

Análisis estructural computacional de sistemas multicuerpo planos con pares inferiores y superiores

M. Saura Sánchez⁽¹⁾, A. Celdrán Cáceres⁽¹⁾, D. Dopico Dopico⁽²⁾, J. Cuadrado Aranda⁽²⁾

*(1) Dpto. de Ingeniería Mecánica. Universidad Politécnica de Cartagena
msaura.sanchez@upct.es*

(2) Laboratorio de Ingeniería Mecánica. Universidad de A Coruña

La simulación cinemática y dinámica de todo sistema multicuerpo requiere una fase inicial de modelización, en la que el analista debe identificar las coordenadas necesarias para definir el modelo y establecer el conjunto de ecuaciones de restricción que las relacionen y que permitirán determinar su comportamiento. Tanto si se utilizan formulaciones globales como topológicas se requiere, en la actualidad, un elevado nivel de formación para llevar a cabo esta etapa con éxito. Esta fase de modelización se podría resolver de forma rápida, segura y totalmente automática determinando la estructura cinemática del sistema multicuerpo, esto es, identificando de qué conjunto de cadenas cinemáticas básicas (Grupos Estructurales) está constituido. Tomando como base conocidos métodos grafo-analíticos de la teoría del análisis estructural, en este trabajo se desarrolla, implementa y evalúa un método computacional que determina la estructura cinemática de cualquier sistema multicuerpo plano dividiéndolo en un conjunto de Grupos Estructurales, simplemente a partir de la matriz de adyacencia del sistema. Cada uno de estos grupos estructurales aportaría a la modelización de todo el sistema las coordenadas necesarias para definir la posición de sus sólidos y las correspondientes ecuaciones de restricción que permitan relacionarlas. Modelizar el sistema multicuerpo a partir de su estructura cinemática permite elegir cualquier tipo de coordenadas (relativas, naturales o de punto de referencia) y emplear las formulaciones cinemáticas y dinámicas más apropiadas para las coordenadas seleccionadas y el tipo de problema a resolver. El algoritmo desarrollado se ha aplicado a un elevado número de sistemas mecánicos de diferente complejidad, ofreciendo la misma estructura cinemática que la obtenida mediante la aplicación de técnicas grafo-analíticas.

1. INTRODUCCION

La simulación de cualquier sistema multicuerpo requiere de una fase inicial de modelización, normalmente bastante compleja. En esta fase, el analista debe identificar un conjunto de variables dependientes que permitan determinar las posiciones de todos los sólidos del sistema y establecer un conjunto de ecuaciones de restricción que relacionen estas variables y que permitirán, en fases posteriores, resolver el análisis cinemático y dinámico del sistema modelizado. La formulación elegida y el tipo de coordenadas seleccionado condicionan la complejidad de esta primera etapa.

En formulaciones globales, un sencillo reconocimiento topológico permite identificar el número y tipo de pares cinemáticos que forman los sólidos del sistema y determinar los grados de libertad (GDL) que restringe cada par. Las coordenadas dependientes empleadas para definir el modelo (ej. $[x_B \ y_B \ x_C \ y_C \ \theta_1]$ en la figura 1.a) se relacionan mediante ecuaciones de restricción de sólido rígido y de par cinemático. Las formulaciones topológicas exigen, además de un sencillo reconocimiento topológico, un análisis más avanzado de la estructura del sistema que permita identificar la presencia de posibles lazos cerrados en el mecanismo. Una vez identificados, los lazos cerrados se abren dejando al mecanismo con estructura de árbol (figura 1.b). Posteriormente se establecen relaciones cinemáticas entre los sólidos de cada rama según el tipo de pares cinemáticos que forman y, junto a las ecuaciones de cierre de lazo, se relacionan las coordenadas dependientes ($\theta_2 \ \theta_3$) e independientes (θ_1) del sistema.

El proceso de reconocimiento topológico que se acaba de hacer es sencillo para el mecanismo cuadrilátero articulado analizado, pero se puede complicar enormemente en sistemas de mayor complejidad, planos y espaciales. Este proceso depende muy directamente de la habilidad del analista para elegir el número y tipo de coordenadas adecuado para describir el problema, y para identificar y formular las ecuaciones de restricción necesarias para poderlo resolver.

