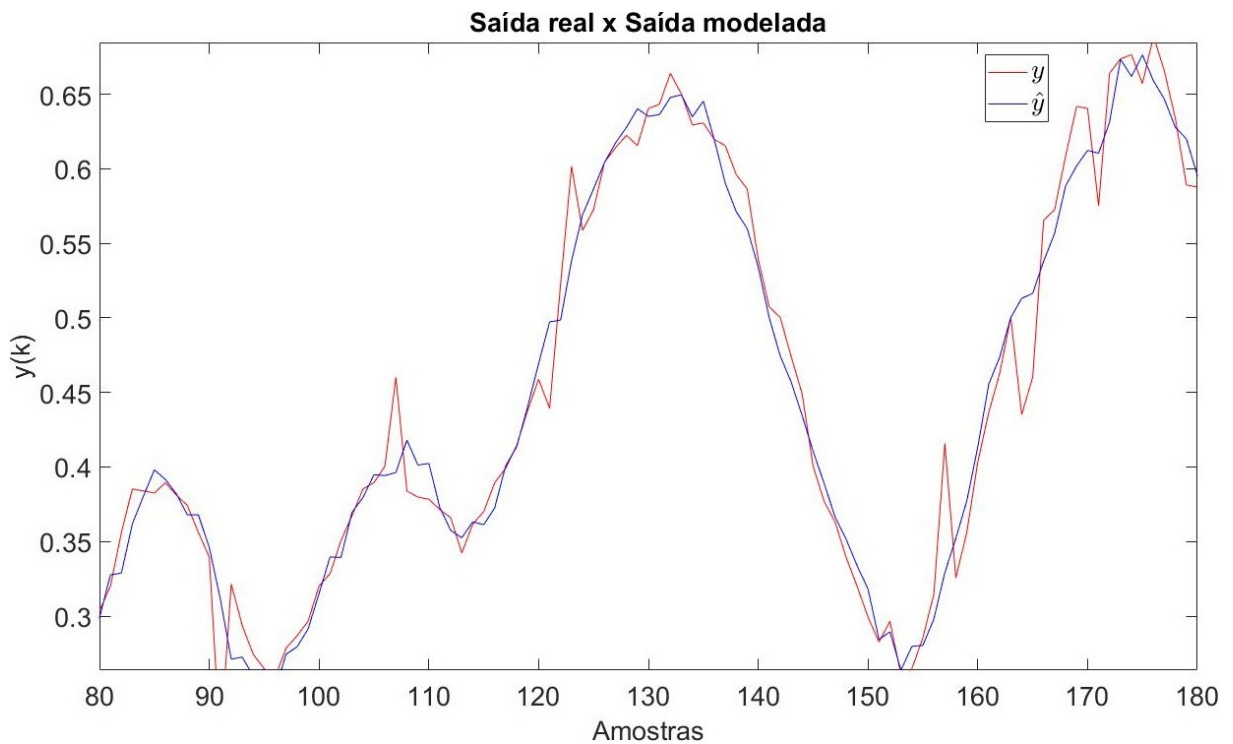


Figura 21: Validação do modelo com MMQ x sinal de saída real.



Fonte: Criação Própria.

Figura 22: Validação do modelo com MMQ x sinal de saída real - Ampliação.



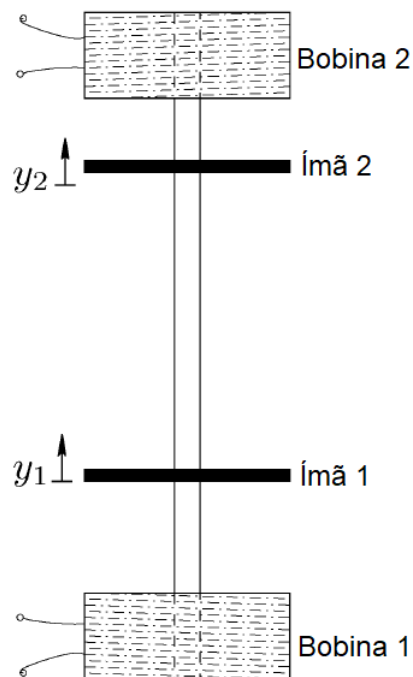
Fonte: Criação Própria.

6.2 LEVITADOR MAGNÉTICO

O segundo estudo de caso consistiu na aplicação da PG proposta na identificação de um levitador magnético. O sistema analisado, demonstrado pelo esquema da Figura 23, é composto por um conjunto de duas bobinas de cobre que, em resposta à aplicação de uma corrente contínua, produzem um campo magnético. Além disso, dois ímãs permanentes se deslocam livremente através uma haste de vidro (DA ROSA, 2009).

Variando-se a intensidade da corrente elétrica nas bobinas, há, pelos efeitos da repulsão e atração magnética, um movimento vertical correspondente nos ímãs, alterando sua distância em relação a posição inicial (DA ROSA, 2009).

Figura 23: Esquema representativo do equipamento levitador magnético.



Fonte: Adaptado de DA ROSA (2009).

