

7

Referências Bibliográficas

[1] ONS, Procedimentos de Rede. Disponível em: <http://www.ons.org.br/procedimentos/index.aspx>.

[2] LENNART L.: **System Identification — Theory For the User**, 2nd ed, PTR Prentice Hall, Upper Saddle River, N.J., 1999.

[3] IEEE Task Force on Load Representation for Dynamic Performance, **Load Representation for Dynamic Performance Analysis**. IEEE Transactions on Power Systems. May 1993, Vol. 8, No. 2, pp. 472-482

[4] IEEE Task Force on Load Representation for Dynamic Performance, **Bibliography on Load Models for Power Flow and Dynamic Performance Simulation**. IEEE Transactions on Power Systems. February 1995, Vol. 10, No. 1, pp. 523-538.

[5] IEEE Task Force on Load Representation for Dynamic Performance, **Standard Load Models for Power Flow and Dynamic Performance Simulation**. IEEE Transactions on Power systems. August 1995, Vol. 10, No. 3, pp. 1302-1313.

[6] MAITRA, A., *et al.*, **Using System Disturbance Measurement Data to Develop Improved Load Models**, Proceedings of the IEEE Power Systems Conference and Exposition, 2006.

[7] CHUANG, H.-D., WANG, J.-C., **Development of a dynamic ZIP-motor load model from on-line field measurements**, International Journal of Electrical Power and Energy Systems, Volume 19, Number 7, October 1997.

[8] YANHUI, X. *et al.*, **Validation of Measurement-based Load Modeling for Large-scale Power Grid**, Power and Energy Society General Meeting - Conversion and Delivery of Electrical Energy in the 21st Century, 2008 IEEE

[9] LESIEUTRE, B.C. SAUER, P.W., PAI, M.A., **Development and comparative study of induction machine based dynamic P, Q load models** IEEE Transactions on Power Systems, Vol. 10, No. 1. February 1995.

- [10] MA, J., DONG, Z., HE, R., HILL, D. J., **Measurement-based Load Modeling Using Genetic Algorithms**, 2007 IEEE Congress on Evolutionary Computation.
- [11] ZHANG P., BAI, H., **Derivation of Load Parameters using Improved Genetic Algorithm**, DRPT 2008. Third International Conference on Electric Utility Deregulation and Restructuring and Power Technologies, 2008. , April 2008.
- [12] KUNDUR, P., **Power System Stability and Control**, McGraw-Hill, 1994.
- [13] BOLLEN, M. H. J., *et al.*, **Characterization of Three-Phase Unbalanced Dips (as easy as one-two-three?)**, Proceedings of IX ICHQP, Orlando, Oct. 2000.
- [14] DUGAN, R. C., MCGRANAGHAN, M. F., BEATY, H. W.; **Electrical Power systems quality**, McGraw-Hill, 1996.
- [15] VISCONTI, I.F., DE SOUZA, L. F. W, COSTA, J. M. S. C., SOBRINHO, N. B. R. **Modelagem de Carga baseada em Monitoração de Qualidade de Energia: um Problema de Identificação de Sistemas**, VIII SBQEE, Blumenau, 2 a 5 de agosto de 2009.
- [16] VISCONTI, I. F., DE SOUZA, L. F. W., **Modelagem De Carga Baseada Em Medições Utilizando Algoritmos Genéticos**, XIII ERIAC, Maio 2009, Puerto Iguazu, Argentina.
- [17] VISCONTI, I.F., DE SOUZA, L. F. W, ROSS, R. P. D., LEITÃO, J. J. A. L., **Validação de Programa de Identificação de VTCD Oriundas de Aplicações de Curtos-Circuitos**, XI SEPOPE – Simpósio de Especialistas em Planejamento da Operação e Expansão Elétrica, 17 a 20 de Março 2009, Belém – PA.
- [18] OPPENHEIM, A. V., *et al.*, **Discrete-Time Signal Processing**, Prentice Hall, Upper Saddle River, N.J, 2nd ed, 1999.
- [19] KUNDUR, P., **Definition and Classification of Power System Stability**, IEEE Transactions of Power Systems, vol.19, no2, Aug 2004.
- [20] CEPTEL, "**Manual do Usuário do Programa de Análise de Transitórios Eletromecânicos – ANATEM**", Rio de Janeiro, Brasil, 2008.
- [21] ZADEH, L. A. **On the identification problem**. IRE Transactions on Circuit Theory, 3:277–281, 1956.

[22] OGATA, K., **Modern Control Engineering** Prentice Hall, Englewood Cliffs, N.J, 2nd ed, 1990.

[23] MICHALEWICZ, Z., **Genetic algorithms + data structures = evolution programs**. Berlin: Springer, 1992.

[24] GRAINGER, JOHN J., STEVENSON, W. D., **Power System Analysis**. New York: McGraw-Hill, 1994.

APÊNDICE I – Identificação de Sistemas

O objetivo primordial desta dissertação é modelar um fenômeno do sistema elétrico, estabelecendo uma relação causal entre a potência consumida por uma carga e a variação de tensão no barramento de carga.

Determinar modelos, estudando suas propriedades, a partir de observações registradas de fenômenos naturais é a essência do método científico. Identificação de sistemas lida com a inferência de modelos matemáticos através da medição de pares de dados de entrada e saída [2]. O termo foi usado pela primeira vez em [21] e está intimamente ligado ao conceito de modelagem computacional, que acrescenta a esse processo de identificação de sistemas a implementação dos modelos em alguma linguagem de programação, a fim de simular as soluções dos mais diversos problemas científicos. Seus conceitos serão a base teórica desta Metodologia.

Neste capítulo, serão apresentados conceitos básicos da identificação de sistemas, e o procedimento geral para modelagem de fenômenos científicos.

Conceitos Gerais

Sinais: Contínuos e Discretos

O termo *senal* é aplicado a um conjunto de informações sintetizadas sobre um sistema, que podem ser transportadas por um meio físico [18]. *Sinais* são representados matematicamente como funções de uma ou mais variáveis independentes. A variável independente pode ser *contínua* ou *discreta*. Sinais no domínio de tempo contínuo, também chamados *sinais analógicos*, são representados por variáveis independentes contínuas. Sinais no domínio de tempo discreto são representados por sequências numéricas, isto é, variáveis independentes discretas, também conhecidos como *sinais digitais*.

Sistemas no domínio do tempo contínuo são aqueles em que tanto os sinais de entrada, quanto os sinais de saída são contínuos, enquanto os sistemas no domínio do tempo discreto são aqueles em que ambos os sinais de entrada e saída são sinais digitais.

Os sinais elétricos de tensão e corrente são analógicos, mas só podem ser medidos com certa taxa de amostragem. Portanto, o domínio do problema da modelagem de carga é o domínio do tempo discreto e os dados dos sinais medidos são seqüências numéricas que variam no tempo.

A Figura 35 apresenta um ciclo da tensão elétrica colhida por um medidor da CHESF de 69 kV (tensão fase-fase). Os sinais analógicos de tensões e correntes são obtidos com uma taxa de amostragem de 1920 Hz, o que significa uma taxa de 32 amostras por ciclo de 60 Hz.

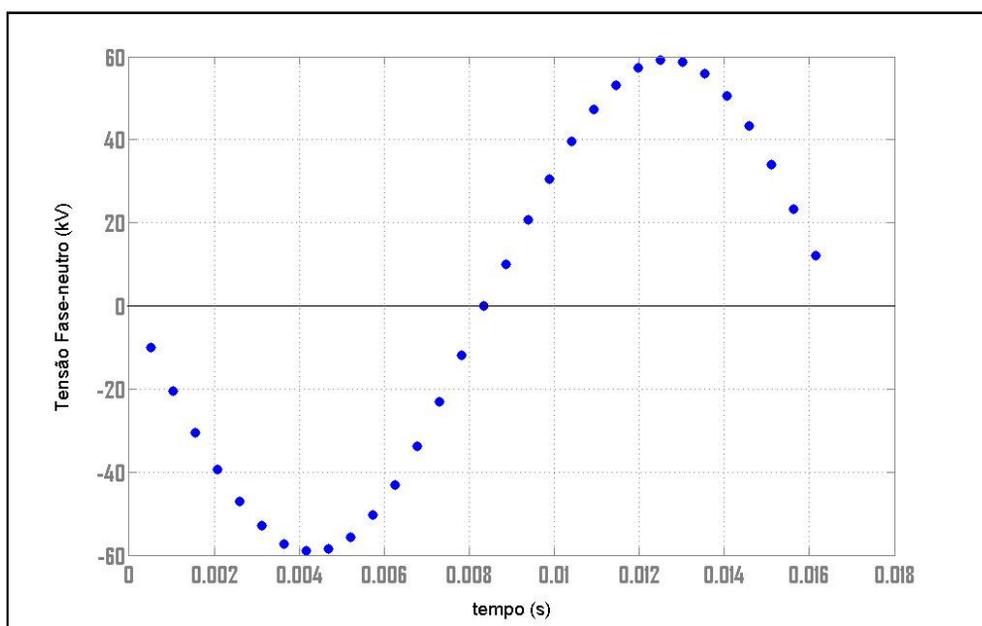


Figura 35 - Taxa de amostragem do sinal de uma fase de tensão no 69kV

Sistemas Dinâmicos e Modelos Matemáticos

De acordo com [1], um *sistema* pode ser definido como um objeto com variáveis de diferentes tipos que produzem sinais observáveis. As variáveis de interesse produzidas por este sistema são definidas como variáveis de saída ou *sinais de saída*. As variáveis externas que afetam as variáveis de saída são

chamadas de *sinais de entrada*, ou de perturbação, dependendo do sistema em análise e da importância em se classificar as diferentes variáveis que afetam o sistema.

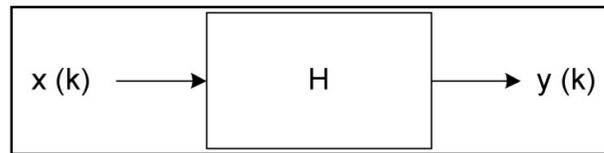


Figura 36 – Exemplo de representação de um sistema SISO (*Single-Input Single-Output*)

Um *sistema dinâmico* é aquele em que a saída amostrada num determinado instante, depende da entrada no mesmo instante e nos instantes anteriores. “O primeiro passo na análise de um sistema dinâmico é deduzir seu modelo matemático. Devemos ter sempre em mente que a dedução de um modelo matemático razoável é a parte mais importante de toda a análise” [22].

Quando um sistema é foco de análise e síntese, normalmente faz-se necessário estabelecer quais serão os sinais de entrada e saída observados do sistema, determinar uma relação entre eles, traduzindo-as numa ou mais equações matemáticas. Tais modelos são comumente chamados *modelos analíticos* e podem ser classificados sob vários aspectos, tais como: lineares ou não-lineares, determinísticos ou estocásticos, no domínio do tempo discreto ou no domínio do tempo contínuo.

As principais representações dos modelos matemáticos são na forma de equações a diferenças (tempo discreto), diferenciais (tempo contínuo) ou na forma de espaço de estados.

Discussão Filosófica: Realidade x Modelagem

É importante frisar que qualquer modelo matemático, não importa o seu grau de precisão, consiste apenas num reflexo da realidade. O modelo matemático é o mecanismo em que podemos traduzir certos aspectos do mundo real, mas sem estabelecer uma conexão exata entre esses dois mundos.

Portanto, é sempre importante ter em mente o *propósito* da modelagem, seja ele simulação, predição ou controle de algum fenômeno onde se intui que o

mesmo pode ser descrito por um conjunto de padrões e este modelo seja concebido para atender razoavelmente este comportamento padrão.

Esta questão filosófica surge quando se discute a precisão do modelo. É possível representar não-linearidades de um sistema físico simplificando-as em um modelo linear. Quando o propósito da representação admite ignorar certos aspectos do fenômeno, frequentemente é possível obter resultados suficientemente próximos aos desejados, de acordo com algum critério de validação.

Outro exemplo muito comum citado em [22] é assumir que modelos de parâmetros distribuídos são mais preciso que modelos de parâmetros concentrados, mas que nem sempre é necessário descrever tais sistemas através de equações diferenciais parciais. Linhas de transmissão curtas são modeladas por parâmetros concentrados, enquanto linhas de transmissão longas são modeladas por parâmetros distribuídos ao longo da linha.

Portanto, é possível reduzir a complexidade de um modelo, se ele atende suficientemente o seu propósito.

Sistemas Lineares Discretos Invariantes no Tempo

Sistemas lineares invariantes no tempo é a principal classe de sistemas dinâmicos utilizadas na prática na literatura [1], assumindo que suas descrições são idealizações do fenômeno a ser descrito na vida real, pois os fenômenos da natureza são não-lineares, mas podem ser descritos adequadamente por meio de modelos lineares.

A definição de linearidade parte do princípio da superposição, cujas propriedades de *aditividade* e *homogeneidade* costumam ser apresentadas como prova da linearidade de um sistema; como exemplo da propriedade da aditividade, um sistema tendo uma resposta y_1 para um sinal x_1 , isto é, $y_1 = f(x_1)$ e uma resposta y_2 para outro sinal x_2 , se os sinais x_1 e x_2 forem somados, a resposta do sistema será $y_1 + y_2$. A homogeneidade assume que se um sinal de entrada x_1 for multiplicado por um escalar α e a resposta do sistema for z_1 , o mesmo resultado seria obtido multiplicando a saída do sistema y_1 por α , ou seja: $z_1 = \alpha x_1 = \alpha y_1$.

A definição para sistemas invariantes no tempo implica que a resposta do sistema não depende do tempo absoluto. Como descrito em [22], um sistema

dinâmico é considerado invariante no tempo se for descrito por equações diferenciais lineares, isto é, se os coeficientes das equações forem constantes, ou função da variável independente.

A *causalidade* é uma propriedade importante e estabelece que a saída de um sistema, num determinado instante, depende da entrada até aquele instante.

Processo de Identificação de Sistemas

A partir de um conjunto de pares de dados de entrada/saída de um sistema de interesse, o mapeamento desses dados através de um equivalente matemático consiste num processo de identificação de sistemas, resumidos nas seguintes etapas:

- Seleção e processamento pares de dados de entrada/saída do sistema.
- Separação dos dados em subconjuntos de dados de treinamento e de validação do modelo.
- Obtenção de uma estrutura matemática parametrizável para ser a função de transferência do sistema.
- Parametrização do modelo a partir dos dados de treinamento.
- Qualificação do modelo com os dados de validação.