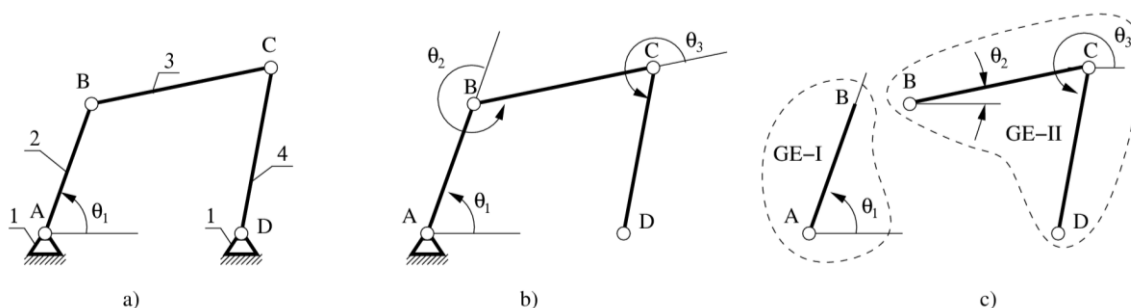


Figura 1. Mecanismo cuadrilátero articulado con movimiento de entrada θ_1 . b) Estructura tipo árbol y variables asociadas. c) División en dos Grupos Estructurales GE-I y GE-II

En este trabajo se propone modelizar los sistemas multicuerpo de forma automática, obteniendo su estructura cinemática mediante métodos computacionales. El método computacional propuesto divide un sistema multicuerpo en un conjunto de cadenas cinemáticas básicas llamadas Grupos Estructurales (GE-I y GE-II, figura 1.c). Una vez obtenida la descomposición en GE, se podrán identificar las variables que aporta cada GE y las ecuaciones de restricción necesarias para relacionarlas. En la figura 1.c, GE-I introduce $(\theta_1 \ x_B \ y_B)$. El grupo GE-II aporta seis variables. De éstas, cuatro son conocidas $(x_B \ y_B \ x_D \ y_D)$ y sólo dos son nuevas $(x_C \ y_C)$ o $(\theta_2 \ \theta_3)$. Tanto las variables como las correspondientes ecuaciones de restricción que aporta cada GE se pueden incluir en las formulaciones cinemáticas y dinámicas habituales para obtener la respuesta de todo el sistema. Esta última fase está actualmente en desarrollo.

A pesar de su utilidad, el uso de métodos basados en el análisis estructural computacional no ha sido aún explorado en profundidad. En la revisión bibliográfica que se ha llevado a cabo se han encontrado pocos trabajos con métodos del análisis estructural aplicados a problemas de síntesis estructural, muy pocos con aplicación al análisis cinemático, y ninguno al análisis dinámico de mecanismos. Además, ninguno de los métodos computacionales revisados, ni en análisis, ni en síntesis, considera la inclusión de pares cinemáticos superiores, distintos de los trenes de engranajes [1].

Para presentar el método computacional desarrollado se revisan, en la sección 2, los métodos grafo-analíticos del análisis estructural que permiten obtener la estructura cinemática de un sistema multicuerpo plano. En la sección 3 se introduce y detallan los pasos y las rutinas necesarias para implementar el método computacional propuesto. La sección 4 presenta los resultados obtenidos al aplicar el método grafo-analítico y el computacional a un mecanismo complejo. Finalmente, en la sección 5 se establecen las principales conclusiones de este estudio.

2. ANALISIS ESTRUCTURAL

El análisis estructural consiste identificar cadenas cinemáticas en un sistema mecánico atendiendo a distintos criterios topológicos. En el método que se propone, el análisis estructural permite determinar la estructura cinemática del sistema dividiéndolo en un conjunto de cadenas cinemáticas básicas llamadas Grupos Estructurales. Un Grupo Estructural (GE) es una cadena cinemática cuya movilidad L_C es igual al número de movimientos de entrada definidos sobre sus eslabones n_C ($n_C = L_C$), y que no puede dividirse en GE más reducidos. Bajo esta condición, y utilizando el criterio de Grübler para determinar la movilidad de una cadena cinemática, se obtiene la condición analítica para que una cadena cinemática sea GE (Ec. 1), conocida como ley de formación de grupos

estructurales. En la ecuación 1, S_c indica el número de GDL permitido por los P pares cinemáticos que forman sus N_m eslabones móviles.