6.2.1 PROCEDIMENTOS EXPERIMENTAIS

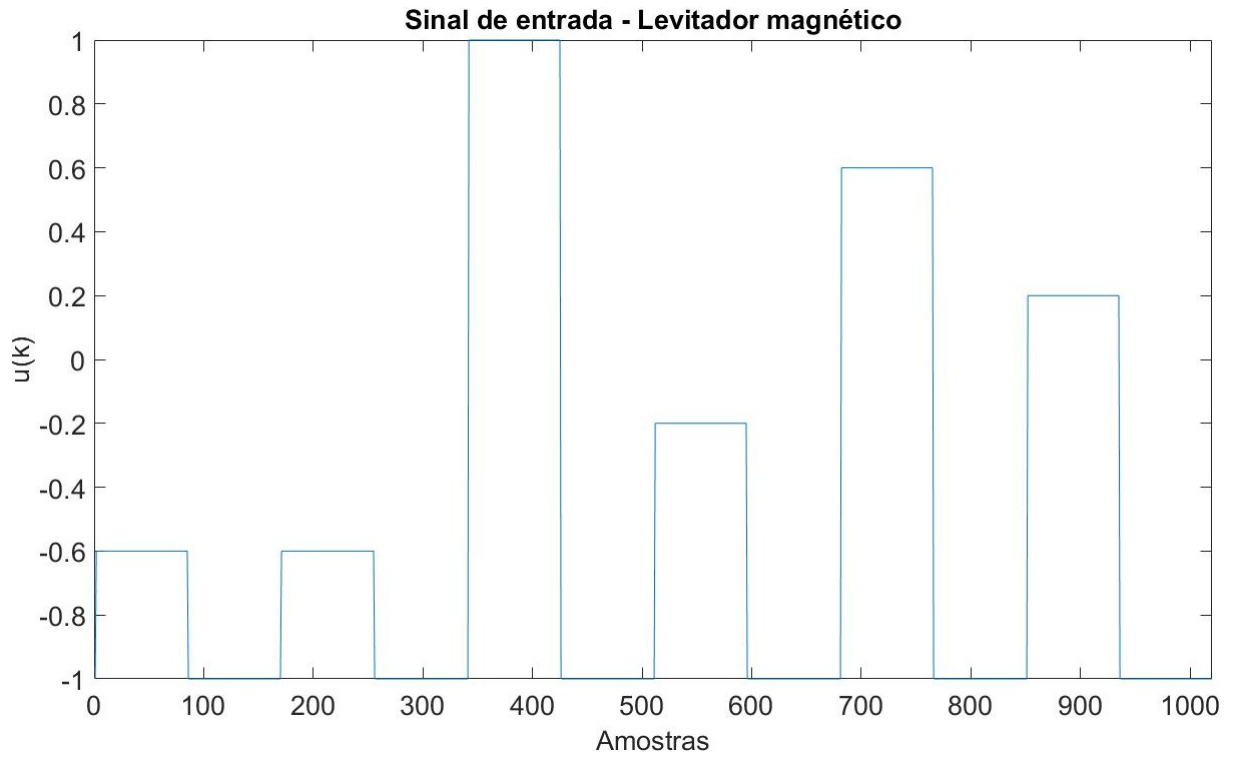
O experimento conduzido por Da Rosa (2009) foi realizado de forma que se manteve constante a corrente na Bobina 1, identificada na Figura 23, e variou-se a corrente na Bobina 2. Para as posições correspondentes dos Ímãs 1 e 2, adotou-se a direção vertical para cima como sentido positivo de deslocamento.

A corrente na Bobina 2, no caso atuando como o sinal de entrada $u(k)$, foi aplicada de forma a garantir que toda a dinâmica do sistema pudesse ser excitada. Esse sinal teve o aspecto ilustrado na Figura 24. A resposta do sistema $y_1(k)$, adotada como a posição do Ímã 1, foi amostrada com o período de 0,017 s e coletada por um conjunto de sensores a laser, visando garantir maior precisão às medições (DA ROSA, 2009).

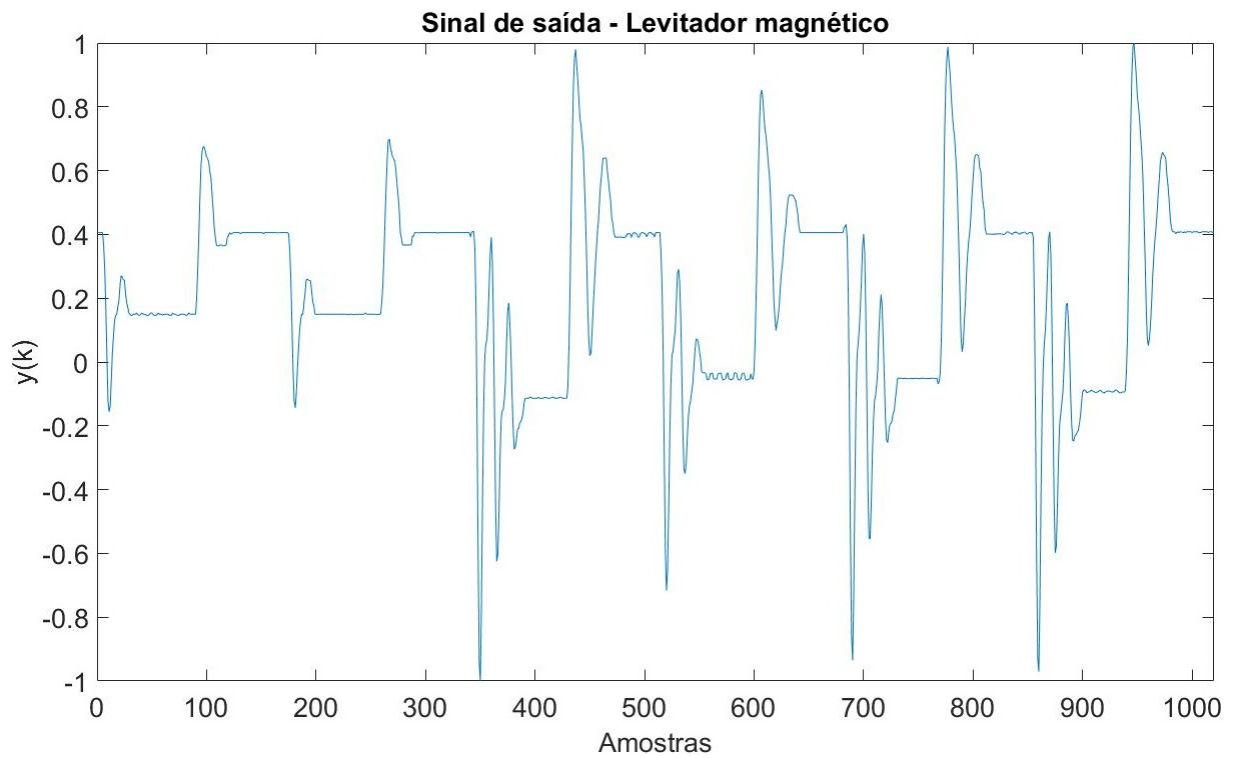
Da Rosa (2009) realizou duas amostragens independentes da resposta do sistema a sinais de entrada diferentes, possibilitando que uma seja reservada para posterior validação do modelo calculado. Nas Figuras 24 e 25 estão dispostos os sinais de entrada e saída coletados no experimento realizado destinado à etapa de estimação de parâmetros, e nas Figuras 26 e 27, estão os sinais destinados à validação do modelo. Os valores das medições foram normalizados entre $[-1, 1]$ pela equação (38) a fim de se evitar dificuldades numéricas resultantes das diferenças entre as magnitudes das unidades de medida dos instrumentos utilizados na amostragem dos sinais.

$$x_n(k) = \frac{[x(k) - x_{\min}][X_{\max} - X_{\min}]}{x_{\max} - x_{\min}} - X_{\min}, \quad (38)$$

em que $x_n(k)$ é o valor normalizado de $x(k)$, x_{\min} e x_{\max} são o menor e o maior valor do sinal a ser normalizado, respectivamente, e X_{\max} e X_{\min} são os intervalos máximo e mínimo de normalização.