Escolha dos dados e variáveis de interesse

Esta etapa pode ser sintetizada na escolha entre um sistema SISO (Figura 36) ou MIMO (*Multi-Input Multi-Output*).

Neste trabalho, as variáveis de interesse são a potência consumida pelo barramento de carga (sinais de saída) e a tensão $V_L(k)$ neste barramento (sinais de perturbação), durante faltas no sistema de transmissão, sendo um modelo para a resposta da Potência Ativa $P_L(k)$ em função de variações de $V_L(k)$, e outro modelo para a variação da Potência Reativa $Q_L(k)$ em função de variações de $V_L(k)$.

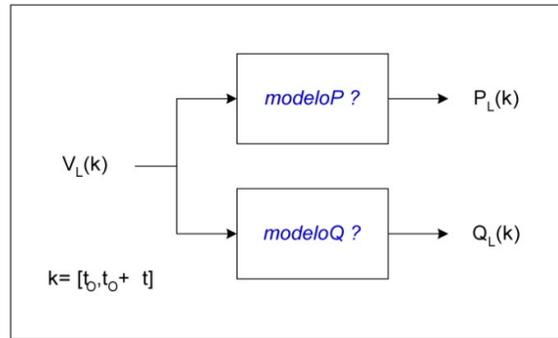


Figura 37 – Diagrama esquemático das variáveis de interesse no modelo de carga

Em suma, deve ser definido quem são os:

- Sinais de saída.
- Sinais de perturbação.
- A taxa de amostragem destes sinais.
- O número N de amostras para cada registro de distúrbio.
- A partição P das N amostras registradas antes do distúrbio e as $(N-P)$ amostras pós-distúrbio.

-

Serão coletados pares de dados entrada/saída de cada uma das subestações de carga escolhidas, estabelecendo um critério para selecionar somente os dados que atendem aos requisitos da modelagem. De posse de um conjunto de dados representativos do fenômeno, eles devem ser divididos em dois grupos:

- Dados de treinamento – para estimar os parâmetros do modelo.
- Dados de validação – para simular a resposta do modelo, calculando o erro entre a saída medida e a simulada.

Escolha de uma estrutura de modelo

Consiste na escolha da *característica* do modelo, isto é, se ele é linear ou não-linear, baseado em leis físicas (*white-box*) ou um modelo paramétrico configurado para simular dados observados (*black-box*).

A seguir, a descrição de duas classes de métodos para a escolha da estrutura de modelos:

Métodos não-Paramétricos

Métodos que tem como objetivo determinar funções de transferência sem selecionar um conjunto de “modelos candidatos”, uma que vez que estes métodos não empregam explicitamente um vetor paramétrico na busca pela melhor representação [1].

Exemplos destes *métodos a posteriori* de inferência de modelo são:

- Análise de correlação de input-output
- Análise de resposta transitória ao impulso/degrau.
- Análise de Fourier (Empirical Transfer-Function Estimate).
- Análise espectral.

Métodos Paramétricos

Também chamados *métodos a priori*, consistem em arbitrar modelos baseados em prévio conhecimento do sistema, premissas fundamentadas por pesquisa, simetrias e quaisquer artifícios adequados para síntese de sistemas.

A essência de tais métodos é estimar os parâmetros do modelo escolhido com uma partição dos dados de entrada/saída disponíveis (dados experimentais) e validar o modelo, de acordo com um ou mais critérios, com a partição complementar dos dados observados (dados de validação).

Podem ser resumidas as etapas dos métodos paramétricos de obtenção de modelos matemáticos nos seguintes tópicos:

- **Escolha arbitrária de um tipo de modelo** – Escolher dentre um conjunto de modelos candidatos, que podem ser divididos em:
 - Modelo “caixa-branca” – construídos com auxílio de leis da física, logo dotados de significado físico.
 - Modelos “caixa-preta” – construídos para simular os dados de saída, como resposta aos dados de entrada, sem que o modelo reflita relações físicas conhecidas.

- Modelos “caixa-cinza” – construídos de forma híbrida, onde o problema é modelado em uma parcela com significado físico e a outra parcela com uma relação matemática sem fundamento físico.
- **Escolha do tamanho do modelo** – isto implica em selecionar a ordem de um modelo de espaço de estados ou de equações a diferenças, ou ainda os graus de liberdade de um modelo polinomial.
- **Escolha dos parâmetros** – Neste trabalho, a estimação dos parâmetros de um modelo de carga é formulada como um problema de otimização, onde a função-objetivo é o erro médio quadrático relativo entre a simulação da resposta do modelo com os dados de entrada e a medição da resposta do sistema. A técnica de estimação de parâmetros utilizada no presente trabalho foi o algoritmo genético.

Validação do modelo

Verificação da abrangência e precisão do modelo e seus parâmetros para diferentes curvas, correspondentes a diferentes eventos ocorridos no sistema elétrico.

A pergunta a ser respondida, então, é como definir a melhor estrutura matemática para representar o comportamento da carga diante de contingências inerentes ao sistema de potência? Como obter os parâmetros que caracterizem o maior número possível de padrões observados (medidos)?

Ao invés de perguntar se “este modelo descreve o sistema verdadeiro?”, deve ser questionado se “este modelo atende às minhas necessidades?”.

APÊNDICE II – Algoritmos Genéticos

Conceitos Básicos

São indicados em problemas complexos de otimização, com muitos parâmetros/variáveis, com condições e restrições difíceis de serem modelados matematicamente. AG pode ser definido como uma estratégia de busca de soluções, cujos métodos são inspirados em fenômenos da natureza descritos pela teoria da evolução de Charles Darwin.

O procedimento básico do AG pode ser sintetizado com o pseudo-código da Figura 38:

```

Procedimento AG

Begin
T=0;                % contador de gerações
Inicializa P(T);    % inicialização aleatória dos indivíduos de P(0)
Avalia P(T);        % calcula  $F_{av}(i)$ , onde  $i=[1, tamanho\_população]$ 

    While not <critério_de_parada> do
        T=T+1;
        Seleciona P(T), a partir de P(T-1);
        Altera P(T);    % crossover e mutação
        Avalia P(T);    % calcula  $F_{av}(i)$ , onde  $i=[1, tamanho\_população]$ 
    End While
End;

```

Figura 38 - Pseudo-código do Algoritmo Genético

A seguir, serão listados alguns conceitos básicos do AG [23]:

Indivíduos – também chamados **cromossomas, estruturas, genótipos**, ou até mesmo **palavra**. É um conjunto de unidades (**genes**) que, no algoritmo genético clássico assumem valores binários, representando a solução do problema de otimização. Em problemas cuja representação é real, isto é, os indivíduos são

representados por genes que assumem valores reais, ao invés de binários, é necessário definir os limites inferior e superior de cada unidade. Vamos adotar a nomenclatura $X = [x_1 \ x_2 \ \dots \ x_n]$ para descrever um indivíduo X , com n genes. No caso da Figura 39, $I_1 = [0 \ 0 \ 0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0 \ 1]$.

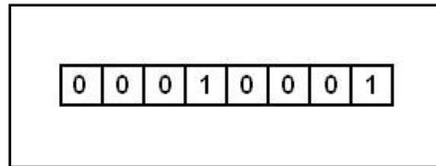


Figura 39 - Exemplo de indivíduo (cromossoma)

População – Conjunto de indivíduos. De um modo geral são criadas aleatoriamente, respeitando as restrições, caso a representação seja real. Quanto maior a população, maior o esforço computacional para a solução convergir (valores típicos de tamanho de população: 50, 100 indivíduos) É possível determinar, na maioria das ferramentas computacionais que implementam o AG, um “indivíduo inicial”, tal qual um “palpite inicial” da solução do problema, que pode ser resultado de algum experimento ou conhecimento prévio a respeito do problema.

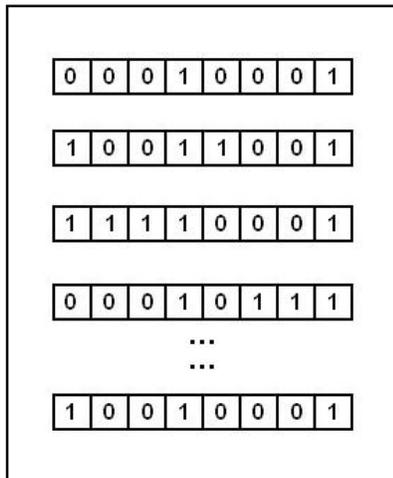


Figura 40 - Exemplo de uma população, onde são mostrados 5 indivíduos

Função de Avaliação – Funciona, de acordo com a metáfora da “evolução de uma solução”, avaliando o grau de aptidão de um indivíduo, ou avaliando sua proximidade em relação à solução ótima. Se o objetivo for maximizar uma

função, a própria função objetivo é a função de avaliação, sendo cada indivíduo, numa população de soluções, calculado pela função a ser maximizada. Os melhores indivíduos (mais aptos, que produzem os maiores resultados) representam soluções mais próximas da solução ótima. No exemplo da Figura 40, o terceiro indivíduo, de cima pra baixo, é o “maior” (caso a decodificação da representação binária dos indivíduos desta população seja simplesmente calcular o valor do número binário, composto por todos os genes do cromossoma, na base decimal).

Seleção – É a metáfora da seleção natural proposta por Darwin. Consiste no critério de seleção de indivíduos de uma população para uma próxima geração. É proporcional a aptidão de um indivíduo, em sintonia com a metáfora da seleção natural como agente de seleção de espécies mais adaptadas ao meio e com mais chances de sobrevivência.

Operadores Genéticos – Consistem em operações feitas em indivíduos. Numa representação binária, a **mutação** é a troca de um gene (de 0 para 1, ou vice-versa), enquanto o **crossover** é o cruzamento de partes de dois cromossomas (I1 e I2), gerando uma “prole” (P1 e P2) que carrega informações dos dois genitores.

Representação Binária e Real e Espaço de Busca

A representação é fundamental na modelagem de um AG e sua função primordial é descrever o espaço de busca de soluções.

A representação binária foi à primeira representação de soluções em problemas de AG. Se a solução em questão for um número inteiro, basta converter o número binário para o seu valor na base decimal (como mencionado na seção anterior, no item Função de Avaliação).

Entretanto, no caso de uma solução real, com representação binária, o processo envolve codificação e decodificação de cada indivíduo, a fim de avaliá-lo. O número de genes depende da precisão e do domínio desejado para a solução em um número real.

Seja o domínio de uma solução $X = [X_{\min}, X_{\max}]$ e p o número de casas decimais que se almeja obter em termos de precisão da solução e n o número de genes do cromossoma (Figura 41). Assim:

$$2^n \geq (X_{\max} - X_{\min}) * 10^p \quad (28)$$

Logo:

$$X_{\text{real}} = [X_{\text{bin}} * (X_{\max} - X_{\min}) / (2^n - 1)] + X_{\min} \quad (29)$$

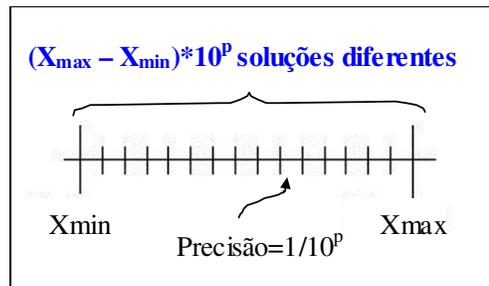


Figura 41 - Representação de um número real em um código binário

A representação dos indivíduos em AG logo foi generalizada para uma representação onde cada um de seus genes é um número real, o que diminuiu consideravelmente o tamanho dos cromossomas (número de genes); para tanto, foram implementados novos operadores genéticos para esta nova representação, com será descrito adiante.

Função de Avaliação e Seleção

Dois importantes aspectos do processo evolucionário de busca genética consistem na **diversidade da população** e **mecanismos de seleção**. Estes dois fatores estão fortemente ligados: quanto maior a “pressão seletiva” menor é a diversidade da população. Para que isso fique claro, devemos entrar neste segundo conceito mais a fundo.

De acordo com o procedimento ilustrado na Figura 38, para a população evoluir de uma geração T para uma geração T+1, é necessário selecionar indivíduos, de acordo com seu potencial, isto é com sua aptidão.

O processo de seleção mais comum é a chamada **roleta**. Cada indivíduo X_i de uma população $P(T)$, onde T é a geração desta população e **pop_size** é o total de indivíduos que compõem esta população, recebe uma avaliação, dada pela Função de Avaliação ou Função Objetivo, a ser otimizada (maximizada ou minimizada). A aptidão A_i deste indivíduo é proporcional a esta avaliação, isto é:

$$A_i = \frac{F_{av}(X_i)}{\sum_{i=1}^{pop_size} F_{av}(X_i)} \quad (30)$$

Calcula-se A_i para todos os indivíduos da população $P(T)$ (ou seja, A_i , para $i=[1, pop_size]$). A aptidão pode ser entendida como a probabilidade de seleção de cada cromossoma. A seguir, com todos os A_i , calculamos a probabilidade cumulativa PC_i de cada cromossoma X_i :

$$PC_i = \sum_{j=1}^i A_j \quad (31)$$

A **roleta**, de acordo com [23], é uma roda com fatias proporcionais às aptidões, ou às probabilidades acumuladas de cada cromossoma. Assim, o processo de escolha de novos indivíduos para a geração $T+1$ da população é baseado em um gerador de números aleatórios, que é a metáfora do ato de “rodar a roleta”.

Se o número aleatório gerado “pela roleta” é r , a escolha é realizada da seguinte maneira:

SE	$r < PC_1$	ENTÃO
X_1 é selecionado		SENÃO
SE	$PC_{i-1} < r < PC_i$	ENTÃO
X_i é selecionado		

Uma das conclusões óbvias é que alguns cromossomas serão escolhidos mais de uma vez, o que está de acordo com a Teorema do Schema (capítulo 3, “GAs: Why do they work?” de [23]), que consiste nos fundamentos teóricos de

AG. Então, os melhores cromossomas têm mais cópias e os piores tendem a não se reproduzir mais.

Nas primeiras implementações de AG (tratadas como AG tradicionais), entre uma geração e outra, toda a população era trocada com exceção do melhor indivíduo (elitismo), onde se entende melhor como o mais bem avaliado (mais apto). Isso foi substituído pelo *Steady State*, que substitui um percentual da população (*gap*) e mantém o restante na próxima geração. Isso constitui a “pressão seletiva” mencionada no início da seção.