$$S_c - n_c = 3(P - N_m) \quad (1)$$

Los métodos grafo-analíticos del análisis estructural utilizan la ecuación 1 para obtener la estructura cinemática de un mecanismo con ayuda de su grafo estructural: esquema asociado al mecanismo que utiliza los elementos de la teoría de grafos para recoger su topología. En el grafo estructural, cada círculo representa a un eslabón y se identifica con su número correspondiente. Si dos eslabones forman par cinemático, se unen con tantas líneas de trazo fino como GDL permita el par. De esas líneas de trazo fino, pasan a ser de trazo grueso tantas como movimientos de entrada independientes haya definidos entre los eslabones del par cinemático. Los movimientos independientes los puede elegir el analista para obtener diferentes transformaciones estructurales y seleccionar la que resulte más ventajosa para el análisis. Las figuras 2.a y 2.b muestran el esquema cinemático del cuadrilátero articulado y su correspondiente grafo estructural. Los eslabones 1 y 2 están unidos mediante un par inferior (una línea) y como entre ellos hay un GDL gobernado (q_1), esa línea deberá ser de trazo grueso. Entre los demás eslabones no hay GDL gobernado y todos los pares son de Grado I (el Grado del par define el número de movimientos permitidos entre sus eslabones), por lo tanto, todos están unidos con una única línea de trazo fino.

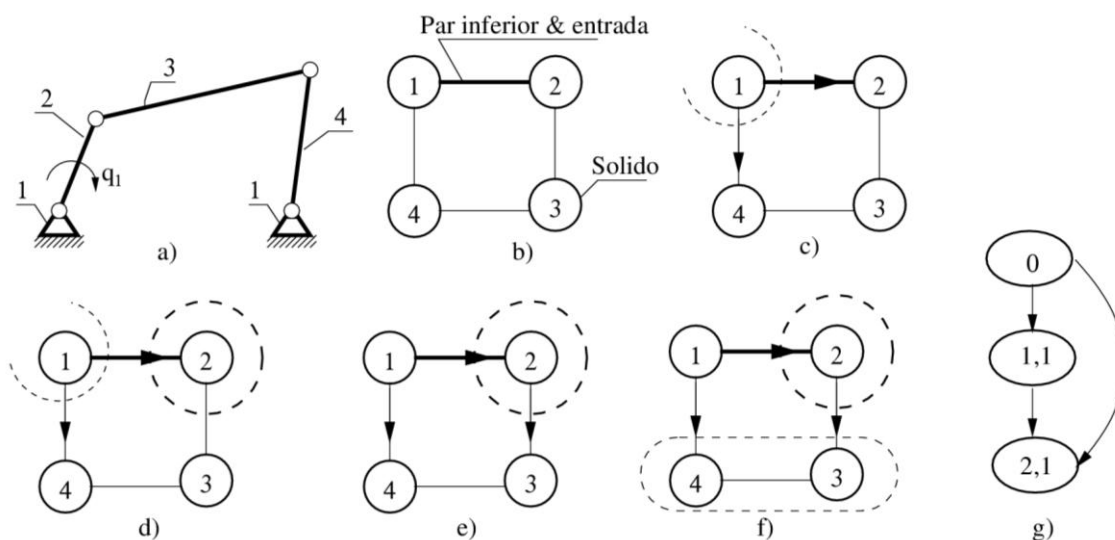


Figura 2: Análisis del cuadrilátero articulado mediante grafo estructural. a) Esquema cinemático. B) Grafo estructural. c-g) secuencia del análisis estructural.

La secuencia general del método grafo-analítico utilizado en este trabajo para determinar la estructura cinemática de un mecanismo (figuras 2.b-g) se describe aplicándolo al análisis del cuadrilátero articulado y sirve como base al método computacional propuesto.

Paso 1: Aislar el bastidor y asignar GDL (figura 2.c). Se separa el bastidor 1. El bastidor cede los GDL a los eslabones con los que forma par. Esta asignación se representa mediante una flecha. Aquí, el bastidor cede GDL a los sólidos 2 y 4. Los eslabones que reciben GDL (también llamados *enlaces*) del bastidor se convierten en candidatos a formar GE.