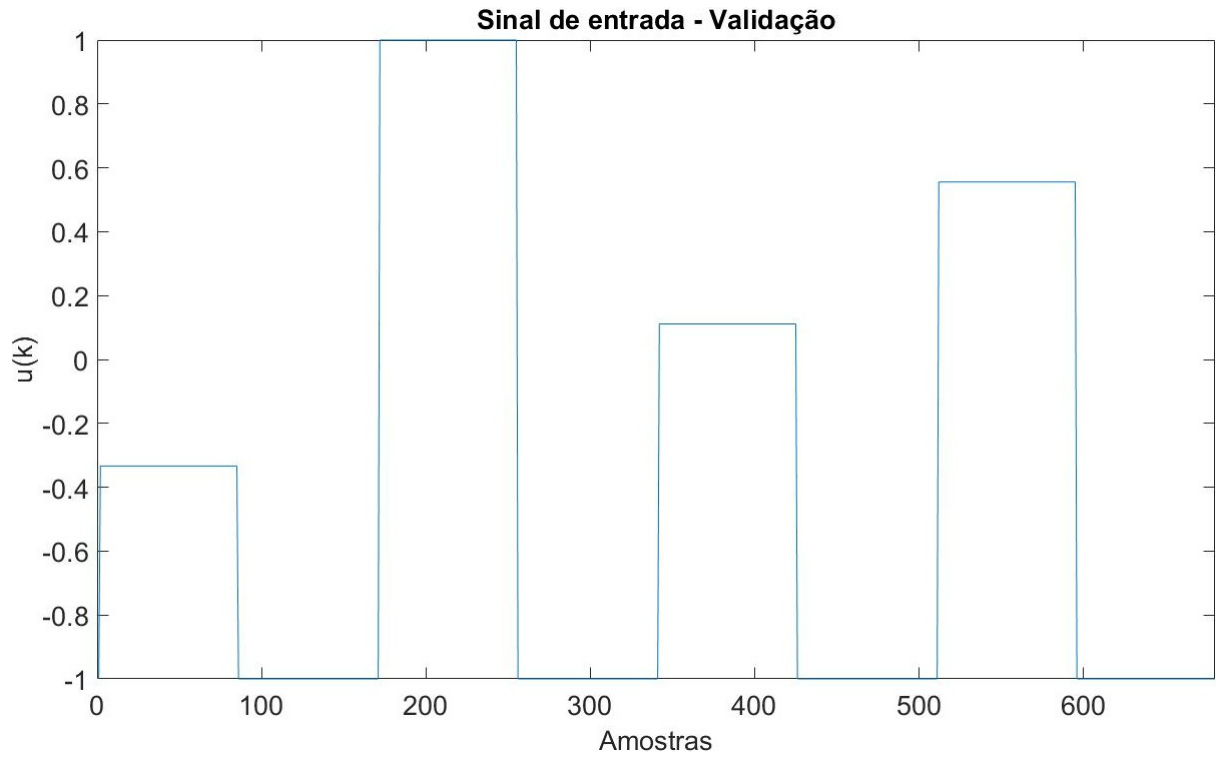
Figura 24: Entrada amostrada para identificação do levitador.

Fonte: DA ROSA (2009).

Figura 25: Saída amostrada para identificação do levitador.

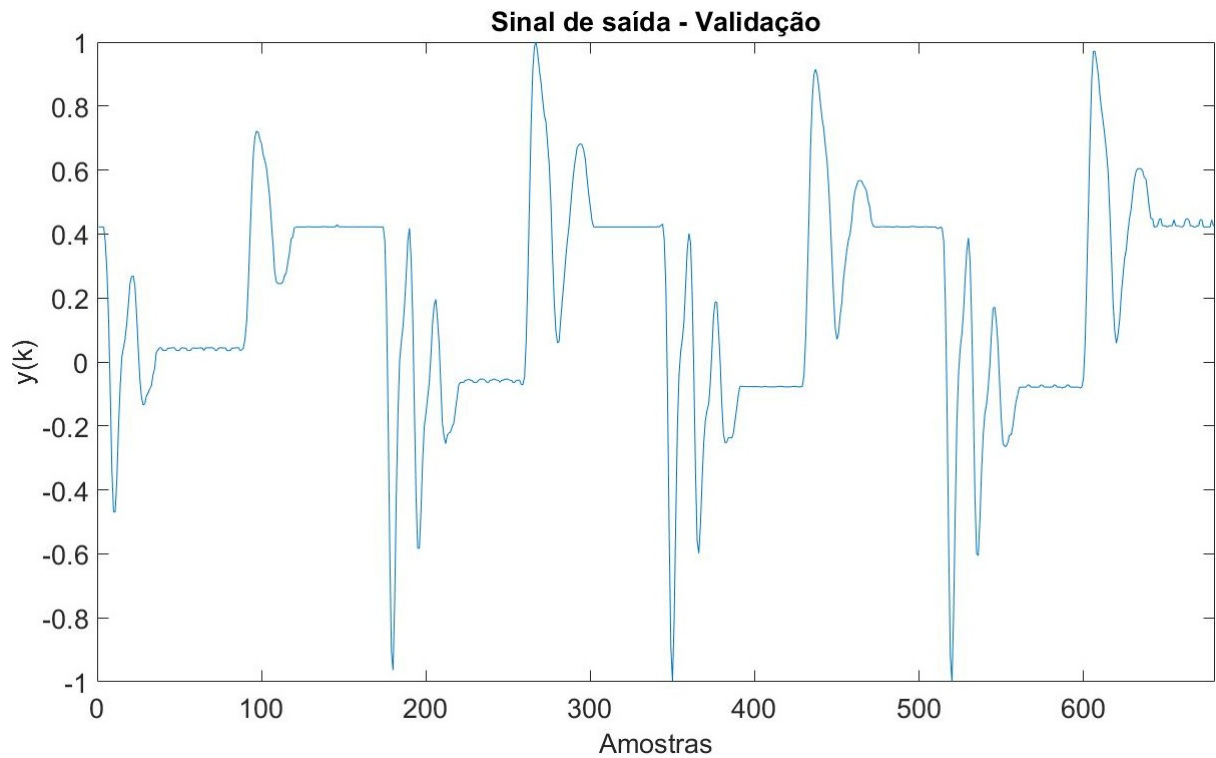
Fonte: DA ROSA (2009).