A estrutura dos cromossomas pode ter elementos, em uma dada geração, que têm genes com valores próximos da solução ótima, enquanto outros genes destes mesmos indivíduos bem avaliados estão longe de uma solução ótima e próximos de uma solução tida como um mínimo local. Assim, excluindo cromossomas com baixa aptidão, podemos eliminar cromossomas com material genético (genes com valores próximos da solução ótima).

Operadores Genéticos

A cada nova população criada, o algoritmo aplica os operadores genéticos *crossover* e mutação. Se a população de indivíduos, em uma dada geração é “parecida” (pequeno desvio nos valores de seus genes), o que tende a acontecer após muitas gerações terem sido criadas e avaliadas, o *crossover* não vai trazer soluções muito diferentes, ao contrário da mutação que introduz desvios aleatórios, explorando melhor as possibilidades do espaço de busca de soluções.

A esses operadores, são associadas probabilidades p_c e p_m , que constituem parâmetros definidos pelo usuário do algoritmo, a serem tratados na próxima seção.

Crossover

O principal objetivo do operador genético *crossover* é trocar informações entre diferentes soluções (indivíduos) com boa aptidão.

Há diferentes tipos de *crossover* para cromossomas com “genes reais”; além do *crossover* de corte em um ou dois pontos, tal qual mostrado na Figura 42, o conceito do operador foi adaptado, mantendo a essência:

Crossover Uniforme – Utiliza uma máscara, definida pelo usuário. Sejam dois cromossomas $X1 = [a \ b \ c \ d]$ e $X2 = [e \ f \ g \ h]$ e uma máscara $M = [0 \ 1 \ 1 \ 0]$. O resultado desta combinação é $P1 = [a \ f \ g \ d]$ e $P2 = [e \ b \ c \ h]$.

Crossover de Média – Sejam os mesmo $X1$ e $X2$, no crossover de média, somente um “filho” é gerado a cada cruzamento. O resultado é $P = [(a+e)/2 \ (b+f)/2 \ (c+g)/2 \ (d+h)/2]$.

Crossover aritmético – é uma combinação linear de dois vetores (genitores) $X1$ e $X2$, sendo a prole $F1 = a*X1 + (1-a)*X2$ e $F2 = a*X2 + (1-a)*X1$, onde $a = \text{rand} \in [0, 1]$.

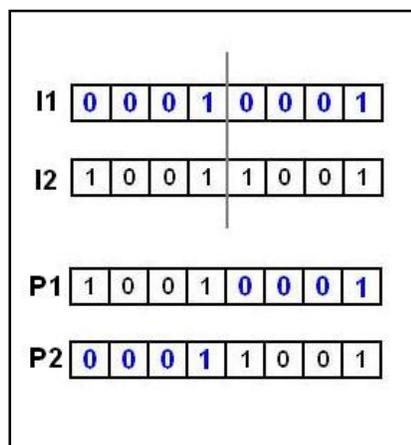


Figura 42 - Exemplo de crossover de um ponto

Mutação

O principal objetivo do operador genético mutação é dispersar indivíduos de uma população, com desvios aleatórios de seus elementos, aumentando a exploração do espaço de buscas e aumentando a probabilidade do algoritmo achar o mínimo/máximo global e não ficar preso num mínimo/máximo local. A seguir, operadores mutação associados a representações de “genes reais”:

Mutação Gaussiana – Altera um elemento do indivíduo da população por um número aleatório com função densidade de probabilidade gaussiana

normalizada. Sua configuração depende do *software* que implementa o AG. Seria algo como um indivíduo $I1=[x \ y]$, é modificado pelo operador tornando-se $M1=[x \ z]$, sendo $\text{limInf_gene} \leq z \leq \text{limSup_gene}$.

Mutação Creep – Acrescenta ou subtrai um ou mais valores de um gene por um Δ que não ultrapassa os limites inferior ou superior do gene em questão. Assim, um indivíduo $I1 = [x \ y]$, ao sofrer uma mutação, ficaria $M1 = [x \pm \Delta x \ y \pm \Delta y]$.

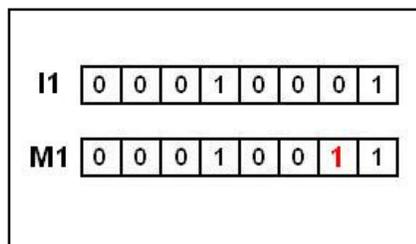


Figura 43 - Exemplo de mutação

Parâmetros

É uma lista de valores configuráveis pelo usuário do aplicativo que implementa o AG. Os mais importantes são:

Tamanho da População – Define quantos indivíduos são criados a cada geração. Valores típicos são 50, 100 indivíduos.

Probabilidade de Crossover – Como o próprio nome diz, é a probabilidade de ocorrência de um cruzamento entre dois indivíduos. Pode ser variada, à medida que as gerações passam. Em *softwares* que implementam uma probabilidade variável, recomenda-se que seja alta a probabilidade de *crossover* nas primeiras gerações, diminuindo essa probabilidade gradativamente.

Probabilidade de Mutação – É a probabilidade de ocorrência de mutação em um ou mais genes de um cromossoma. Em *softwares* que implementam uma probabilidade variável, recomenda-se que seja baixa a probabilidade de mutação nas primeiras gerações, aumentando essa probabilidade gradativamente. Com isso, aumenta-se a exploração do espaço de buscas.

Gap – A troca de população de uma geração para a outra é feita baseada no *Steady-State*, que foi introduzido para garantir um percentual dos melhores

indivíduos que são mantidos de uma geração a outra. O *gap* é a fração da população a ser trocada na geração seguinte.

Exemplo

Seja a Função F6 apresentada na Figura 44. A equação desta função é dada por:

$$F_6(x, y) = 0,5 - \frac{(\text{sen}\sqrt{x^2 + y^2})^2 - 0,5}{(1 + 0,001(x^2 + y^2))^2}$$

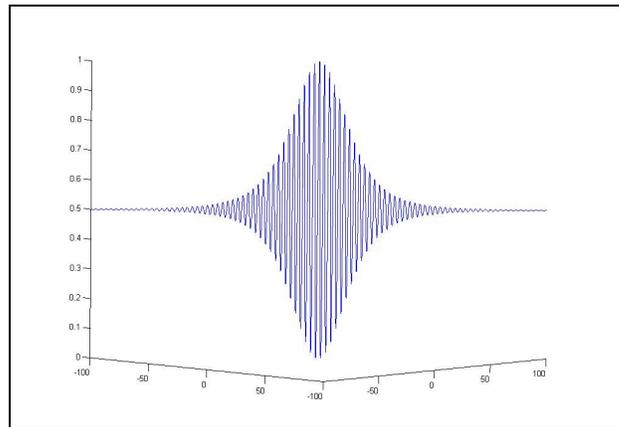


Figura 44 - Função F6(x,y)

OBJETIVO: Achar valores de x e y , com 4 casas decimais, que maximizem F_6 , sendo o domínio de x e $y = [-100, 100]$

OBS.: Há uma única solução ótima: $F_6(0,0)=1$.

A representação do cromossoma será binária codificando real. Lembrando (28):

$$2^n \geq (100 - (-100)) * 10^4 \Rightarrow n \geq \log_2 2 \cdot 10^6$$

Logo: $n \geq 21$ onde n é o número de bits necessários para codificar todo o domínio de soluções $-100,0000$ até $100,0000$ para cada uma das duas variáveis do

problema. Assim: $x=-100,0000$ é codificado como 0 e $n=100,0000$ como 1 e os demais números são codificados/decodificados com (29).

O cromossoma irá conter as duas variáveis x e y codificadas, portanto irá conter 42 bits.

Cromossoma:

C1=[000010100001100000000000101010001110111011]

Dividido em x e y :

$x=000010100001100000000$ $y=000101010001110111011$

Convertidos para base 10:

$x=82688$ e $y=172987$

De acordo com (29), deve-se multiplicar por: $200/(2^{21}-1)$

$x=7,885745948$ e $y=16,49733376$

Somados a $\min (-100)$:

$x=-92,1142$ e $y=-83,5027$

Aplicados a $F6(x,y)$:

$F6(x,y)= 0,4983$

Esta seria a aptidão do cromossoma C1, que ainda está longe da solução ótima. Este é um único indivíduo da população de uma determinada geração. O processo de obtenção da solução ótima segue o pseudo-código da Figura 38 e

evolui através da seleção de melhores indivíduos e recombinação/mutação dos “materiais genéticos” de cada um deles, ao longo da troca de gerações.

Pode-se notar que há um considerável esforço computacional para decodificar todos os indivíduos, a fim de calcular suas aptidões. A representação de cromossomas com números reais em seus genes acelerou o processo de obtenção de soluções *quasi-ótimas*.

APÊNDICE III – Resultados gráficos

Na seção 5.3, foi apresentada a Tabela 6 com funções de transferência representando os modelos de potência ativa e reativa no domínio de tempo contínuo. Neste apêndice, serão apresentados os resultados dos modelos no domínio do tempo discreto, cuja estimação de parâmetros foi conseguida com auxílio da heurística baseada em AG.

Os resultados para a modelagem da potência ativa foram bem melhores do que a modelagem da potência reativa, principalmente quando há troca de sinal do fluxo de reativo na carga ou mudança no fator de potência. A Figura 45 ilustra a situação encontrada em grande parte das subestações estudadas, na maioria das ocorrências registradas. A corrente adiantada em relação à tensão, caracterizando um fator de potência capacitivo (*leading power factor*).

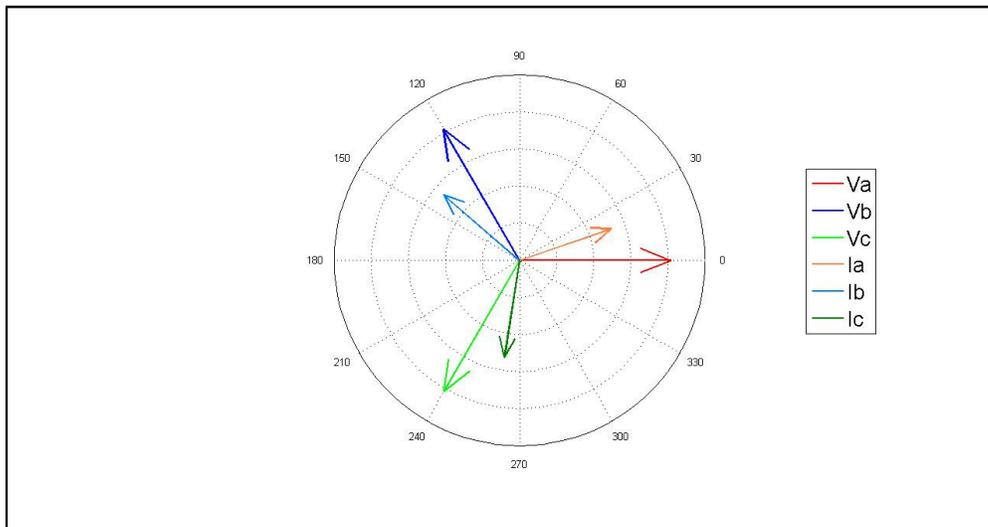


Figura 45 - Diagrama Fasorial da SE7

O diagrama da Figura 45 foi obtido com auxílio da TDF no primeiro ciclo da primeira ocorrência da SE7 (primeiro gráfico da Figura 47), indicando que a convenção do barramento é a de carga (correntes “entrando” no barramento) e o

fator de potência é capacitivo, consequentemente o sinal da potência ativa é positivo e o da potência reativa é negativo [24].

Já o diagrama fasorial da Figura 46 representa o primeiro ciclo da primeira ocorrência registrada na SE3, com convenção de gerador (correntes “saindo” do barramento) e corrente atrasada em relação à tensão. Com isso, o sinal da potência ativa é negativo e o da potência reativa é positivo.

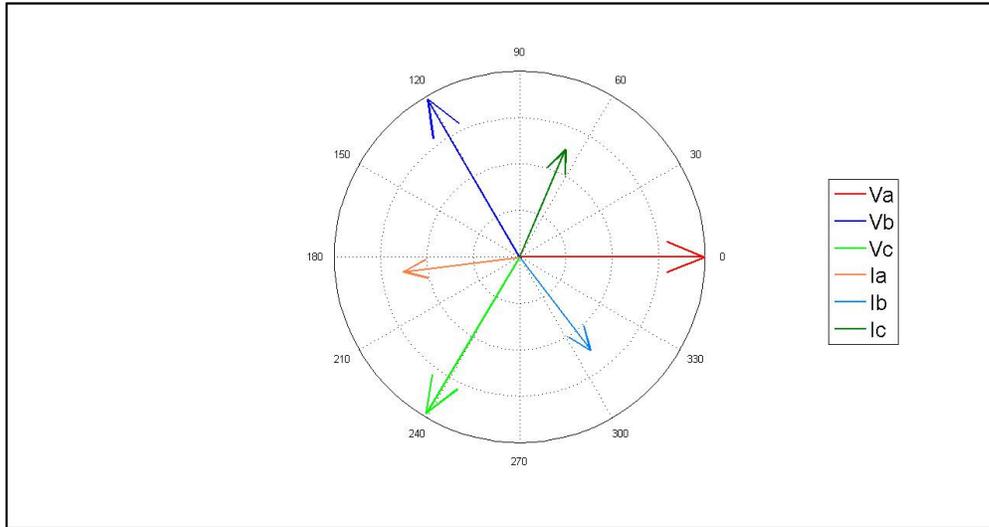


Figura 46 - Diagrama fasorial da SE3

Em todas as subestações com diagramas fasoriais similares à Figura 46, optou-se por adotar a convenção de carga, invertendo os sinais das potências; assim sendo, neste caso verifica-se na Figura 55 o sinal da potência ativa pré-distúrbio P_0 é positivo, enquanto na Figura 56 o sinal da potência reativa pré-distúrbio Q_0 é negativo.