Paso 2: Buscar GE de menor a mayor longitud posible. Se comprueba, sistemáticamente, si cada uno de los eslabones candidatos cumple la ecuación 1. Aquí se selecciona el eslabón 2 (figura 2.d). Se contabilizan como pares P los internos entre los sólidos de la cadena cinemática y, de los externos, sólo aquellos de los que se recibe GDL. Así, para este sólido se obtienen: $P=1$ (el par externo $\{1 - 2\}$), $S_c=1$; $n_c=1$ y $N_m=1$. Sustituyendo en la ecuación 1 resulta: $1 - 1 = 3 \cdot (1 - 1)$. Como sí se cumple, el sólido 2 es GE.

Paso 3: Se vuelven a asignar GDL. Si una cadena cinemática es GE, se ceden GDL a los sólidos con los que sus eslabones forman par. Aquí, el sólido 2 es GE y cede el GDL $\{2 - 3\}$ al sólido 3, que pasa a ser candidato (figura 2.e), y ya no existen más asignaciones.

Paso 4: Se vuelve al Paso 2. Ahora se tienen como candidatos a los sólidos 3 y 4. Comenzando por el sólido 3, los parámetros de este grupo son: $S_C = 1$; $n_C = 0$; $N_m = 1$; $P = 1$. Tras sustituir en la ecuación 1 se comprueba que 3 no es GE. El sólido 4 tiene los mismos parámetros que el 3 y tampoco es GE.

Como no es posible formar GE de un sólo eslabón se analizan cadenas de mayor número de eslabones. Partiendo de un eslabón candidato, por ejemplo el 3, se amplía la cadena seleccionando otro eslabón con el que el candidato forme par. Se tiene la cadena formada por los eslabones 3 y 4, cuyos parámetros son: $S_C = 3$; $n_C = 0$; $N_m = 2$; $P = 3$. Esta cadena cinemática cumple la ecuación 1 y por tanto es GE. Para terminar se marca con trazo discontinuo el grupo obtenido (figura 2.f).

La estructura cinemática de un mecanismo se suele representar gráficamente por su diagrama estructural (figura 2.g). Está formado por tantos círculos como GE se hayan obtenido más uno, el correspondiente al bastidor, que se identifica con el número 0. En el interior de cada círculo se escriben los parámetros (N_m , L_C) del GE al que representa. Los círculos se unen mediante fechas si algunos de sus eslabones forman par cinemático. Las fechas se orientan en el sentido en el que se han asignado los GDL entre sus eslabones. Este sentido indica en qué orden se han obtenido los diferentes GE, y define la secuencia que hay que seguir para resolver, de forma recursiva, la cinemática completa del sistema.

3. ANALISIS ESTRUCTURAL COMPUTACIONAL: METODO Y ALGORITMOS

En el apartado anterior se ha empleado un método grafo-analítico para dividir un sistema mecánico en GE y determinar el orden para su análisis. En esta sección se explica el método computacional implementado para la obtención de la estructura cinemática de cualquier mecanismo plano. El funcionamiento general del programa principal se ha desglosado en los siete pasos mostrados en la figura 3. La descripción de los pasos se presenta más adelante, junto con el detalle de los algoritmos indicados en la propia figura.

Paso 1: Introducción de datos.

El usuario introduce la matriz M de adyacencia (simétrica) que recoge la topología del mecanismo con N eslabones. Esta matriz, utilizada habitualmente para reconocer diferentes lazos cerrados en los mecanismos, se modifica aquí ligeramente para poder obtener también su estructura. La tabla 1 establece los valores a introducir en $M(i, j)$ para dos eslabones i, j que forman par, y su significado. Esta numeración es fácil de modificar y ampliar para incluir nuevos tipos de pares, mecanismos espaciales o situaciones especiales que permitan expandir las posibilidades del algoritmo descrito (i.e. rodadura pura, articulaciones múltiples, etc.), y que actualmente están en desarrollo.

$M(i,j)$	Tipo Par	Nº mov. entrada	$M(i,j)$	Tipo Par	Nº mov. entrada
0	No par	0	3	Inf.	1
1	Inf.	0	4	Sup.	2
2	Sup.	1	5	Sup.	2

Tabla 1. Código para identificación topológica de los pares cinemáticos y los movimientos gobernados

Paso 2 y 3: Definición e inicialización de arrays.

