In questo documento, come negli altri visti in precedenza, vengono analizzate 5 curve per le quali viene effettuato il fitting andando ad utilizzare una combinazione del genetico con il deterministico. Le curve sono qui riportate:

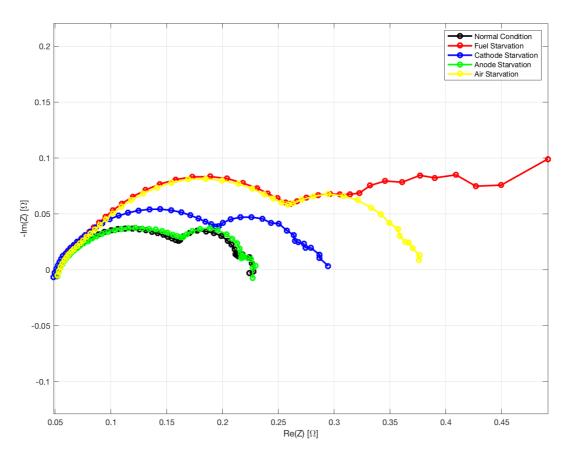


Figure 1: EIS experimental spectra in various operating conditions

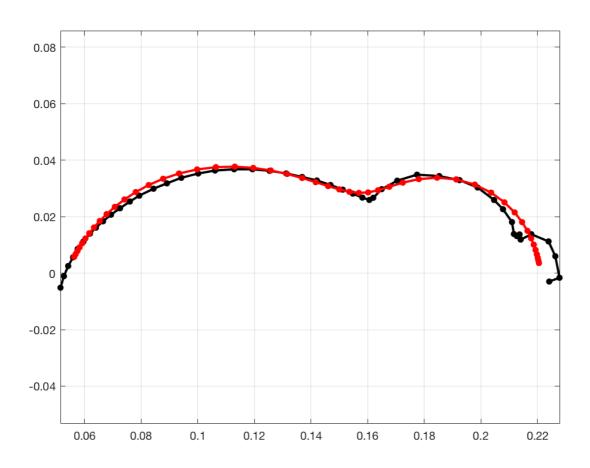
Dalle analisi mostrate in precedenza si è visto che a parità di numero di esecuzioni su una stessa curva la percentuale di esecuzioni corrette, cioè che hanno portato il genetico o il deterministico a convergere nell'intorno dell'ottimo globale, va a favore del genetico. Allo stesso tempo si è visto che il deterministico permette di avere una soluzione più raffinata.

A fronte di queste osservazioni, l'algoritmo utilizzato per il fitting è stato strutturato come segue:

- 1. Viene invocato il genetico. Quest'ultimo avrà il settaggio visto negli altri documenti con una functionToleranze di 10^-6 in quanto l'obiettivo non è avere una soluzione precisa ma soltanto trovarsi nell'intorno dell'ottimo globale.
- 2. I parametri trovati dal genetico vanno in ingresso al deterministico che li utilizzerà come condizioni iniziali. Il deterministico andrà a rifinire la soluzione.

3. Vengono analizzati gli intervalli di confidenza dei parametri trovati. Se l'intervallo supera la tolleranza viene rieseguito tutto il processo a partire dal passo 1.

NORMAL CONDITION

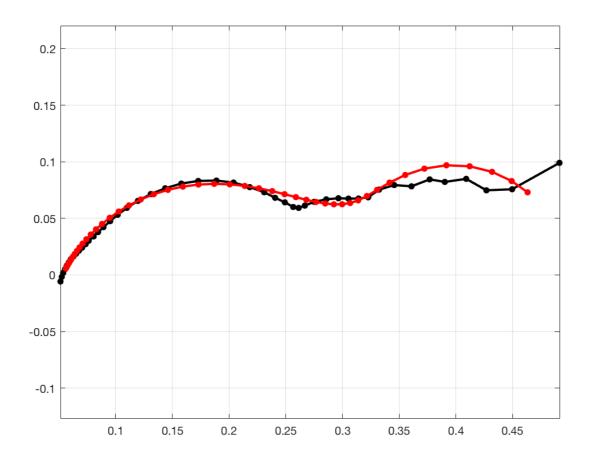


Valori trovati dal genetico:

Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
0.0458	0.1819	0.5939	0.4998	0.0001	9.9965

	Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
	0.0537	0.1036	0.1141	0.7640	0.0638	0.3511
Intervallo	0.0528	0.1011	0.1032	0.7473	0.0620	0.3382
confidenza	0.0546	0.1061	0.1249	0.7806	0.0656	0.3640