A Tabela 7 sumariza os resultados dos parâmetros θ_p e θ_q , estimados pelo AG para o modelo autorregressivo de segunda ordem, respectivamente das potências ativa e reativa de cada uma das subestações estudadas. A tabela ainda mostra o erro médio de todas as ocorrências modeladas pelo modelo autorregressivo ($errParx$ para potência ativa e $errQarx$ para a potência reativa) e das mesmas ocorrências representadas com o modelo ZIP ($errPzip$ para potência ativa e $errQzip$ para a potência reativa), com os parâmetros de (4-12). Para todas as subestações, o modelo autorregressivo teve melhor desempenho que o modelo ZIP para representar a variação de potência em função dos mesmos afundamentos

de tensão. Em seguida, os resultados gráficos de todas as subestações são mostrados com três curvas desenhadas: a potência medida, a potência calculada pelo modelo autorregressivo, cuja equação aparece no alto de cada figura, e finalmente a curva do modelo ZIP, todos eles perturbados pelas mesmas VTCD medidas em campo.

Tabela 7 - Sumário de resultados para a modelagem de cargas para as subestações selecionadas

Subestação (SE)	Nº Eventos	θ_p	θ_q	errParx	errPzip	errQarx	errQzip
7	29	[0.093 0.624 2.692 -0.534]	[0.505 0.341 6.993 5.295]	7.01E-04	3.08E-03	3.75E+00	4.44E+01
21	35	[0.158 0.547 2.77 -0.875]	[0.733 0.246 7.409 -1.91]	8.41E-04	2.44E-03	1.61E+01	1.27E+02
4	21	[0.456 0.207 3.025 -2.104]	[0.457 0.337 3.63 1.99]	2.03E-03	6.46E-03	1.93E-02	2.69E+00
12	22	[0.19 0.475 3.22 -1.1]	[0.213 0.769 9.06 -3.994]	6.42E-04	2.56E-03	2.25E+02	4.96E+02
3	18	[0.047 0.530 2.905 -0.554]	[0.639 -0.001 9.814 8.611]	5.85E-04	2.87E-03	1.12E+02	1.52E+02
18	24	[0.047 0.767 2.714 -0.336]	[0.542 0.373 5.362 2.022]	1.95E-03	6.09E-03	3.68E-01	2.47E+00
13	27	[0.05 0.735 3.13 -0.336]	[0.592 0.355 5.999 -2.452]	1.27E-03	3.78E-03	7.00E+02	1.53E+03
2	32	[0.432 0.35 2.86 -1.56]	[0.445 0.526 8.227 -4.713]	7.39E-04	3.10E-03	1.71E+00	1.74E+02
9	30	[0.394 0.332 2.626 -1.183]	[0.646 0.258 3.351 -0.201]	1.02E-03	3.79E-03	1.62E-01	3.41E-01