Figura 26: Entrada amostrada para validação do modelo identificado do levitador.



Fonte: DA ROSA (2009).

Figura 27: Saída amostrada para validação do modelo identificado do levitador.



Fonte: DA ROSA (2009).

6.2.2 IDENTIFICAÇÃO DO SISTEMA LEVITADOR

Aplica-se a PG desenvolvida neste TCC como forma de determinação das combinações dos regressores $u(k)$ - sinal de corrente contínua aplicada na Bobina 2, $y_1(k)$ - deslocamento do Ímã 1 - e dos parâmetros, conforme a estrutura dos modelos NARX. Adotando os valores expostos na tabela 1 para os parâmetros do algoritmo, visa-se observar o comportamento do processo evolutivo diante de parâmetros não ajustados de forma a minimizar o MSE do melhor candidato para o caso do levitador.

6.2.3 RESULTADO DO PROCESSO EVOLUTIVO APLICADO AO LEVITADOR

Conforme a metodologia adotada no estudo de caso da planta industrial de vazão, foram executadas seis rodadas independentes da PG, com resultados expostos na tabela 4. Visou-se, através disso, garantir que o processo evolutivo tenha tentativas suficientes para promover um modelo mais adequado em termos de MSE. O indivíduo *bestfit* atingiu o valor de $MSE = 4,54 \cdot 10^{-3}$, com a estrutura de árvore demonstrada pela Figura 28, na sexta rodada da PG. O tempo médio por rodada foi de 4,93 minutos. A relação entre o MSE do melhor indivíduo e a média da população de sua geração foi de 26,87.

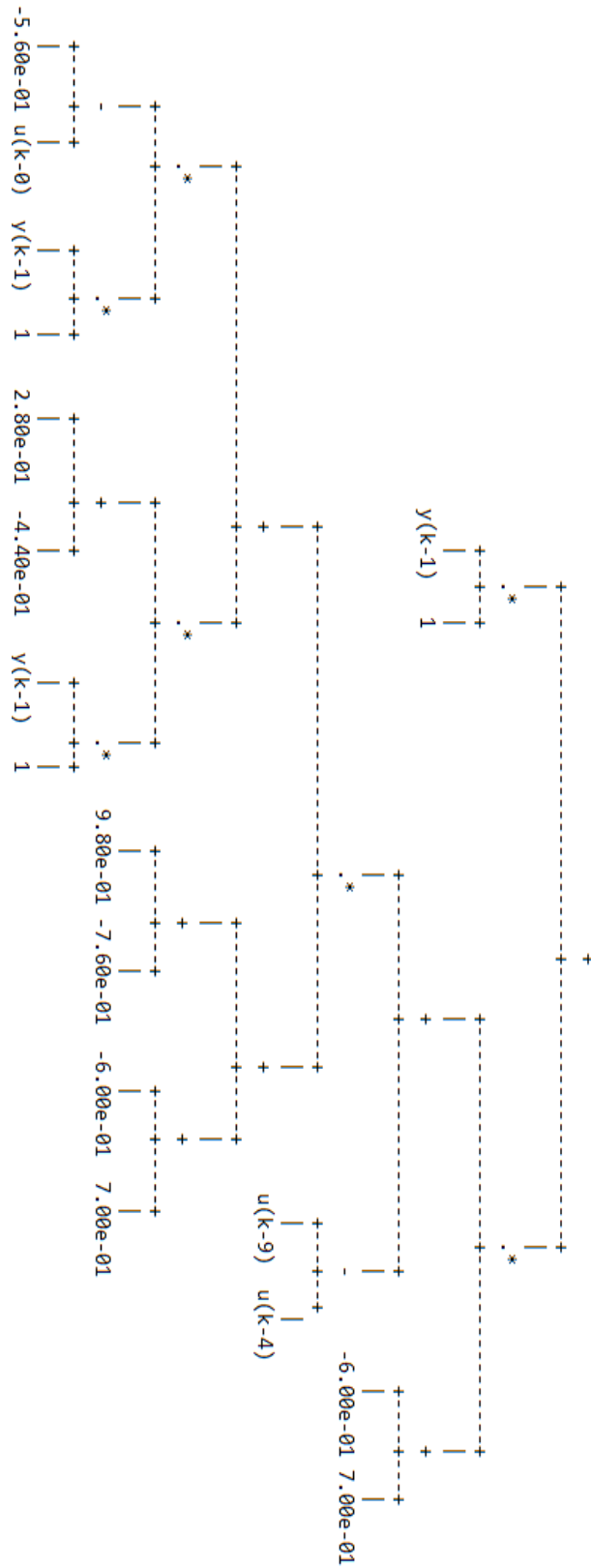
Tabela 4: Resultados de seis rodadas da PG para o levitador magnético.

Rodada	MSE	MSE _{pop}	Profundidade	Ordem de entrada	Ordem de saída
1	$5,76 \times 10^{-03}$	$1,22 \times 10^{-01}$	4	-	5
2	$5,76 \times 10^{-03}$	$1,22 \times 10^{-01}$	5	-	3
3	$6,18 \times 10^{-03}$	$1,51 \times 10^{-01}$	9	-	1
4	$6,18 \times 10^{-03}$	$1,97 \times 10^{-01}$	8	-	2
5	$2,03 \times 10^{-02}$	$2,01 \times 10^{-01}$	5	9	1
6	$4,54 \times 10^{-03}$	$1,22 \times 10^{-01}$	8	9	1

Fonte: Criação Própria.

Nota-se comparando os resultados das rodadas da PG que o processo evolutivo tendeu a uma configuração mais dependente de regressores do sinal de saída $y(k)$. Em quatro rodadas da PG, os regressores do sinal de entrada não constaram nas árvores dos melhores candidatos. Nas rodadas em que observou-se regressores do sinal de entrada $u(k)$, a ordem prevalente foi a do regressor $u(k-9)$. Em todos os melhores indivíduos foi possível observar o regressor $y(k-1)$.

