

# Bewegungsoptimierung (2D) mit Hilfe Genetischer Algorithmen

*Josef Wiemeyer, Volker Friederich*

*Institut für Sportwissenschaft, TU Darmstadt*

## Kurzfassung

Genetische Algorithmen (GA) wurden eingesetzt, um eine schnelle manuelle zweidimensionale Zielbewegung in der Sagittalebene zu optimieren. Dabei wurde das Bewegungssystem durch drei Winkel definiert: Hüftwinkel, Schulterwinkel und Ellbogenwinkel.

Das Bewegungssystem hatte die Aufgabe, ausgehend von einer definierten Ausgangsstellung (Winkelvorgaben für die o.g. drei Gelenke) und einer definierten Zielposition (x- und y-Koordinaten) eine möglichst ökonomische Bewegungsausführung zu finden. Bei der Prüfung der Angemessenheit der Lösung wurden drei Kriterien eingesetzt:

1. Biologische Realisierbarkeit (Ausschlußkriterium)
2. Zielpräzision (Fitness-Funktion)
3. „jerk“, d.h. dritte Ableitung des Ortes bzw. Winkels über die Zeit (Fitness-Funktion)

Ausgangsstellung, Zielposition, Größe der Zeitintervalle, Größe der Populationen, Anzahl der Mutationen und Kreuzungen konnten frei gewählt werden.

Ziel der Simulationen war es herauszufinden, unter welchen Bedingungen der GA welche Ergebnisse liefert. Aus der Anwendung mehrerer verschiedener Optimierungsfunktionen (Kawato 1996) und empirischen Untersuchungen ist bekannt, daß eine optimierte Bewegung im Geschwindigkeits-Zeit-Verlauf eine Glockenform aufweist.

Die Simulationen erbrachten die folgenden Resultate:

- Bei Zugrundelegen der Summe der dritten Ableitung der drei Gelenkwinkel und der Zielpräzision konnte kein Glockenverlauf gefunden werden.
- Bei Zugrundelegen der Summe der dritten Ableitung der Trajektorie der Hand und der Zielpräzision konnte nur unter bestimmten Bedingungen (verschiedene Jerk-Funktionsgleichungen, verschiedene Zeitintervalle) ein Glockenverlauf gefunden werden.
- Die Anzahl der Kreuzungen und der Mutationen hat einen gravierenden Einfluß auf das Simulationsergebnis. Nach den bisherigen Simulationsergebnissen hat sich eine Kombination von 40 Individuen, 10 Zeitintervallen, 15 Kreuzungen, 80 Mutationen und 10 Kreuzungen mit Mutationen als günstig erwiesen (Zur Zeit werden weitere Möglichkeiten simuliert, z.B. Altern und verschiedene Selektionsmechanismen). Eine wichtige Voraussetzung ist die Eingrenzung des Suchraumes in Abhängigkeit von der Anzahl der Zeitintervalle und der Distanz zwischen Anfangs- und Zielpunkt.