Se inicializan las variables y arrays necesarios para el análisis estructural. Los vectores de dimensión N : (v_{PI} , v_{PS} , v_{LG}) indican, respectivamente, el número de pares inferiores, superiores y movimientos gobernados de los que participa cada eslabón. El vector v_{GE} indica los eslabones que forman parte de algún grupo estructural, y v_{SgCand} indica qué eslabones son candidatos a formar GE.

Los arrays de dimensión $N \times N$: (a_{PI} , a_{PS} , a_{LG}) indican si sus elementos (i, j) forman par inferior, superior o tienen movimientos de entrada. *Resultados* es la matriz de resultados. La

primera fila de esta matriz indica en qué GE participa cada eslabón. En las filas siguientes (2:N) se indican qué eslabones y por parte de quién reciben enlace cada vez que se produce una asignación.

Paso 4: Identificación de pares y movimientos gobernados.

Se recorre la diagonal superior de la matriz de adyacencia M que se está analizando. En función del valor de sus elementos, se generan los arrays: a_PI , a_PS y a_LG .

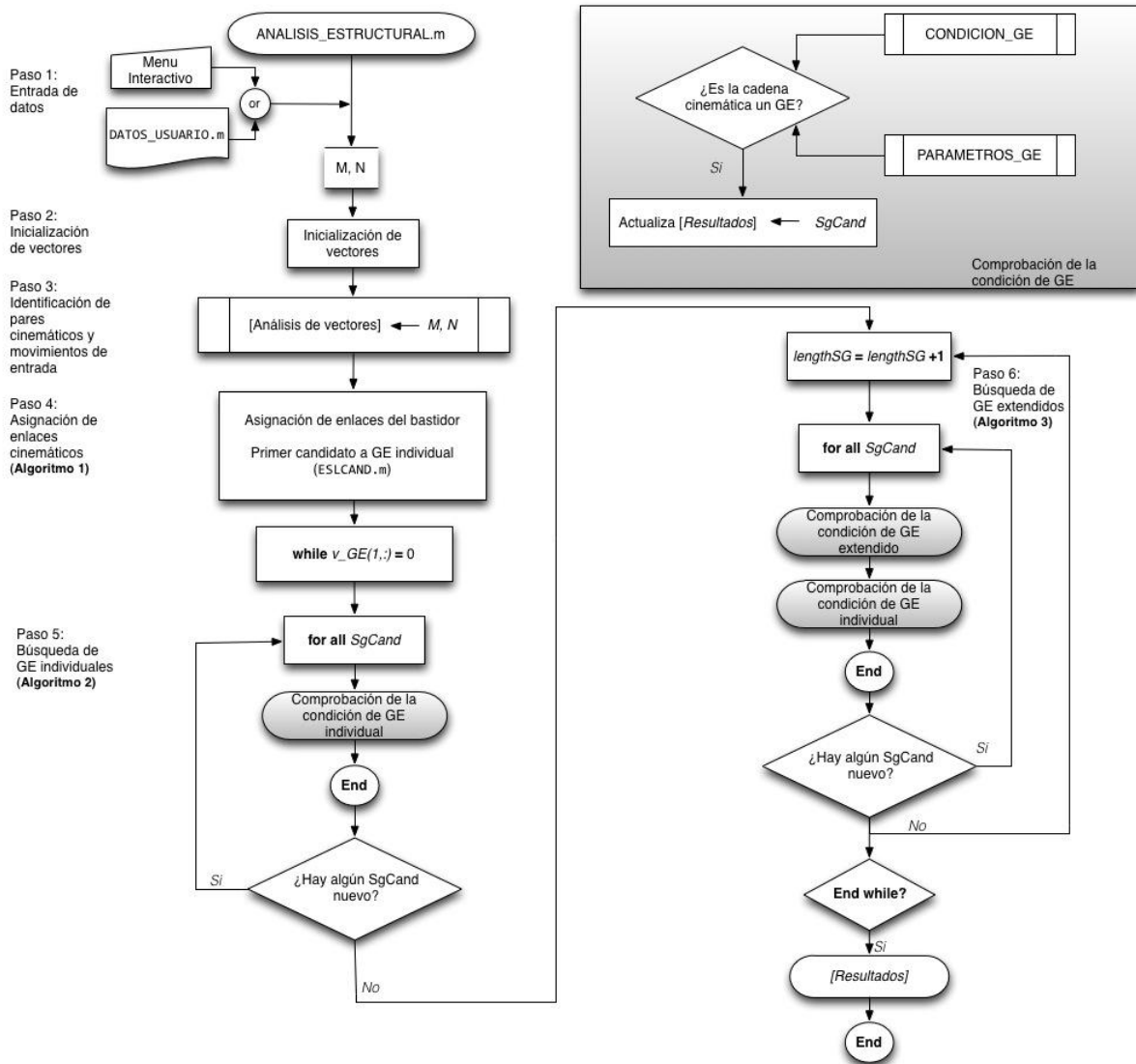


Figura 3: Diagrama de flujo del análisis estructural computacional

Paso 5: Aislar bastidor y asignar GDL a eslabones.

Esta función la realiza el script principal y su funcionamiento se recoge en el Algoritmo 1. Se recorre la primera fila de la matriz de adyacencia (pares con el bastidor). Si se encuentra algún elemento no nulo se asignan los correspondientes GDL al eslabón que corresponda (columna). A continuación, la función ESLCAND.m se encarga de encontrar los eslabones que están en situación de poder convertirse en GE, es decir, aquellos que han recibido algún enlace y no pertenecen ya a algún grupo estructural (v_GE). El resultado queda almacenado en el vector v_SgCand . Tras esta cesión de GDL desde el bastidor, el script raíz entra en un bucle while - End (figura 3) del que no saldrá hasta que todos los eslabones estén

asignados a algún GE. Durante este bucle se ejecutan los pasos 6 y 7 repetidamente para localizar los GE de distinta longitud.