Figura 28: Árvore do *bestfit* gerado para identificação do levitador.



Fonte: Criação Própria.

O processo evolutivo, portanto, foi consistentemente incapaz de identificar combinações de regressores mais apropriadas para modelar o sistema do que a realimentação do sinal de saída atrasado em uma amostra. Observando a validação do modelo resultante do indivíduo *bestfit*, disposto na Figura 29 e com ampliação entre as amostras $[440, 580]$ exposta na Figura 30, nota-se essa prevalência do regressor $y(k-1)$. Conclui-se a partir dos dados das seis rodadas do processo evolutivo, expostos na tabela 4, que a PG não foi capaz de contornar as limitações impostas pelos parâmetros estabelecidos, gerando um modelo muito dependente do regressor $y(k-1)$.

6.2.3.1 RESULTADOS DO OPERADOR DE MMQ PARA O LEVITADOR MAGNÉTICO

A aplicação do operador de MMQ à identificação do sistema levitador magnético gerou um indivíduo *bestfit* que apresentou o valor de *fitness* de $MSE = 1,19 \cdot 10^{-3}$, valor 41,68 vezes melhor que o médio da rodada, de $MSE_{pop} = 4,96 \cdot 10^{-2}$. O tempo médio de execução de cada uma das seis rodadas da PG, cujos resultados estão expostos na tabela 5, foi de aproximadamente 61,85 minutos.

Tabela 5: Resultados obtidos com o MMQ para o sistema levitador magnético.

Rodada	MSE	MSE _{pop}	Profundidade	Ordem de entrada	Ordem de saída
1	$1,19 \times 10^{-3}$	$4,96 \times 10^{-2}$	9	10	10
2	$1,20 \times 10^{-3}$	$4,20 \times 10^{-2}$	9	10	10
3	$1,20 \times 10^{-3}$	$3,85 \times 10^{-2}$	9	10	10
4	$1,20 \times 10^{-3}$	$3,50 \times 10^{-2}$	9	10	10
5	$1,20 \times 10^{-3}$	$4,02 \times 10^{-2}$	9	10	10
6	$1,20 \times 10^{-3}$	$4,65 \times 10^{-2}$	9	10	10

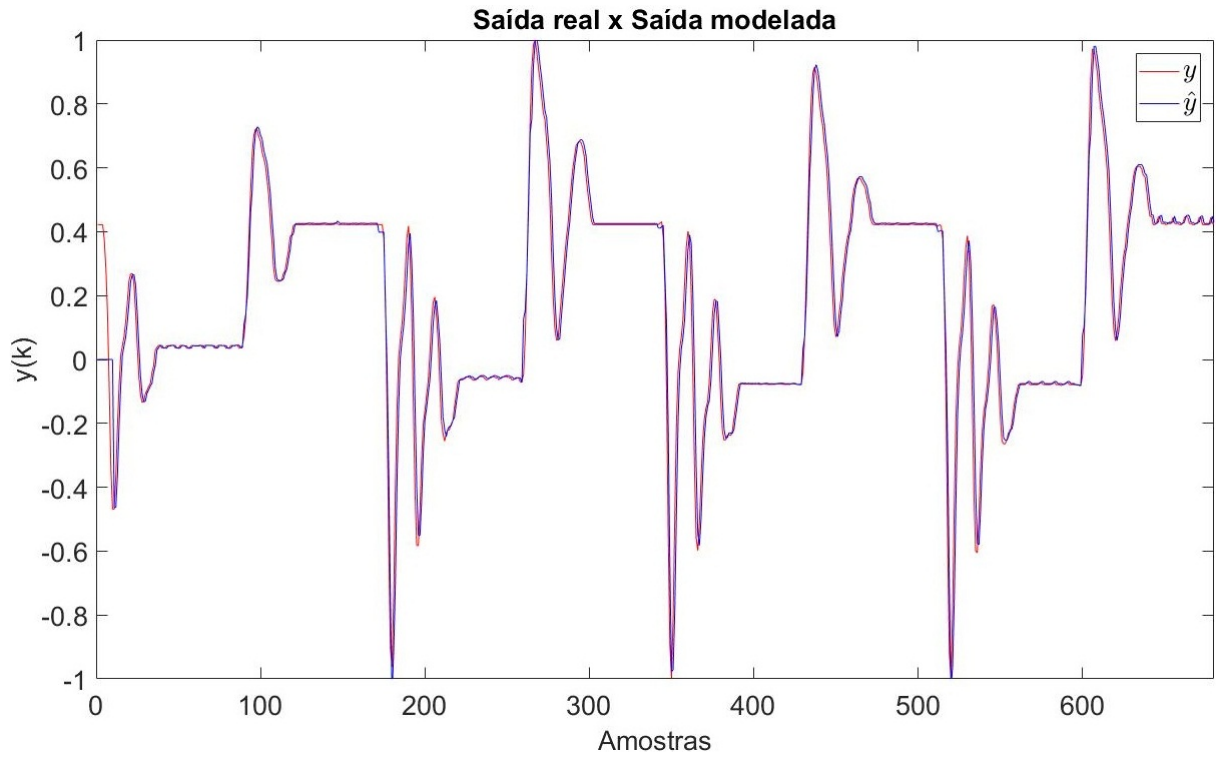
Fonte: Criação Própria.

Pode se observar pela Figura 31, com ampliação entre as amostras $[440, 580]$ na Figura 32, porém, que a aplicação do operador de MMQ foi capaz de contornar a aplicação de parâmetros configuráveis não refinados para o caso deste sistema, visto que o modelo gerado não dependeu excessivamente no regressor $y(k-1)$ para descrever o comportamento dinâmico do sistema.