FUEL STARVATION

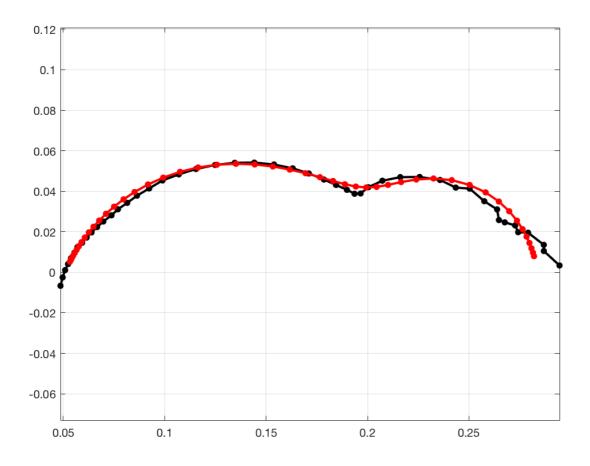


Valori trovati dal genetico:

Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
0.0545	0.2449	0.1935	0.7108	0.1810	3.0516

	Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
	0.0531	0.2417	0.1824	0.7135	0.2057	3.4834
Intervallo	0.0516	0.2374	0.1713	0.7001	0.2019	3.3617
confidenza	0.0546	0.2460	0.1934	0.7269	0.2096	3.6050

CATHODE STARVATION

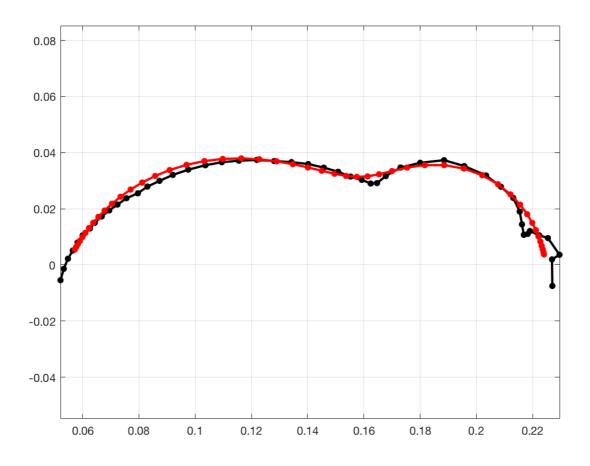


Valori trovati dal genetico:

Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
0.0553	0.1423	0.1336	0.7797	0.0818	0.5174

	Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
	0.0509	0.1520	0.1518	0.7450	0.0811	0.5736
Intervallo	0.0500	0.1490	0.1415	0.7322	0.0788	0.5537
confidenza	0.0518	0.1550	0.1621	0.7579	0.0833	0.5935

ANODE STARVATION

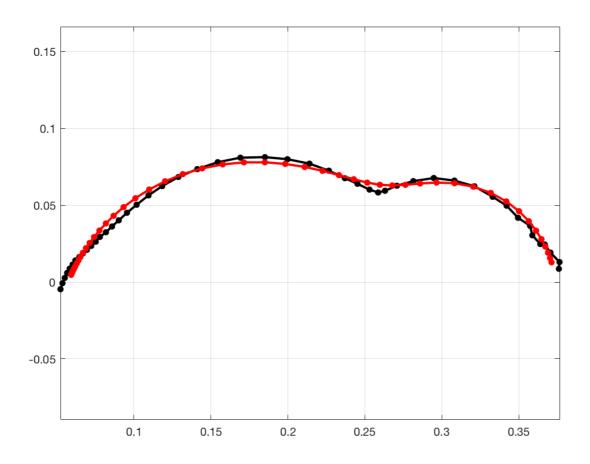


Valori trovati dal genetico:

Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
0.0550	0.1171	0.2137	0.6841	0.0534	0.3199

	Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
	0.0545	0.1069	0.1441	0.7432	0.0635	0.3173
Intervallo	0.0537	0.1041	0.1306	0.7268	0.0615	0.3057
confidenza	0.0554	0.1096	0.1575	0.7596	0.0655	0.3289

AIR STARVATION



Valori trovati dal genetico:

Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
0.0587	0.2254	0.1814	0.7329	0.0887	0.6402

	Romega	Rct	Q	Phi	Rd	Taud
	0.0572	0.2157	0.1529	0.7576	0.1016	0.6723
Intervallo	0.0565	0.2125	0.1459	0.7484	0.0990	0.6528
confidenza	0.0580	0.2190	0.1598	0.7667	0.1042	0.6917