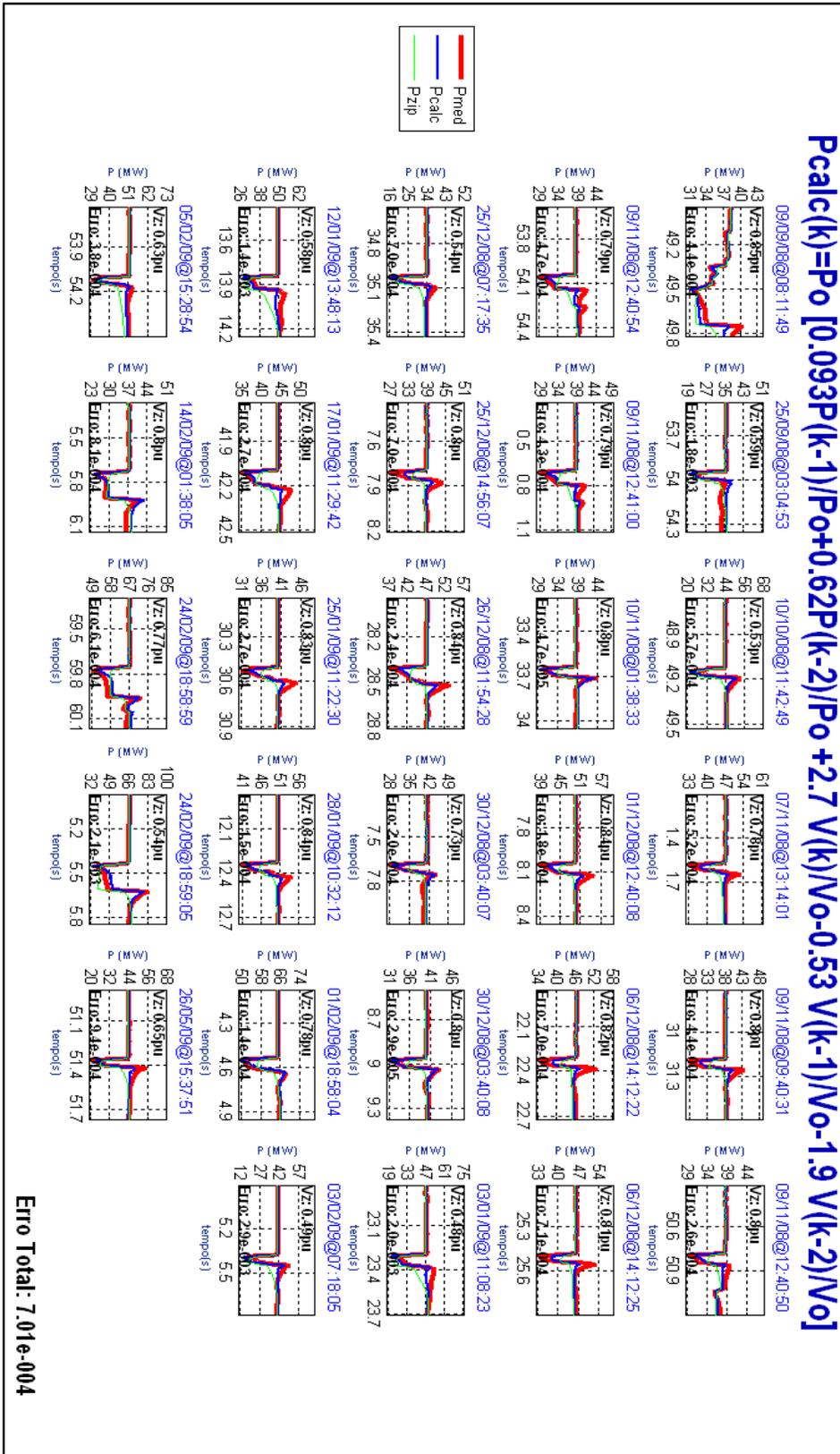


Figura 47 - Estimação de parâmetros para o modelo de P(k) da SE7

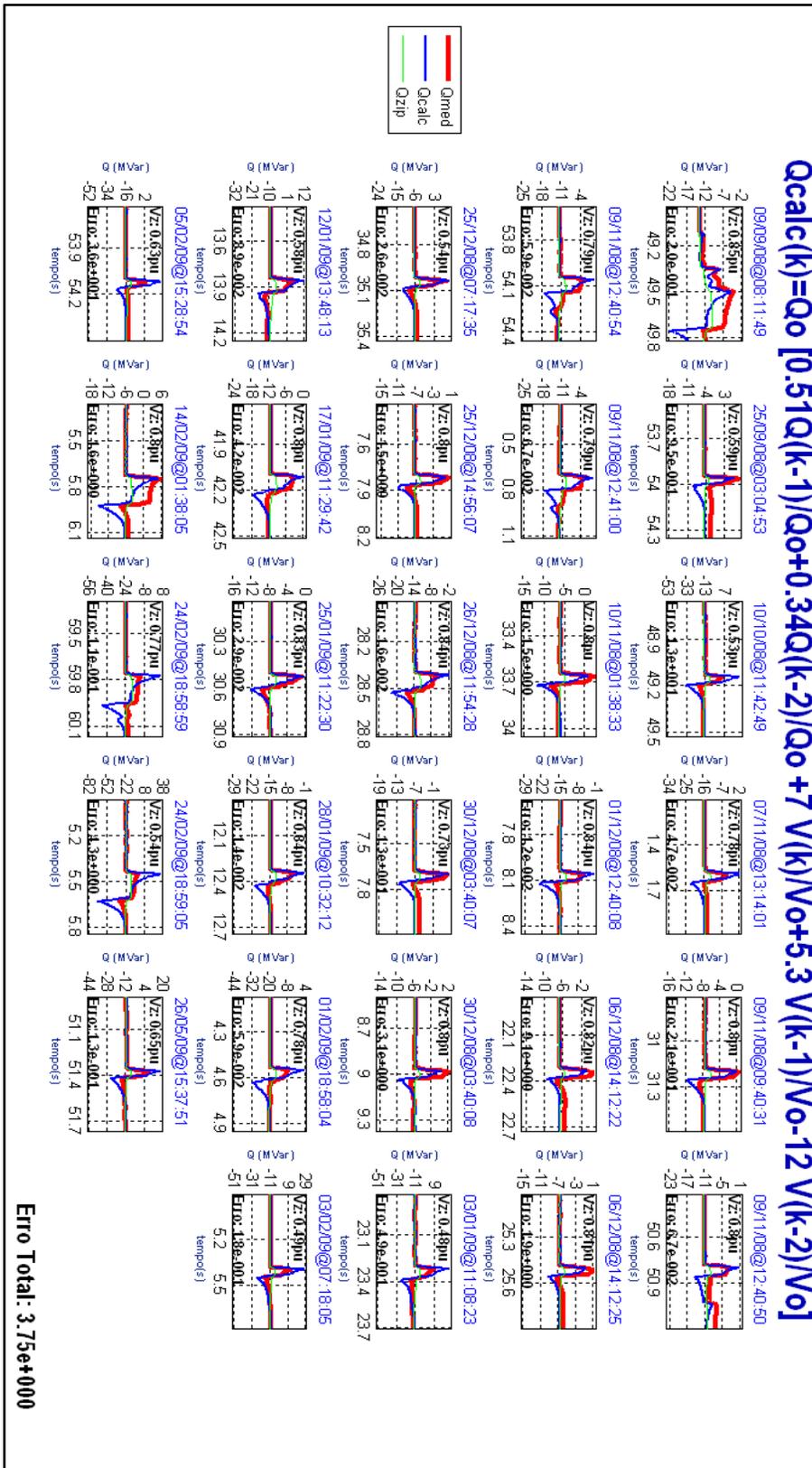


Figura 48 - Estimação de parâmetros para o modelo de Q(k) de SE7

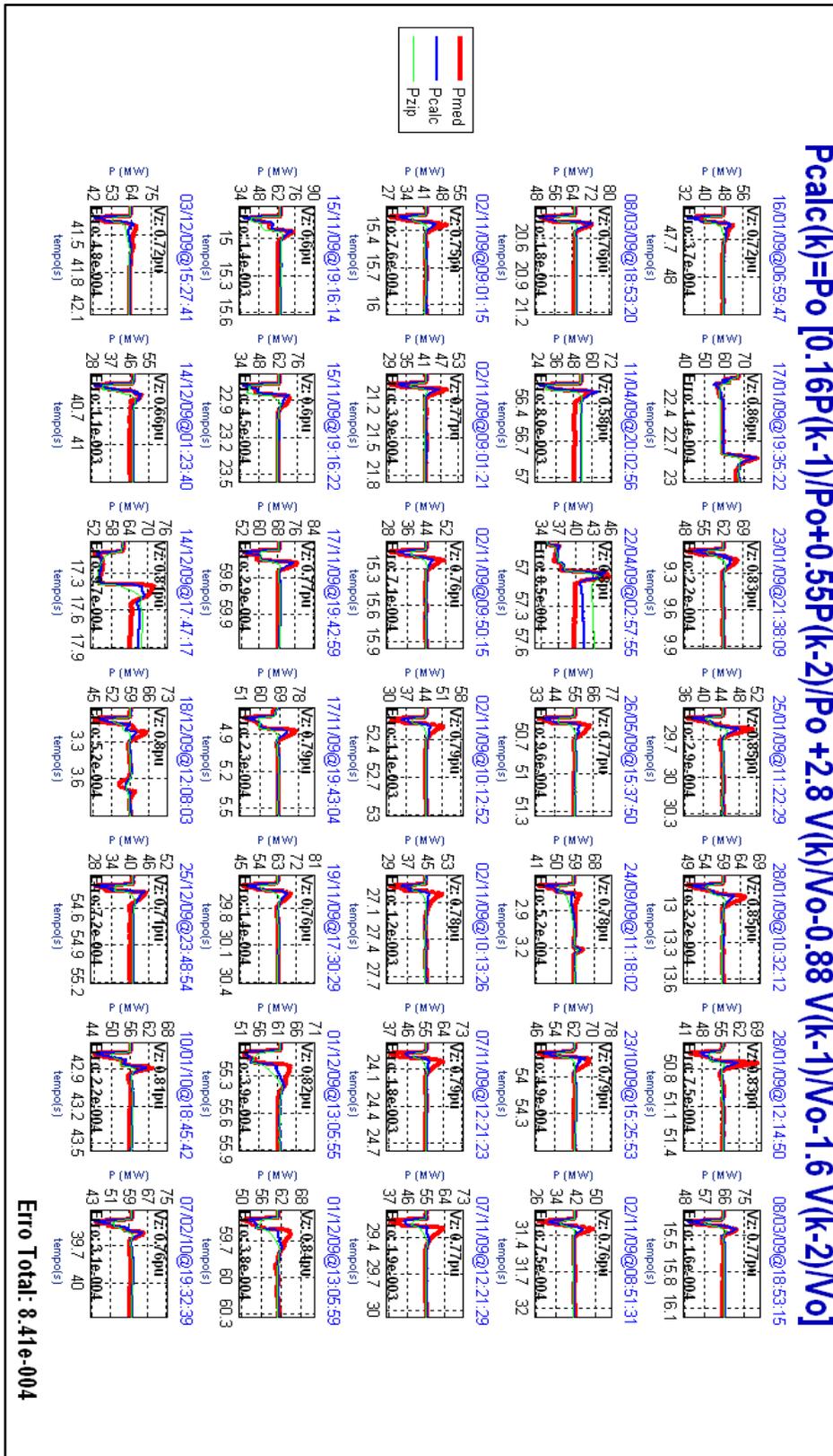


Figura 49 - Estimação de parâmetros do modelo de P(k) da SE21

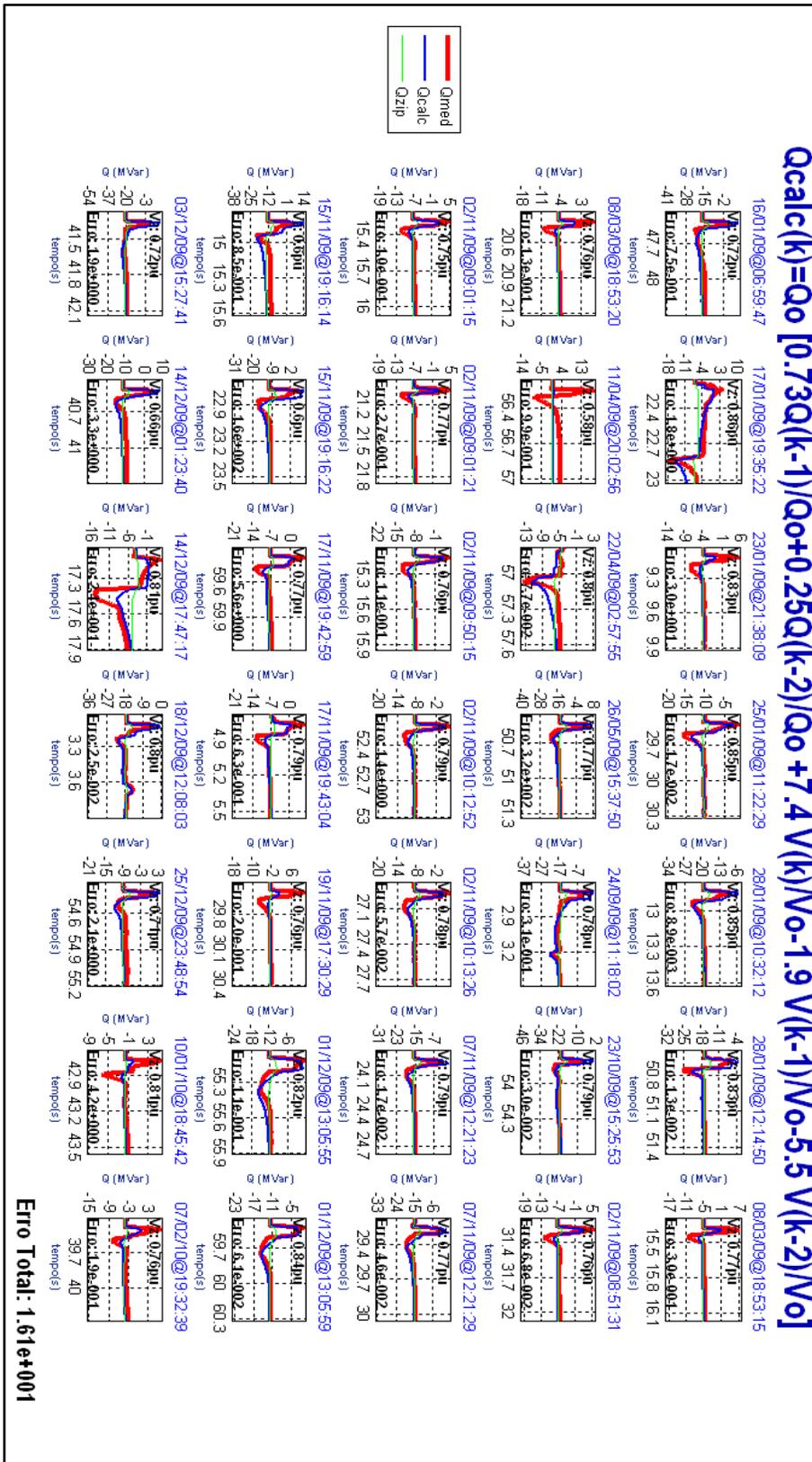


Figura 50 - Estimação de parâmetros do modelo de Q(k) da SE1

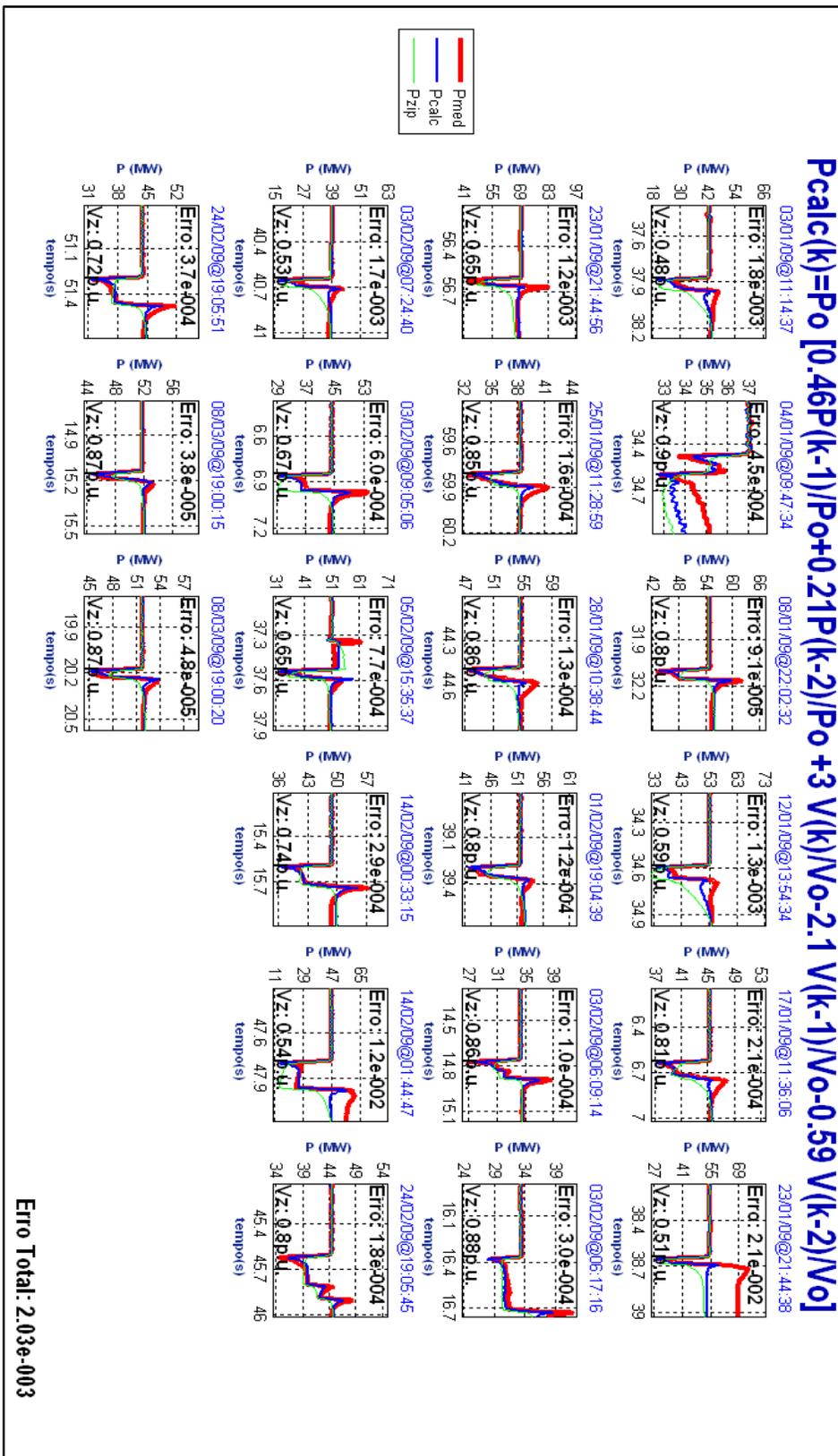