Neste sistema também foi possível notar a tendência aos valores máximos dos parâmetros configuráveis, com as ordem máximas de entrada e saída sendo de dez em

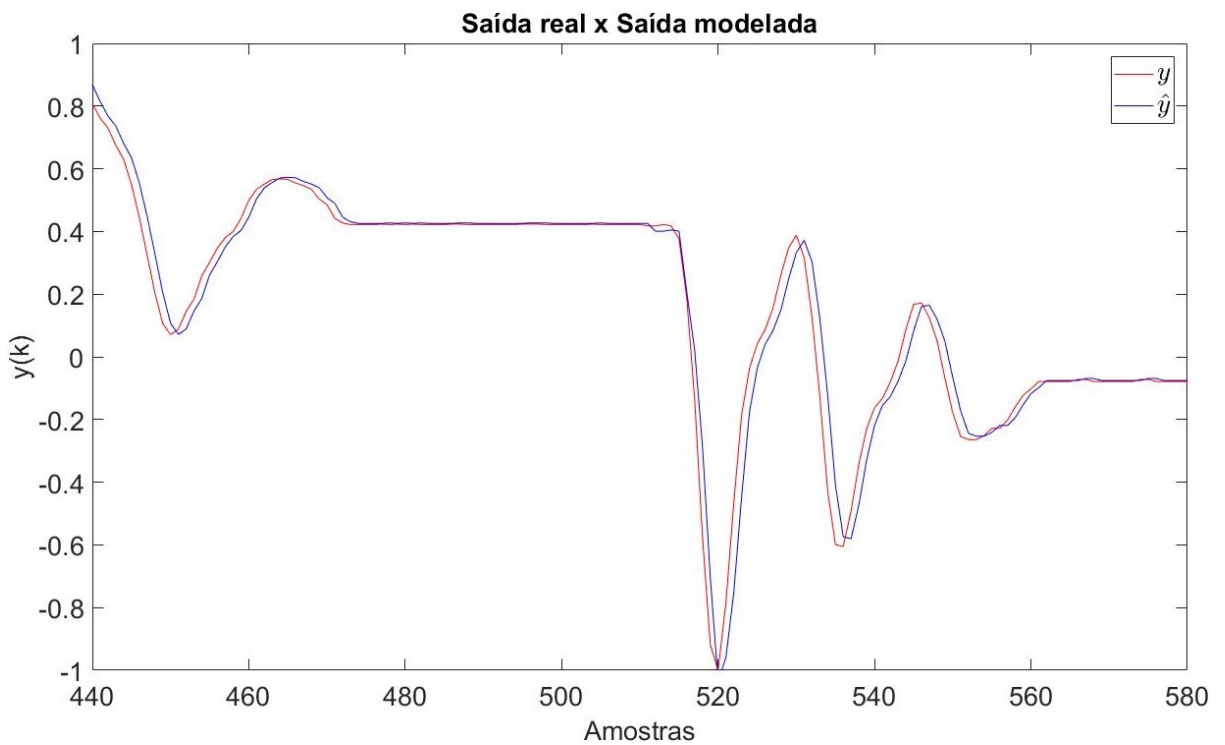
todas as rodadas e a profundidade máxima de nove, valores máximos desses parâmetros conforme a tabela 1. Devido ao grande número de combinações de regressores e pela profundidade da árvore, a árvore do indivíduo *bestfit* não pôde ser incluída nas imagens deste TCC.

Figura 29: Validação do modelo sem MMQ obtido para o sistema levitador.



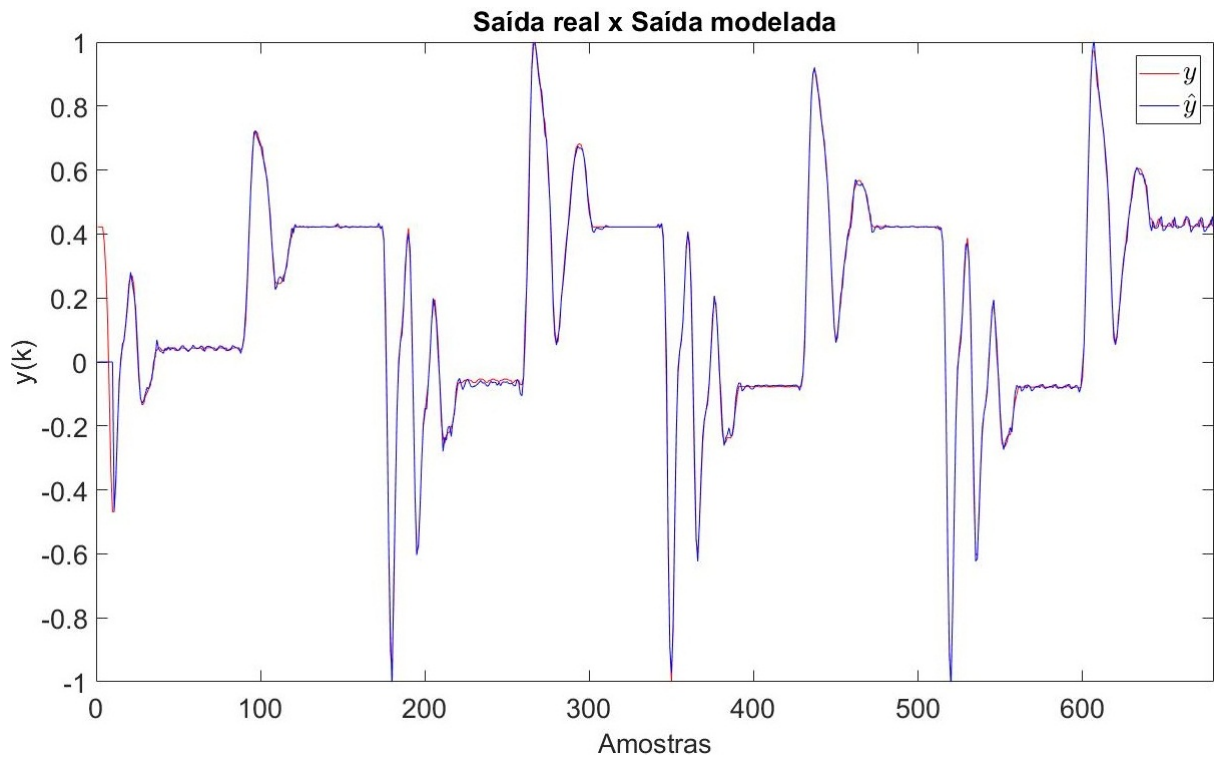
Fonte: Criação Própria.

Figura 30: Ampliação da validação do modelo sem MMQ do levitador magnético.