Algorithm 1: Asigna GDL y busca candidatos

Result: v_{SgCand}

```

1.1: for  $c = 2 : N$  do
1.2:   | if  $M(1, c) \sim 0$  then
1.3:   |   |  $Resultados(c, 1) = 1$ ;
1.4:   |   end
1.5: end
1.6: ESLCAND.m;
```

Algoritmo 1. Asignación de GDL desde el bastidor y búsqueda de candidatos

Algorithm 2: Busca GE simples (BSGIND.m)

```

2.1: while  $\exists$  new  $SgCand$  do
2.2:   | forall the  $SgCand$  do
2.3:   |   | foreach  $j \in (Resultados(j, SgCand) \sim 0)$  do
2.4:   |   |   | /* identifica sólido  $j$  que asigna GDL to  $SgCand$  */
2.4:   |   |   |  $(N_m, S_C, P, n_c) = PARSGIND$ ; /* Calc. param. a evaluar Eq.1 */
2.5:   |   |   end
2.6:   |   |    $(Resultados, v_{SgCand}) = CONSGIND$ ; /* Eval Eq.1. Busca nuevos candidatos */
2.7:   |   end
2.8: end
```

Algoritmo 2. Búsqueda recursiva de GE de un solo eslabón

Paso 6: Búsqueda de grupos individuales.

El vector v_{SgCand} contiene los eslabones que son candidatos a formar GE individuales. En este paso se ejecuta el bucle for – end para determinar si algún candidato es GE. La evaluación se realiza llamando a la rutina BSGIND.m, cuyo detalle se muestra en el Algoritmo 2. Esta rutina llama a otros dos scripts, PARSGIND.m y CONSGIND.m. El script PARSGIND.m calcula los parámetros de la ecuación 1 a partir de los arrays a_{PI} , a_{PS} , a_{LG} . Contabiliza los pares y movimientos gobernados que existen entre el eslabón candidato i y el eslabón j que le ha cedido GDL. Con estos valores, CONSGIND.m evalúa si el eslabón candidato i es GE. En caso afirmativo, incluye el eslabón como GE en $v_{GE}(i)=1$, escribe la matriz *Resultados*, y actualiza el contador de orden de formación de GE.

En el caso de encontrar un GE, la propia rutina volverá a asignar GDL a los eslabones con los que ése sólido forme par y actualizará el vector (v_{SgCand}). Si existen nuevos candidatos se repite el proceso. Cuando ningún candidato aislado forme GE, se buscarán, en el paso siguiente, cadenas cinemáticas mayores.

Paso 7: Búsqueda de grandes grupos.