Figura 51 - Estimação de parâmetros do modelo de P(k) da SE4

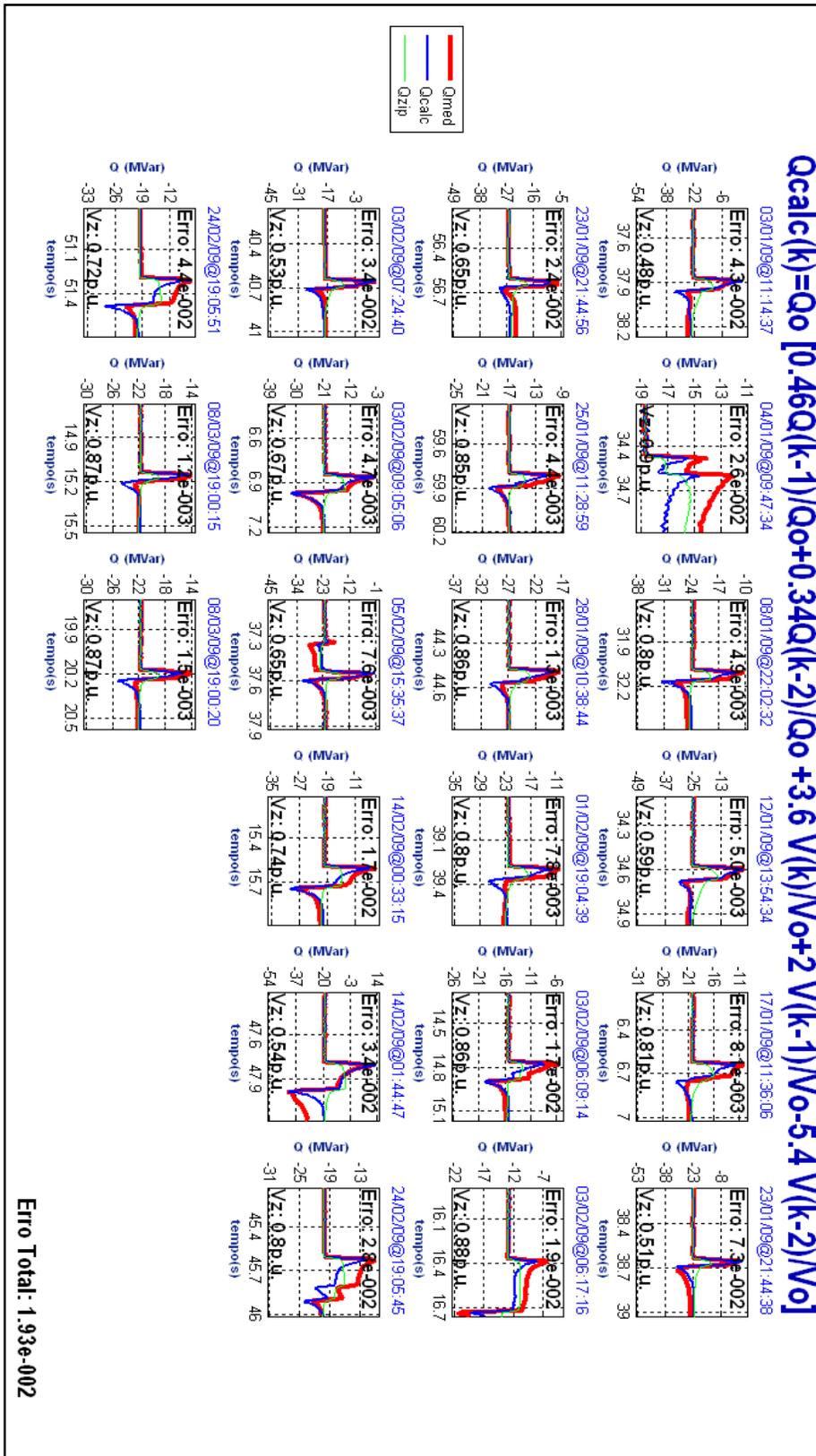


Figura 52 - Estimação de Parâmetros de Q(k) da SE4

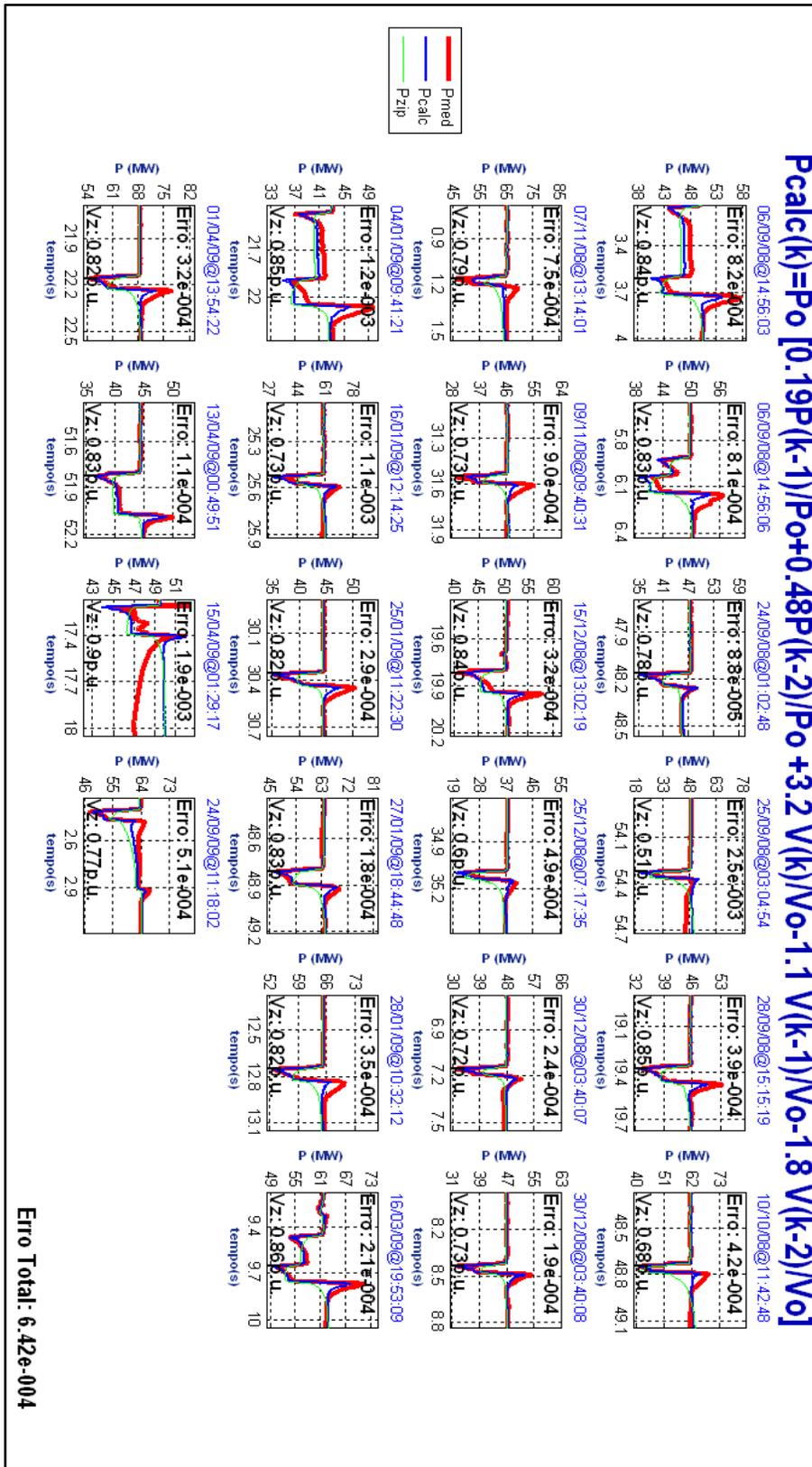


Figura 53 - Estimação de parâmetros do modelo de P(k) da SE12

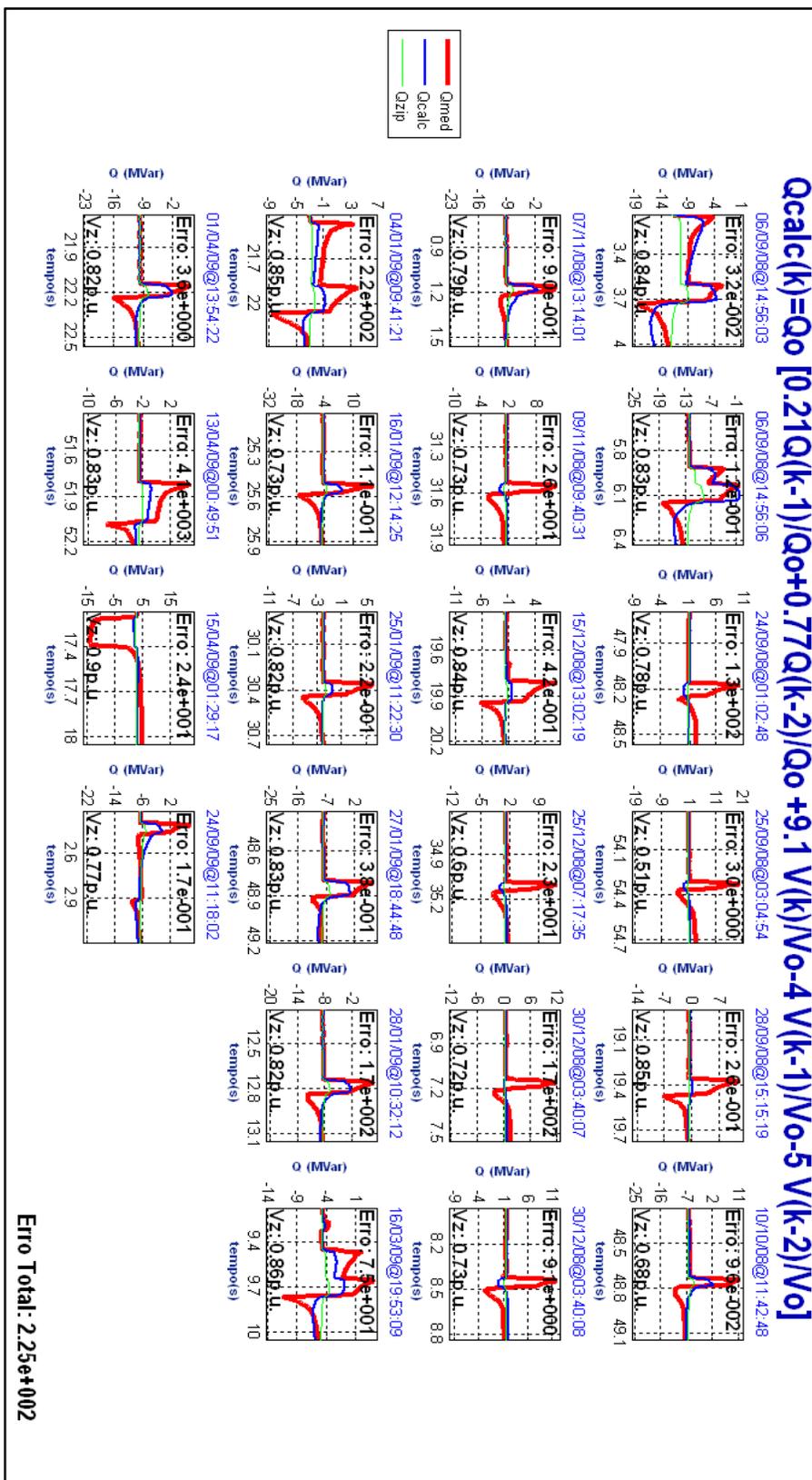


Figura 54 - Estimação de parâmetros do modelo de Q(k) da SE12

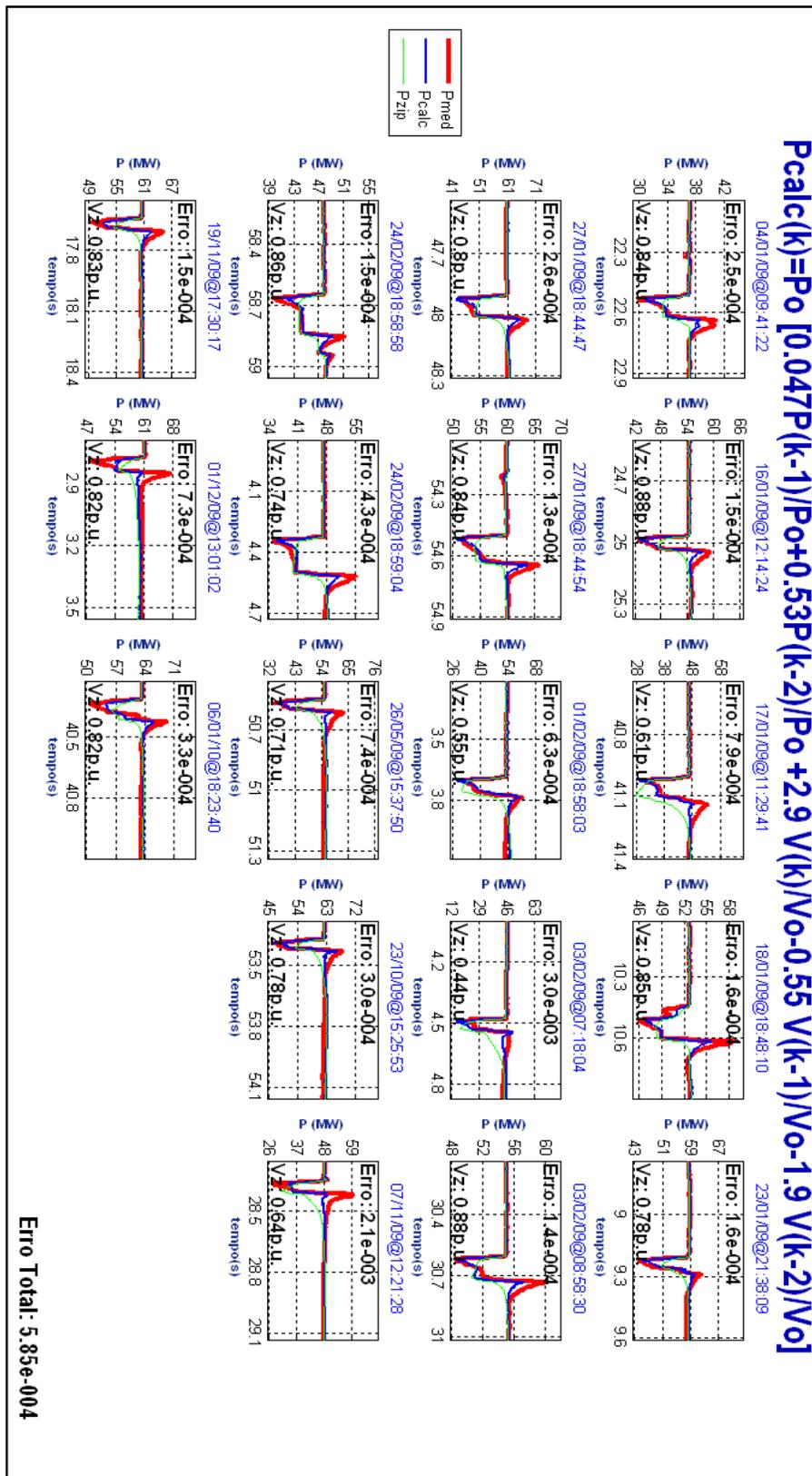


Figura 55 - Estimação de parâmetros do modelo de P(k) da SE3