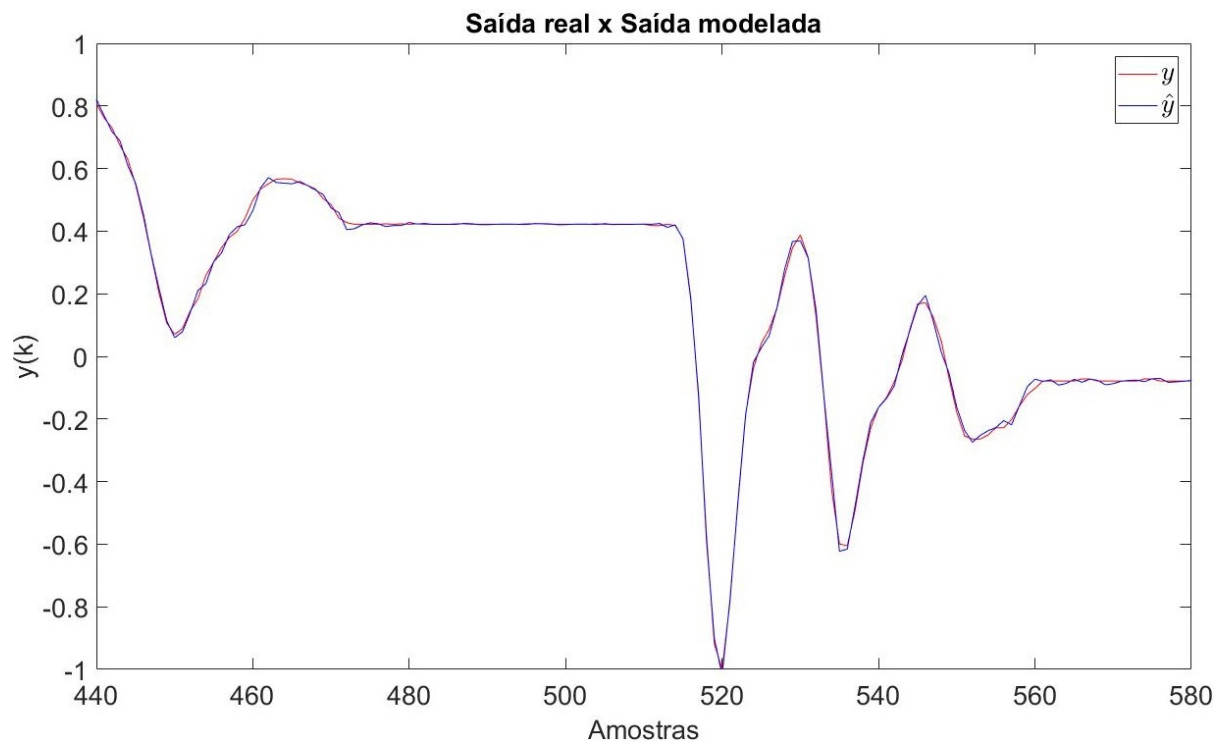
Fonte: Criação Própria.

Figura 31: Validação do modelo com MMQ obtido para o sistema levitador.



Fonte: Criação Própria.

Figura 32: Ampliação da validação do modelo com MMQ obtido para o sistema levitador.



Fonte: Criação Própria.

7 CONCLUSÕES

Este trabalho apresenta uma metodologia de identificação de sistemas baseada na utilização Programação Genética - PG - para a determinação da estrutura de modelos do tipo NARX - *Nonlinear AutoRegressive model with eXogenous input*.

Neste contexto, realizaram-se dois exercícios de identificação: uma planta industrial didática de controle de fluxo automatizada e um levitador magnético. A escolha desses sistemas se deu devido às características dinâmicas e não-lineares dos equipamentos que os compõem. Esses sistemas foram identificados de duas maneiras, de forma que se pudesse observar os impactos da aplicação de um operador baseado no Método dos Mínimos Quadrados - MMQ - no processo evolutivo.

A natureza do processo evolutivo não garante o melhor resultado em apenas uma rodada, portanto arbitrou-se que com seis rodadas poderia ser evidenciada a aleatoriedade da PG, como também permitir maiores chances de um melhor modelo ser gerado. Além disso, adotou-se um conjunto fixo de parâmetros configuráveis para as rodadas da PG, constante na tabela 1. Através desse método comum, buscou-se averiguar a capacidade do processo evolutivo de contornar limitações impostas pela parametrização do algoritmo. A primeira etapa das identificações foi realizada sem a aplicação do operador de MMQ. Em ambos os sistemas, as seis rodadas tiveram como saída seis estruturas distintas. No caso da planta de vazão, o processo evolutivo produziu o indivíduo *bestfit* na primeira rodada, com $MSE = 7,61.10^{-4}$.

No sistema do levitador magnético, o indivíduo *bestfit*, que apresentou o resultado de $MSE = 4,54.10^{-3}$, foi gerado na sexta rodada. Conforme explicitado na tabela 4, o processo evolutivo tendeu a representar o sistema com regressores de saída e de ordem baixa. Os regressores de entrada não foram selecionados para o modelo final em quatro ciclos de execução da PG. Os modelos obtidos para o levitador magnético apresentaram a mesma tendência de utilizar regressores de ordens baixas, mas de forma mais intensa que a verificada no outro estudo de caso.

Dentre as combinações mais simples de regressores, $y(k-1)$ foi consistentemente o que apresentou o maior impacto no MSE do indivíduo. Isso levou o processo evolutivo a propagar esse regressor pela população na maioria das rodadas, diminuindo variabilidade de modelos do processo.

O operador de MMQ foi introduzido na PG para determinar parâmetros que minimizem o MSE, dada a estrutura estabelecida pela PG. As identificações dos sistemas com o MMQ resultaram nos valores expostos nas tabelas 3, para a planta de vazão, e 5, para o levitador magnético. Nos dois casos estudados o operador promoveu avanços significativos na qualidade do processo evolutivo. Verificou-se uma melhora média de aproximadamente 70% no MSE das rodadas, tanto para os melhores indivíduos quanto para a média das populações finais. Constatou-se também que, na média das rodadas, houve um aumento no distanciamento do indivíduo *bestfit* em relação à média populacional de aproximadamente 11% para a planta de vazão, e 30% para o levitador, ambos em relação ao resultado obtido nas identificações análogas sem o operador de MMQ.

Além disso, os resultados do levitador indicam que, apesar do aumento no tempo de processamento computacional da PG, o operador de MMQ é capaz de contornar parâmetros do algoritmo propositalmente restritivos em termos de profundidade, ordens máximas e número de gerações. A duração média das seis rodadas da identificação do sistema levitador magnético foi de 4,93 minutos sem o MMQ, e de 61,85 minutos com o operador.