El siguiente paso del script raíz ANALISIS ESTRUCTURAL.m consiste en formar nuevos GE incrementando progresivamente la longitud de las cadenas cinemáticas. Lo realiza la rutina BSGGR.m, la cual se vale, a su vez, de otras dos funciones más, BKCH.m y PSGGR.m, con una estructura similar a las utilizadas para grupos individuales, pero considerablemente más compleja. Su funcionamiento se muestra en el Algoritmo 3.

La rutina BKCH.m busca, para cada eslabón candidato, las cadenas de eslabones que lo contienen con longitud $length_SG$ para, después, verificar si son GE llamando a PSGGR.m. Las cadenas a verificar (almacenadas en el array SG_group de dimensiones $(n \times length_SG)$, siendo n el número de cadenas válidas encontradas) serán aquellas que no contengan ningún eslabón que ya forme parte de algún GE.

La rutina PSGGR.m comprueba si alguna de las cadenas encontradas forma GE. Para ello, identifica el tipo de enlace que existe entre cada par de eslabones que componen la cadena a analizar, y calcula los parámetros del grupo de forma análoga a como se hizo para grupos individuales. A continuación, verifica si forman GE. En caso afirmativo, se modifican v_GE y *Resultados*, y se ceden los GDL que cada eslabón del GE pueda tener con otros eslabones que aún no lo son. Automáticamente el sistema analiza si los sólidos que han recibido GDL forman GE individuales. En caso de que la cadena analizada no sea GE, se borran los GDL que se habían acumulado entre los eslabones que la componían durante la identificación de pares, y se pasa a verificar una nueva cadena de SGgroup. Si ninguna cadena de SGgroup es GE, se devuelve el control a la rutina BSGGR.m para buscar GE con un eslabón más.

Algorithm 3: Búsqueda de GE extendidos (BSGGR.m)

```

3.1: lengthSG=1;
3.2: while  $\exists SgCand \notin LFGE$  do
3.3:   lengthSG = lengthSG + 1
3.4:   (SGgroup)=BKCH [M, Resultados, SgCand]
   /* Busca cadenas cinematicas con length.SG elementos. Al menos un SgCand debe no
   ser GE */
3.5:
3.6:   forall the SGgroup do
   /* identifica y cuenta el tipo de GDL entre solidos */
3.7:   (Nm, SC, P, nc)=PSGGR; /* Calc. param. y evalua Eq.1 */
3.8:
3.9:   if SGgroup  $\in$  LFGE then
3.10:  | (Resultados, vSgCand)=PSGGR; /* Busca nuevos candidatos */
3.11:  | Busca GE simples;
3.12:  else
3.13:  | Borra asignaciones entre solidos  $\in$  SGgroup;
3.14:  end
3.15: end
3.16: end
3.17: Resultados

```

Algoritmo 3: Búsqueda de GE extendidos (más de un eslabón)

4. RESULTADOS DEL ANALISIS ESTRUCTURAL

El método computacional y todas las rutinas descritas en la sección anterior se han implementado en un entorno de programación (MATLAB). En esta sección se ofrecen los resultados de su aplicación al mecanismo cuyo esquema cinemático se muestra en la figura 4.a. Los sólidos 3 y 4 están articulados al 1 mediante pares inferiores de rotación. La rueda 1 es fija y forma tren epicicloidal con la rueda 2 y el brazo 3. Este último forma par de leva-seguidor con el 4. El sólido 5 está articulado al 4. Se consideran como GDL gobernados las coordenadas $[q_1, q_2]$ que representan los giros de la rueda 2 respecto al sistema fijo y del sólido 5 respecto al 4. En la figura 4.d se observa la matriz de adyacencia M introducida por el usuario para el análisis computacional.

Con el método grafo-analítico expuesto en la sección 2 se obtienen como resultados el grafo del mecanismo (figura 4.b) y su diagrama estructural (figura 4.c). Como se puede observar, este sistema mecánico está formado por tres grupos estructurales, constituidos por los sólidos: GE-I: {2, 3}, GE-II: {4}, GE-III: {5}. Con el método computacional expuesto en la sección anterior se obtiene la misma estructura cinemática, representada en la figura 4.e.

La primera fila de la matriz *Resultados* indica el grupo al que pertenece cada eslabón (columna), en el orden en que se han obtenido. Así, el valor 1 en los elementos (1, 2) y (1, 3) indica que los eslabones 2 y 3 forman el grupo GE-I. El valor 2 en el elemento (1, 4) indica que el eslabón 4 forma el segundo grupo, y así sucesivamente.