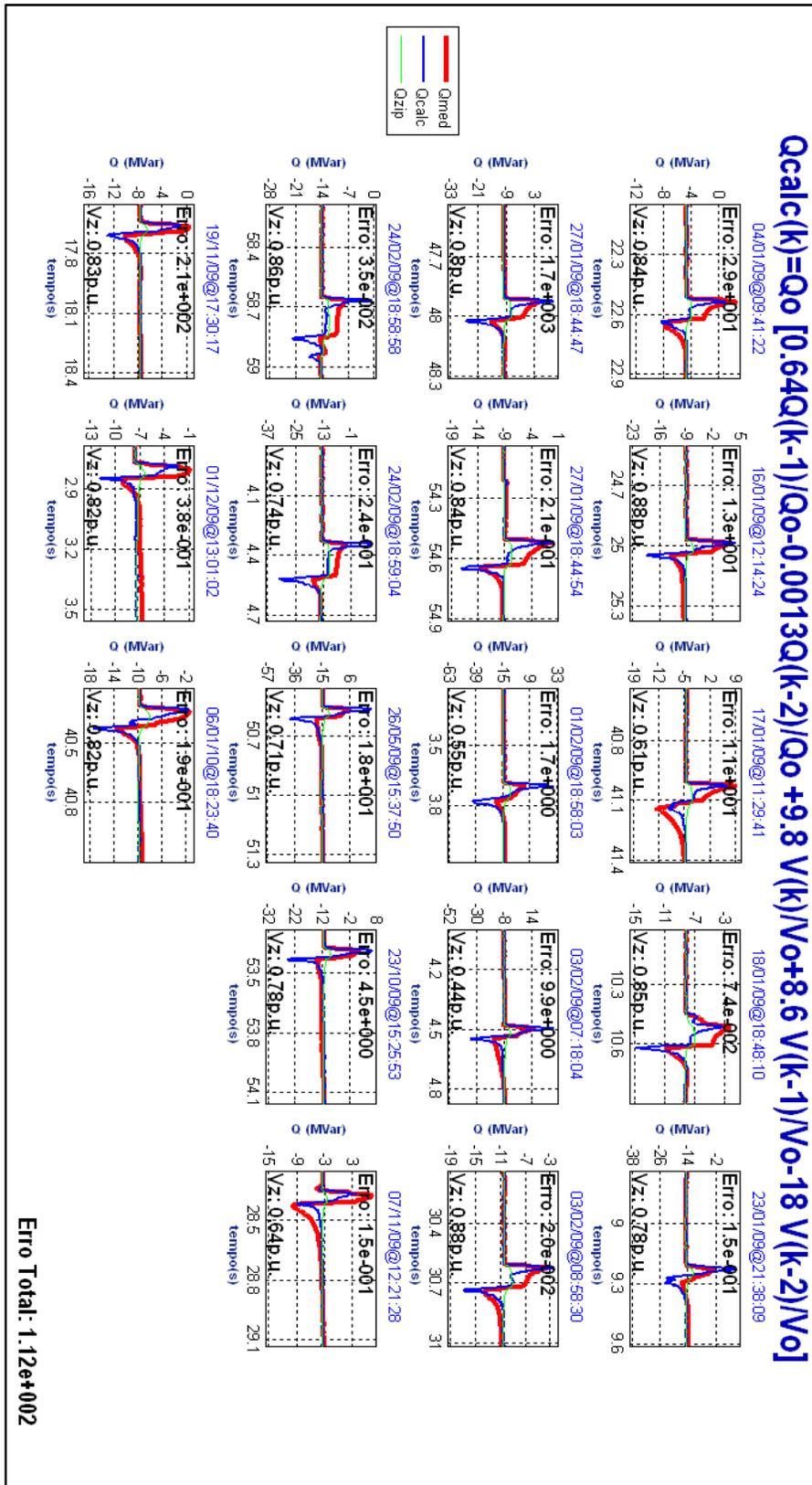


Figura 56 - Estimação de parâmetros do modelo de Q(k) da SE3

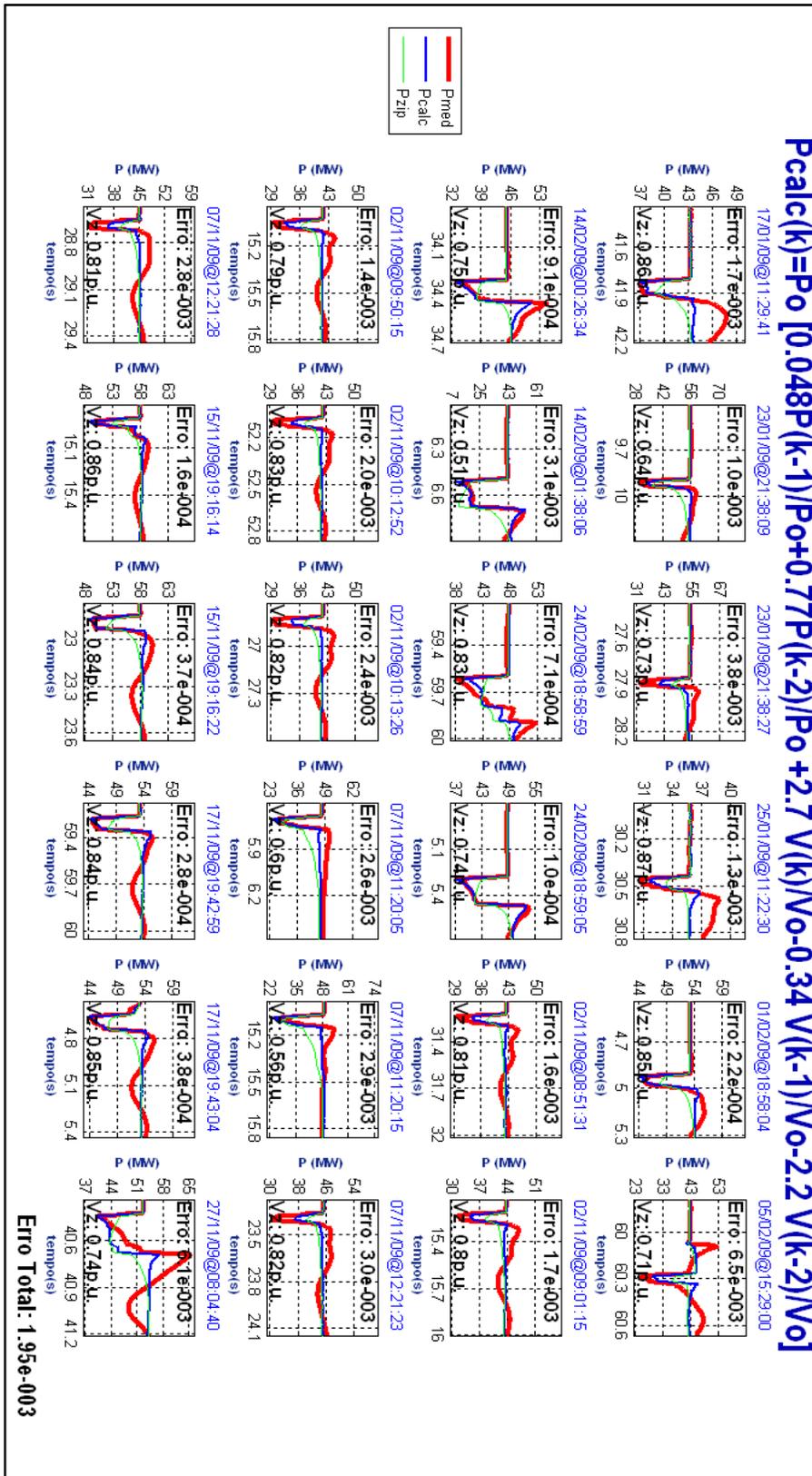


Figura 57 - Estimação de parâmetros do modelo de P(k) da SE18

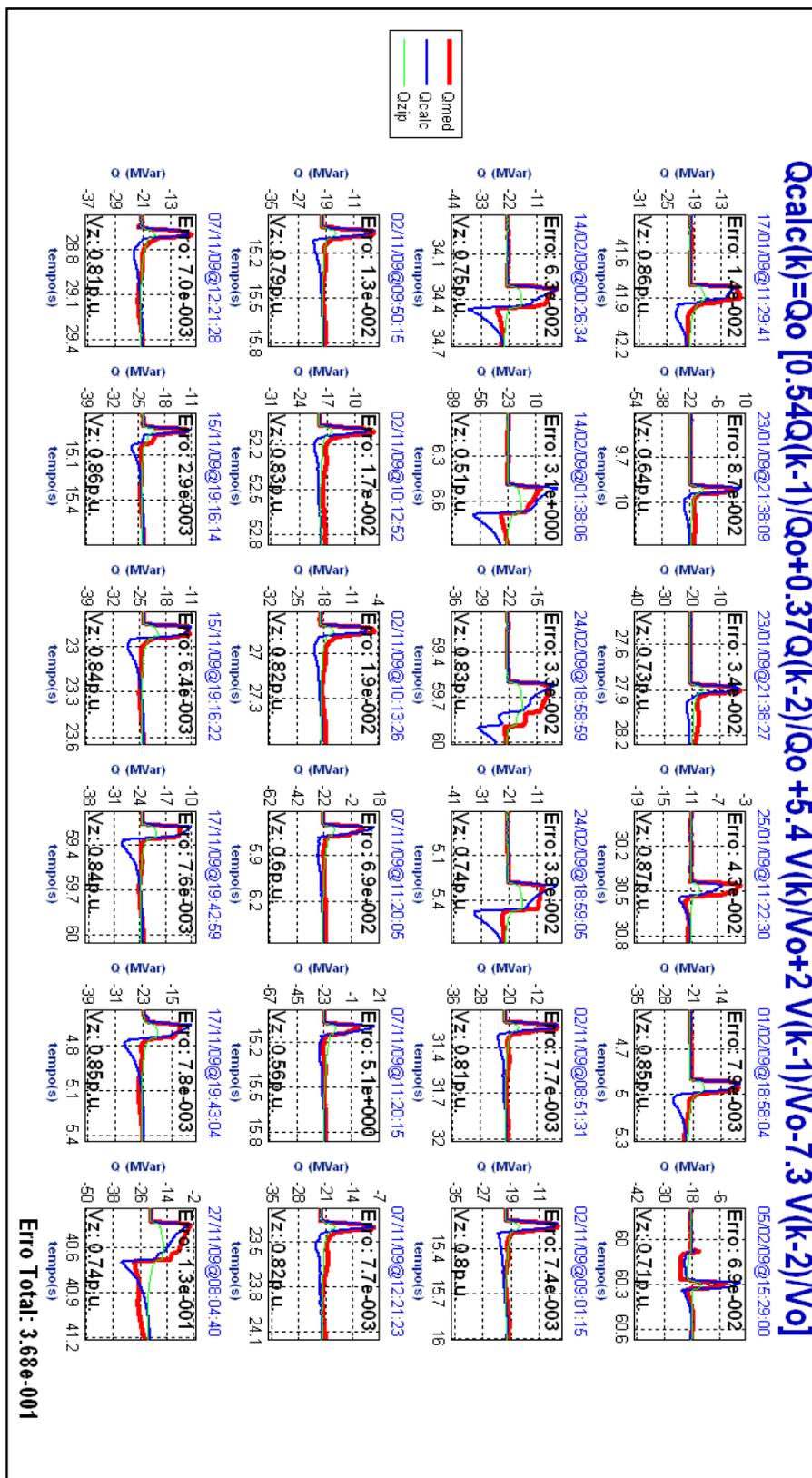


Figura 58 - Estimação de parâmetros do modelo de Q(k) da SE18

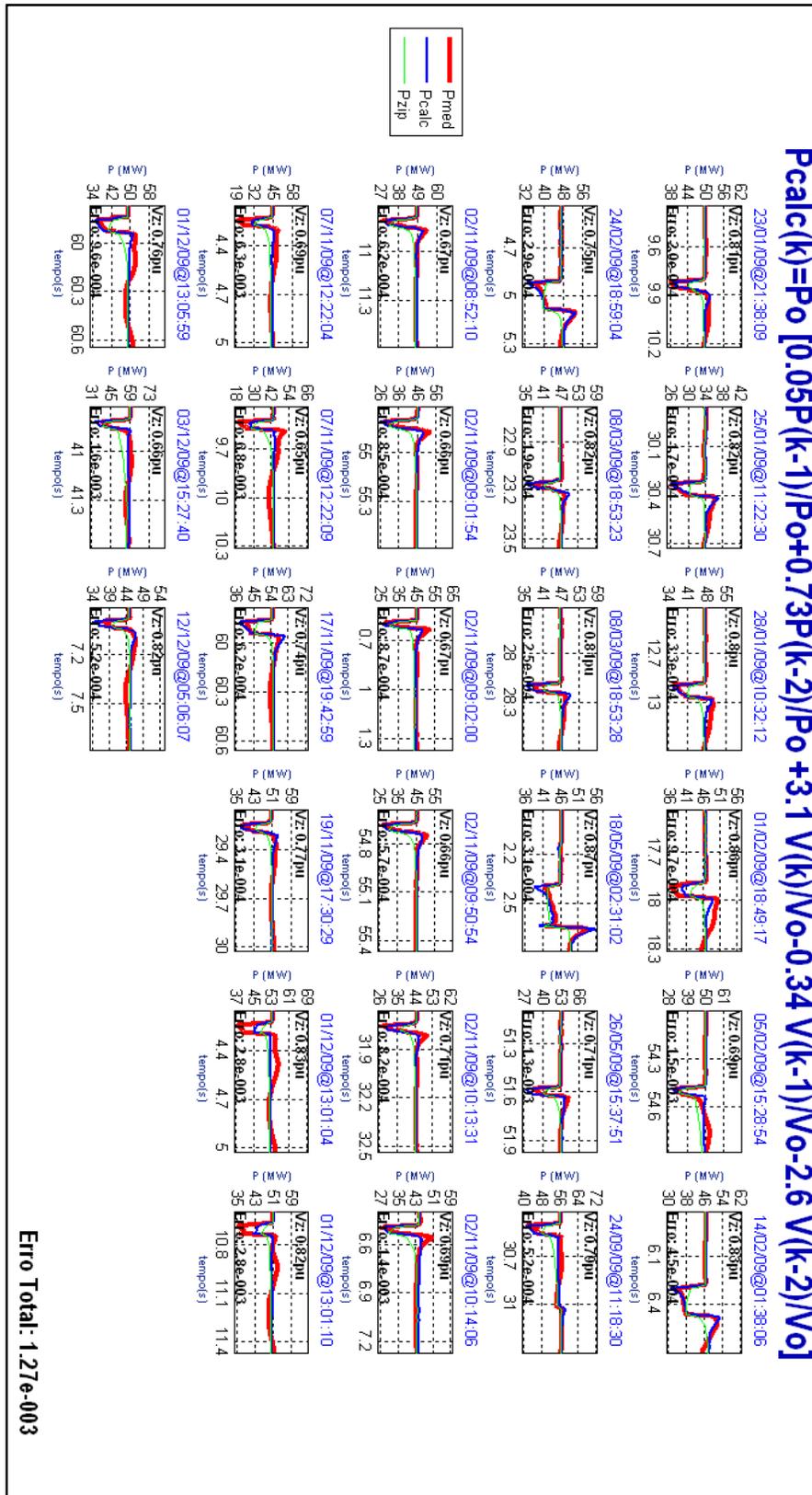


Figura 59 - Estimação de parâmetros do modelo de P(k) da SE13

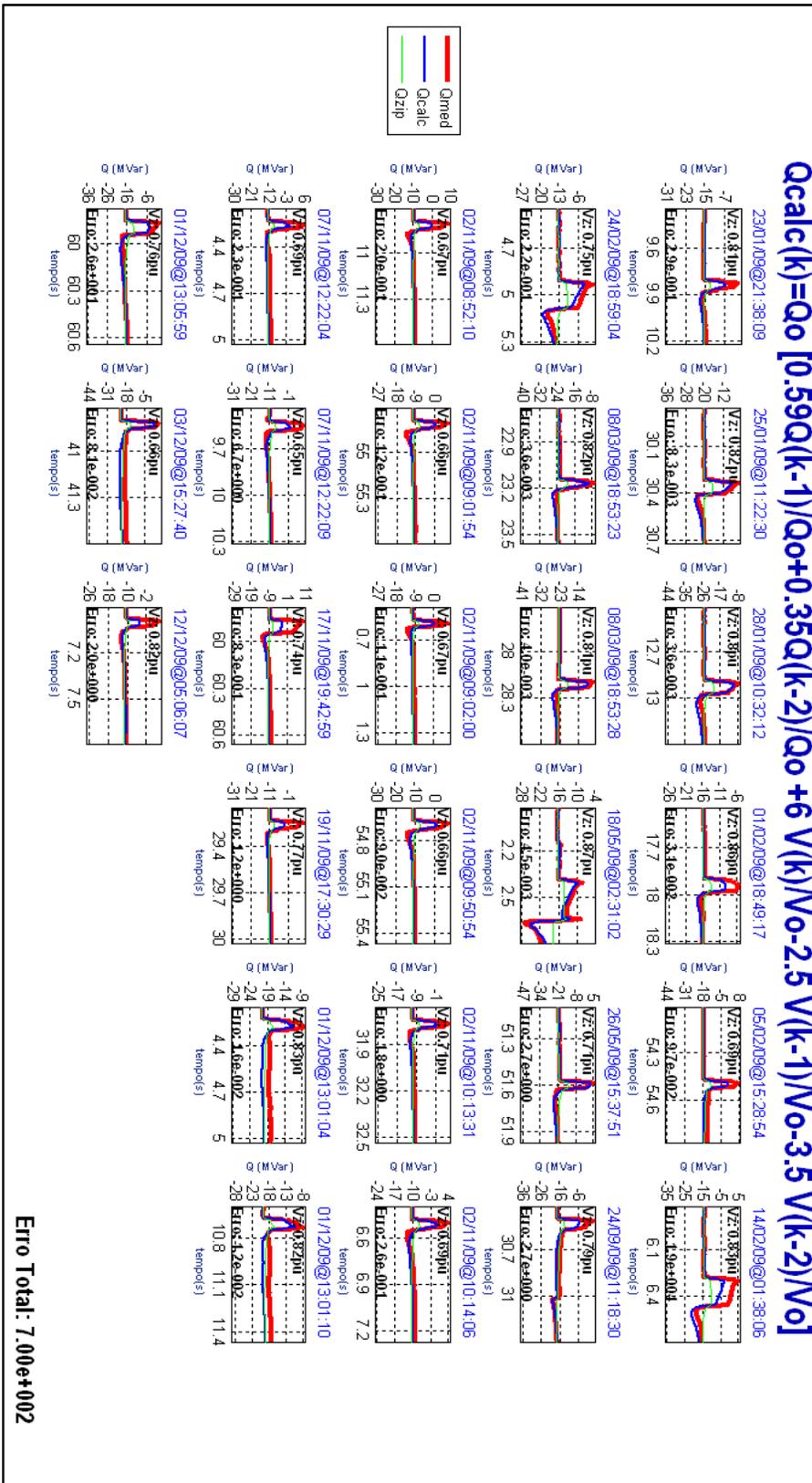