Conclui-se que o método desempenhado de determinação da estrutura de modelos NARX por meio da PG apresentou resultados precisos para o fim da identificação dos sistemas reais abordados, especialmente quando empregado o operador de MMQ.

8 SUGESTÕES PARA TRABALHOS FUTUROS

Diante da conceituação e programação desenvolvidas neste TCC, é possível determinar alguns pontos que representam uma oportunidade de continuidade do estudo proposto, sobretudo em formas de facilitar o uso da ferramenta da programação genética. Notadamente, o código desenvolvido apresenta diversos pontos otimizáveis. O processo de avaliação de *fitness* é o maior causador de lentidão na execução da PG. Sugere-se que se desenvolva algumas etapas do processo evolutivo, como a de avaliação de *fitness*, em outra linguagem não dependente do *software* MATLAB. As linguagens C ou Python, por exemplo, apresentam indícios de que promoveriam uma redução no tempo de execução.

Sugere-se ainda a criação de formas de facilitar a implementação da PG desenvolvida. Para tanto, existe a possibilidade de criação de uma interface de interação com o usuário, em que os diversos parâmetros possam ser alterados. Pode-se criar uma *toolbox* para o *software* MATLAB, por exemplo. Entre outras melhorias, destaca-se também um aumento na modularidade do código, incrementando as possibilidades de atuação do usuário. Por exemplo, pode-se tornar as relações entre os operadores de mutação, *crossover* e reprodução em itens modificáveis. Isso permitiria um estudo mais aprofundado nas relações entre a pressão seletiva e os operadores genéticos.

REFERÊNCIAS

AGUIRRE, L. A. **Introdução à identificação de sistemas: técnicas lineares e não-lineares aplicadas a sistemas reais**. 4. ed. Belo Horizonte: UFMG, 2015. 773 p. ISBN 9788542300796.

GOSH, S.; MAKHA, S. Genetic algorithm based NARX model identification for evaluation of insulin sensitivity, **Applied Soft Computing Journal**, 2011, v. 11, n. 1, pg. 221-226. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com.ez48.periodicos.capes.gov.br/science/article/pii/S1568494609002257?via%3Dihub>>. Acesso em: 17 out. 2017.

LIND, I. **Regressor and Structure Selection Uses of ANOVA in System Identification**. 2006. 206 p. Tese (Doutorado em Engenharia Elétrica) - Linköpings Universitet, Linköping, 2006. Disponível em: <<http://www.control.isy.liu.se/research/reports/Ph.D.Thesis/PhD1012.pdf>>. Acesso em: 17 out. 2017.

DANTAS, A. **Identificação de modelos polinomiais NARX utilizando algoritmos combinados de detecção de estrutura e estimação de parâmetros com aplicações práticas**. 2013. 173 p. Dissertação (Mestrado em Automação e Sistemas; Engenharia de Computação; Telecomunicações) - Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, 2013. Disponível em: <<https://repositorio.ufrn.br/jspui/handle/123456789/15489>>. Acesso em: 20 out. 2017.

RODRÍGUEZ-VAZQUEZ, K.; FONSECA, C. M.; FLEMING, P. J. Identifying the structure of nonlinear dynamic systems using multiobjective genetic programming, **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics - Part A: Systems and Humans**, jul. 2004, v. 34, n. 4, pg. 531-545. Disponível em: <<http://ieeexplore.ieee.org/document/1306531/>>. Acesso em: 23 out. 2017.

LJUNG, L. Perspectives on System Identification, **IFACS Proceeding Volumes**, 2008, v. 2, pg. 7172-7184. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1474667016400984>>. Acesso em: 29. mar. 2018.

LJUNG, L. **System identification: theory for the user**. Englewood Cliffs, N. J.: Prentice-Hall, c1987. 519 p. Prentice Hall information and system sciences series. ISBN 0138816409.

SODERSTROM, T.; STOICA, P. G. **System identification**. New York: Prentice-Hall, c1989. 612 p. Prentice Hall international series in systems and control engineering. ISBN 0138812365.

POZO, A.; CAVALHEIRO, A.; ISHIDA, C.; SPINOSA, E.; RODRIGUES, E.
Computação Evolutiva. Grupo de Pesquisas em Computação Evolutiva,
 Universidade Federal do Paraná. 2002. 61 p. Disponível em:
 <<http://www.inf.ufpr.br/aurora/tutoriais/Ceapostila.pdf>>. Acesso em: 07. mai. 2018.

KOZA, J. R. **Genetic programming**: on the programming of computers by means of
 natural selection . Cambridge: MIT Press, 1994. 819 p. ISBN 0262111705.

LUKE, S. **Essentials of Metaheuristics**. 2. ed. Lulu, 2013. 263 p. ISBN
 9781300549628. Disponível em: <<http://cs.gmu.edu/~sean/book/metaheuristics>>.
 Acesso em: 22 abr. 2018.

COLTON, S. **Lecture 17**: genetic programming. Imperial College London. Department
 of Computing. 2018. Disponível em:
 <<http://www.doc.ic.ac.uk/~sgc/teaching/pre2012/v231/lecture17.html>>. Acesso em:
 05. jun. 2018.

MADÁR, J.; ABONYI J.; SZEIFERT, F. **Genetic Programming for the
 Identification of Nonlinear Input-Output Models**. University of Veszprém.
 Department of Process Engineering. 2005. Disponível em:
 <<https://pubs.acs.org/doi/pdf/10.1021/ie049626e>>. Acesso em: 05. jun. 2018.

BOEUF, B. Male-male Competition and Reproductive Success in Elephant Seals.
Integrative and Comparative Biology. fev. 1974. v. 14, pg. 163-176. Disponível
 em: <<https://doi.org/10.1093/icb/14.1.163>>. Acesso em: 10. jun. 2018.

DA ROSA, A.; CAMPELLO, R. J. G. B.; AMARAL, W. C. Exact search directions for
 optimization of linear and nonlinear models based on generalized orthonormal functions,
IEEE Transactions on Automatic Control, dez. 2009, v. 54, n. 12, pg. 2757-2772.

DEGEN, C.; STREIT, R.; KOCH, W. On the functional derivative with respect to the
 Dirac Delta, *In*: 2015 SENSOR DATA FUSION: TRENDS, SOLUTIONS,
 APLICATIONS (SDF), 2015, Bonn. [**Anais**]. Disponível em:
 <<https://doi.org/10.1109/SDF.2015.7347696>>. Acesso em: 27 nov. 2018.