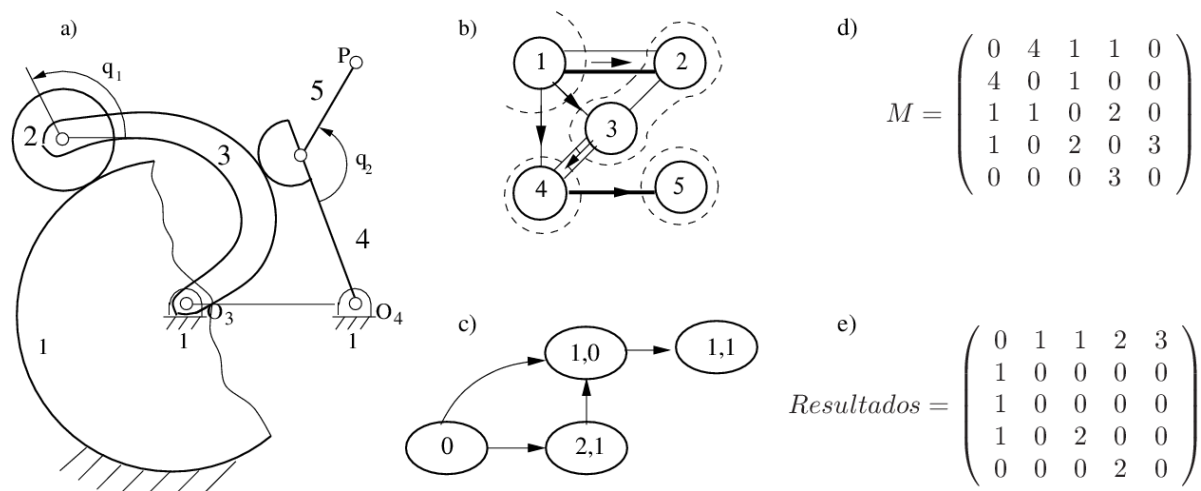


Figura 4: a) Mecanismo con tren epicicloidal, leva-seguidor y cadena abierta. b) Grafo estructural del mecanismo en el que se muestran los GE obtenidos y la asignación de los GDL entre eslabones. c) Diagrama estructural en el que se muestra la estructura cinemática del sistema. d) Matriz de adyacencia del mecanismo. e) Matriz de resultados obtenidos con el método computacional

5. CONCLUSIONES

El método computacional que se ha descrito permite obtener la estructura cinemática de sistemas multicuerpo planos con pares inferiores, superiores, cadenas cinemáticas cerradas y abiertas y con uno o varios grados de libertad. La única información que precisa introducir el usuario es la matriz de adyacencia del sistema a analizar. Esta matriz es sencilla de obtener, siendo suficiente con reconocer los tipos de pares cinemáticos y de movimientos de entrada definidos entre sus eslabones. Próximos desarrollos de este estudio tratarán de identificar las variables que aportan distintos grupos estructurales y sus correspondientes ecuaciones de restricción, de forma que pueda automatizarse completamente el análisis cinemático y dinámico de los sistemas multicuerpo a partir de su estructura cinemática. Este método de análisis, del que en este trabajo se ha presentado la primera fase de reconocimiento y análisis estructural, podría aportar las siguientes ventajas frente a otros métodos actualmente en uso:

- Resolución de los problemas de síntesis estructural y análisis cinemático y dinámico en una misma aplicación
- Automatización de la fase inicial de reconocimiento topológico y análisis estructural
- Selección automática de las ecuaciones de restricción para cada GE, limitando la posibilidad de introducir errores en su definición
- Elección del tipo de coordenadas (absolutas, relativas, naturales o mixtas) más apropiado a la definición del modelo. La aplicación utilizará las ecuaciones de restricción programadas en las librerías oportunas para cada GE acordes con el tipo de coordenadas seleccionado.

El método propuesto puede extenderse a mecanismos espaciales e incluir otros aspectos de interés, como la rodadura pura o las excepciones a las aplicaciones de los criterios de movilidad, aún poco exploradas en la teoría del análisis estructural.

6. REFERENCIAS

- [1] T. Mruthyunjaya. *Kinematic structure of mechanisms revisited*, Mechanism and Machine Theory, 38 (2003), 279-320.