Figura 60 - Estimação de parâmetros do modelo de Q(k) da SE13

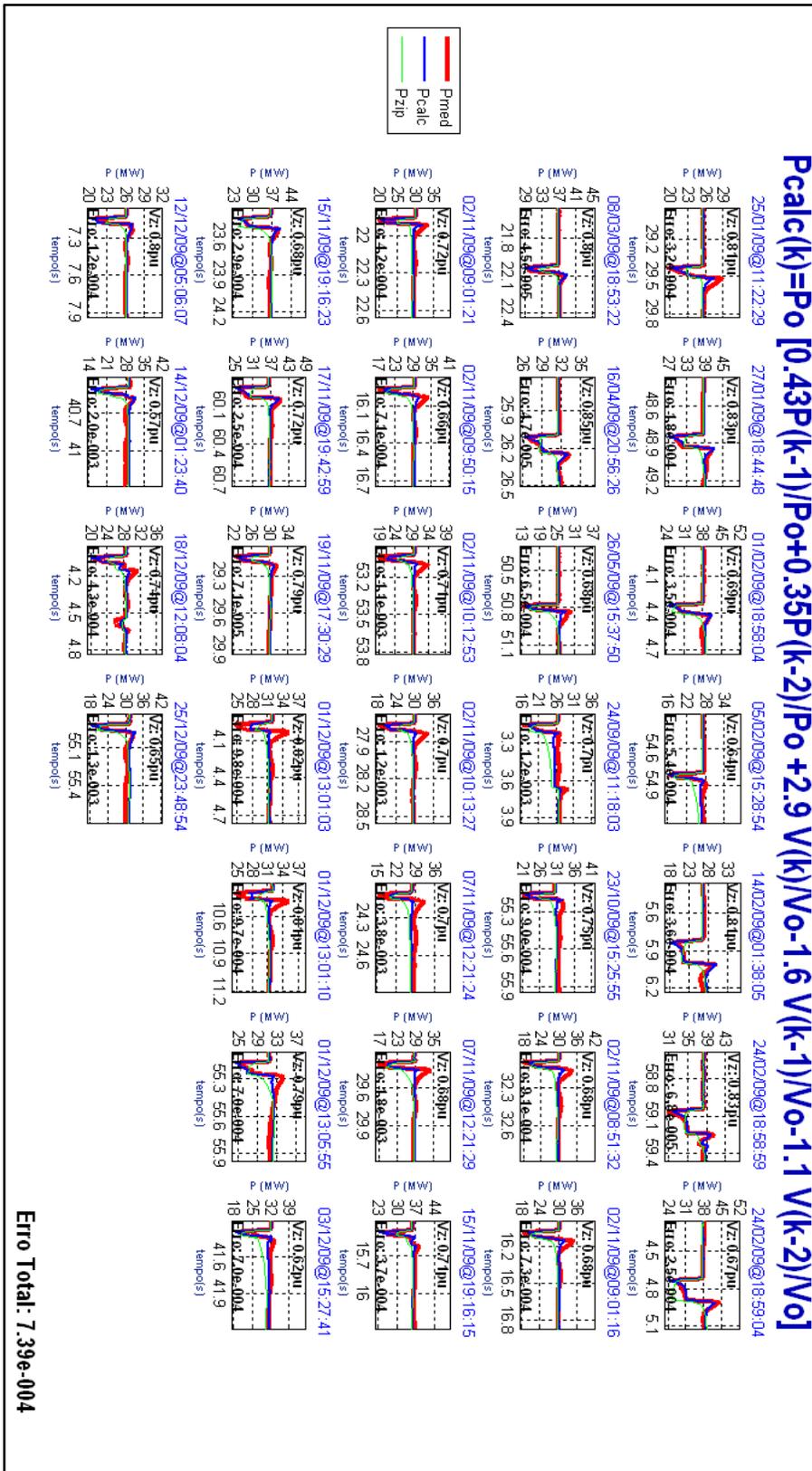


Figura 61 - Estimação de parâmetros do modelo de P(k) da SE2

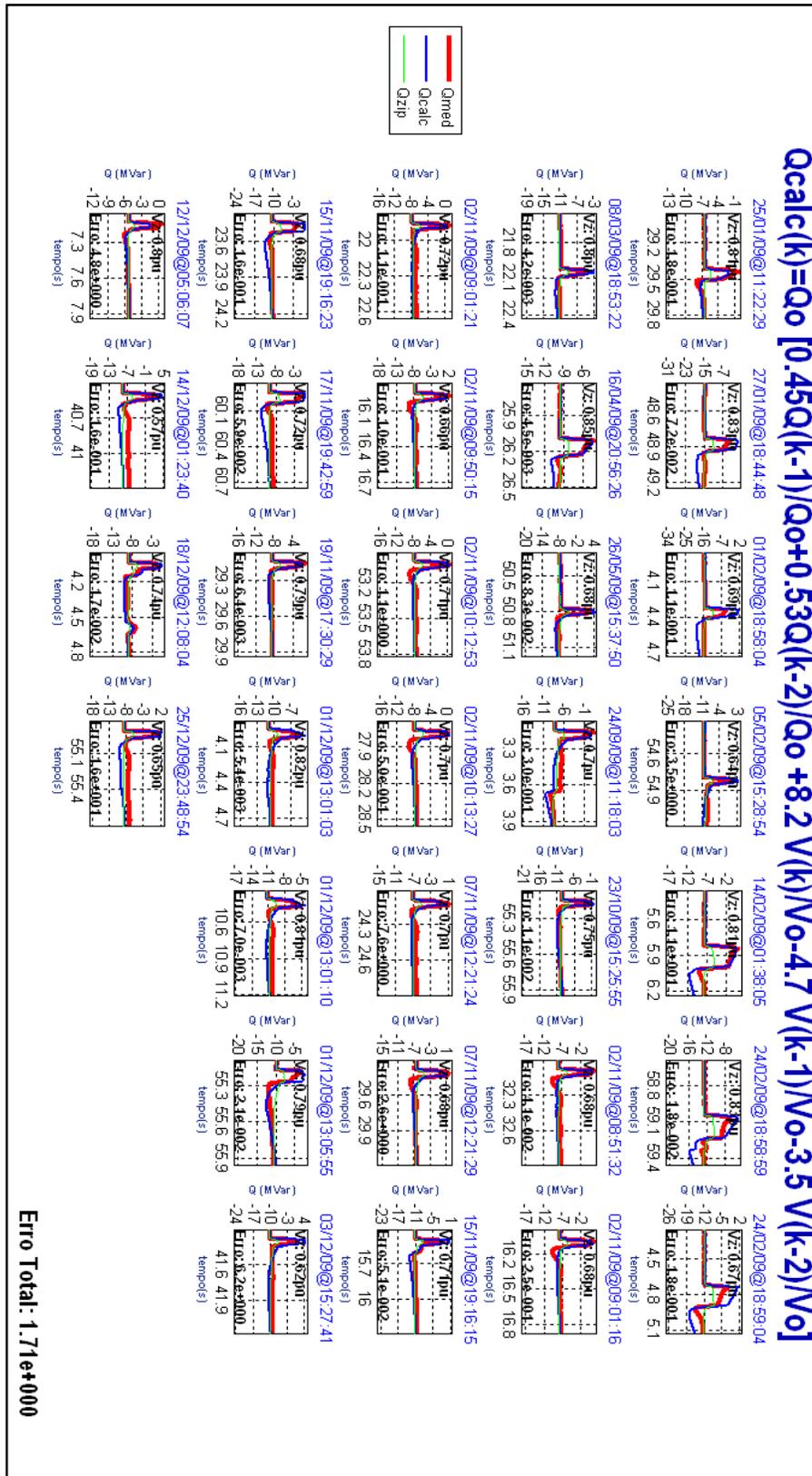


Figura 62- Estimação de parâmetros do modelo de Q(k) da SE2

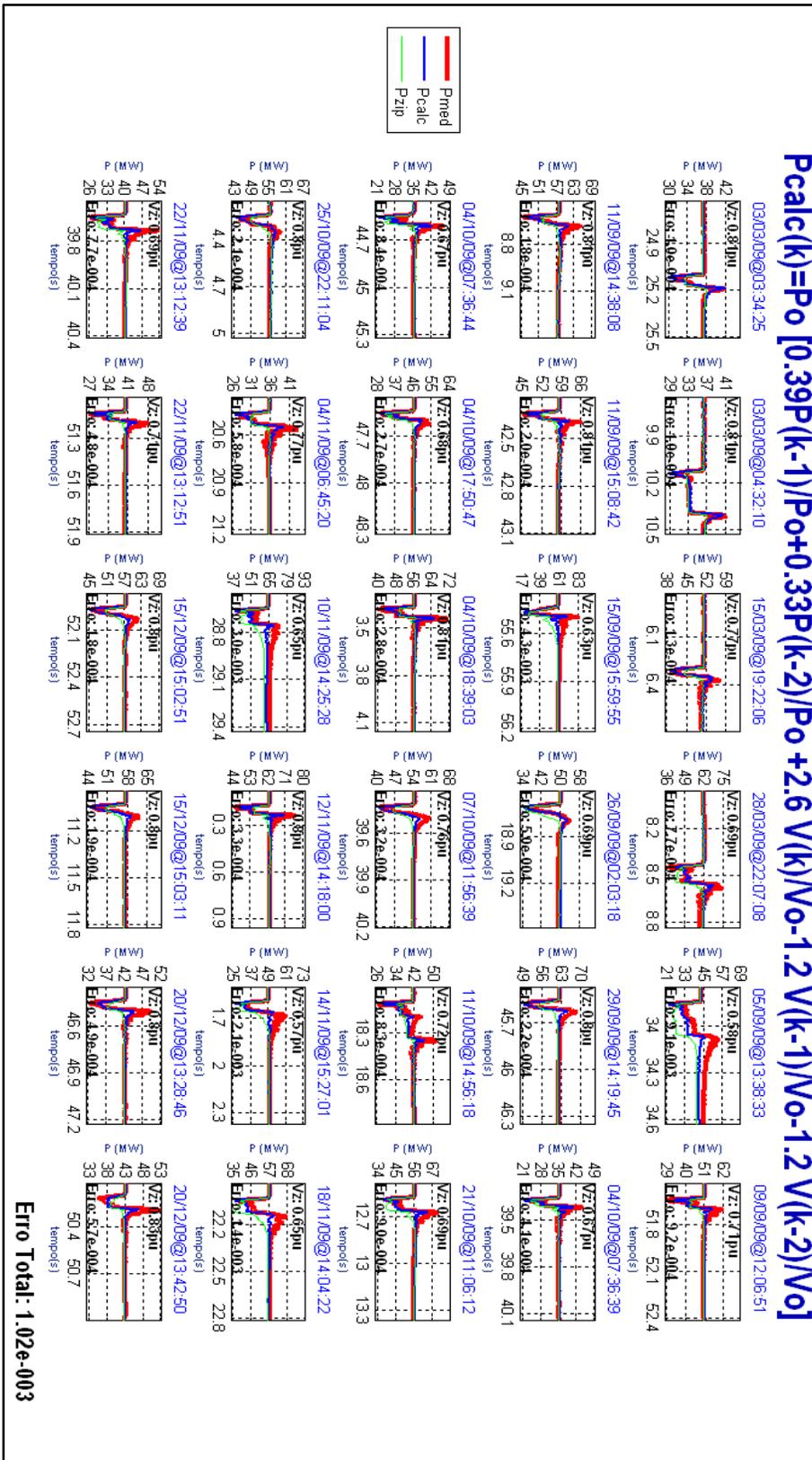


Figura 63 - Estimação de parâmetros do modelo de P(k) da SE9

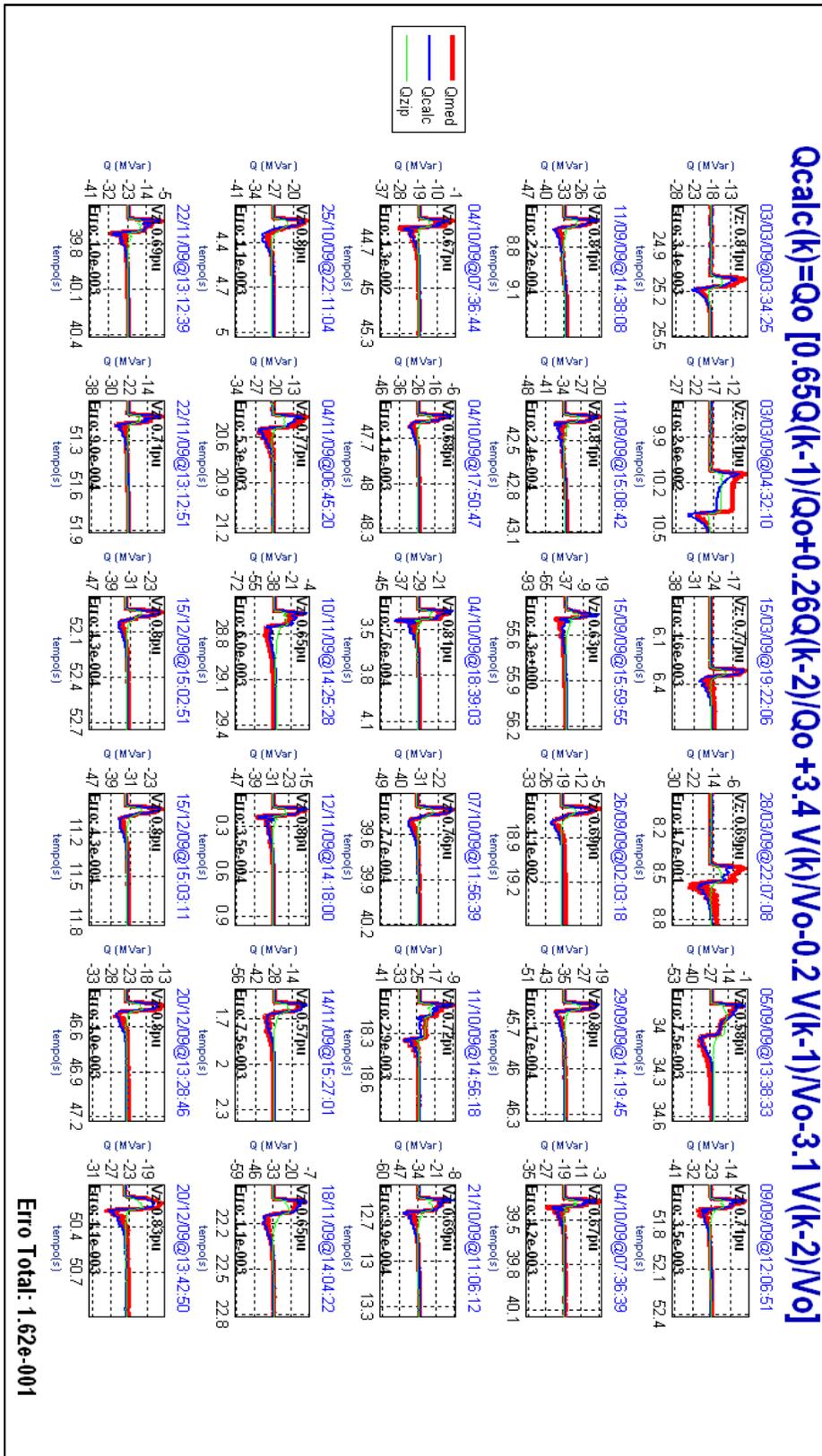


Figura 64 - Estimação de parâmetros do modelo de Q(k) da SE9