

VILSON RODRIGO MOGNON

**ALGORITMOS GENÉTICOS APLICADOS NA
OTIMIZAÇÃO DE ANTENAS**

Proposta de dissertação apresentada como requisito parcial à obtenção do grau de Mestre, no Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica com ênfase em Telecomunicações, Setor de Tecnologia, Universidade Federal do Paraná – UFPR

Orientador: Prof. Dr. Wilson A. Artuzi Junior

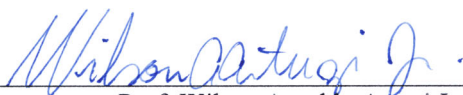
CURITIBA

2004

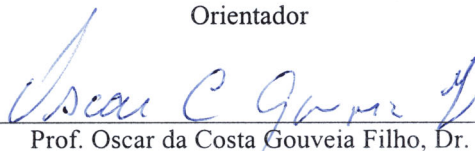
ALGORITMOS GENÉTICOS APLICADOS NA OTIMIZAÇÃO DE ANTENAS

VILSON RODRIGO MOGNON

Dissertação aprovada como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre
no Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica da Universidade
Federal do Paraná

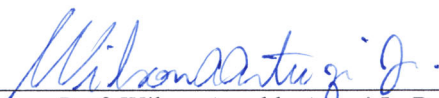


Prof. Wilson Arnaldo Artuzi Jr, Dr.
Orientador

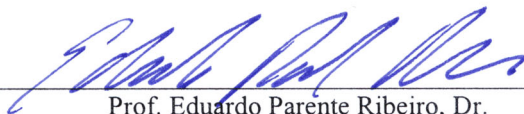


Prof. Oscar da Costa Gouveia Filho, Dr.
Coordenadora do Programa em Pós-Graduação em Engenharia Elétrica

Banca Examinadora



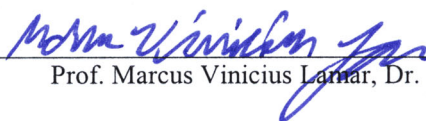
Prof. Wilson Arnaldo Artuzi Jr, Dr.
Presidente



Prof. Eduardo Parente Ribeiro, Dr.



Prof. Leandro dos Santos Coelho, Dr



Prof. Marcus Vinicius Lamar, Dr.

Curitiba, 11 de abril de 2004

*"Descobrir consiste em olhar para o que todo mundo está vendo e
pensar uma coisa diferente"*

Roger Von Oech

*"A matemática não mente.
Mente quem faz mau uso dela"*

Albert Einstein

Dedico este trabalho
aos meus pais, Vilson e Rosinha,
aos meus irmãos, Fernando e Roberto,
e a minha companheira, Jocemara.

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Wilson A. Artuzi Junior, pelo verdadeiro sentido de orientação.

Ao Prof. Dr. José Ricardo Descardecí, por idealizar esta dissertação.

A todos aqueles que me ajudaram e forneceram discussões e dicas valiosas.

Em especial, aos amigos : Michelle Foltran Miranda, Nilton Sérgio Ramos Quoirin e Juliano João Bazzo.

Aos meus pais, meu irmão e minha companheira pelo apoio e pelas palavras de incentivo.

Aos professores e funcionários do Departamento de Engenharia Elétrica da Universidade Federal do Paraná.

Ao Instituto de Tecnologia para o Desenvolvimento - LACTEC pela oportunidade oferecida.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	vii
LISTA DE TABELAS	ix
LISTA DE SIGLAS	ix
RESUMO	x
1. INTRODUÇÃO	2
2. ALGORITMOS GENÉTICOS	4
2.1. INTRODUÇÃO AOS GAs	5
2.2. CODIFICAÇÃO DAS VARIÁVEIS	9
2.2.1. Codificação Binária	9
2.2.2. Codificação Gray.....	10
2.2.3. Codificação Real	11
2.3. ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO.....	11
2.3.1. Dizimação	11
2.3.2. Seleção Proporcional	12
2.3.3. Torneio.....	14
2.4. OPERADORES GENÉTICOS	15
2.4.1. Cruzamento	15
2.4.2. Cruzamento na Codificação Real	17
2.4.3. Mutação	18
2.5. CRITÉRIOS DE CONVERGÊNCIA	19
3. ARRANJOS LINEARES	20
3.1. FORMULAÇÃO DOS ARRANJOS LINEARES	22
3.2. CODIFICAÇÃO DOS CROMOSSOMOS.....	23
3.3. FUNÇÃO DE APTIDÃO PARA ARRANJOS LINEARES.....	25
3.4. ANÁLISE DOS GAs.....	28
3.4.1. Método de Seleção	28
3.4.2. Método de Cruzamento e Mutação	31
3.4.3. Tipo de GAs	31
3.4.4. Tamanho da População	33

3.4.5.	Critério de Convergência	35
3.4.6.	Melhoria da Convergência	36
3.5.	COMPARAÇÃO COM OS ARRANJOS CLÁSSICOS	38
3.5.1.	Arranjo Uniforme	39
3.5.2.	Arranjo Binomial.....	40
3.5.3.	Arranjo com Distribuição Linear	41
3.5.4.	Arranjo Dolph-Tschebyscheff.....	42
3.5.5.	Arranjo Otimizado pelo GA	43
3.6.	RESULTADOS COM ARRANJOS REAIS.....	44
3.6.1.	Dipolo Infinitesimal.....	44
3.6.2.	Arranjo de Dipolos Otimizado com Direção $\theta_0 = 90^\circ$	46
3.6.3.	Arranjo de Dipolos Otimizado com Direção $\theta_0 = 60^\circ$	48
3.6.4.	Arranjo de Dipolos Otimizado com Direção $\theta_0 = 45^\circ$	49
3.6.5.	Arranjo de Dipolos Otimizado com Direção $\theta_0 = 30^\circ$	50
4.	ARRANJOS RETANGULARES.....	51
4.1.	FORMULAÇÃO DOS ARRANJOS RETANGULARES	52
4.2.	CODIFICAÇÃO DOS CROMOSSOMOS.....	54
4.3.	FUNÇÃO DE APTIDÃO PARA ARRANJOS RETANGULARES	54
4.4.	RESULTADOS	60
5.	ARRANJOS CIRCULARES	71
5.1.	FORMULAÇÃO DOS ARRANJOS CIRCULARES	72
5.2.	CODIFICAÇÃO DOS CROMOSSOMOS.....	77
5.3.	FUNÇÃO DE APTIDÃO PARA ARRANJOS CIRCULARES.....	77
5.4.	RESULTADOS	78
6.	CONCLUSÕES E PROPOSTAS DE CONTINUIDADE	82
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	82

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 - FLUXOGRAMA BÁSICO DE UM GA.....	8
FIGURA 2 - GRÁFICO DE PROBABILIDADE DE SELEÇÃO COM O MÉTODO DE SELEÇÃO PROPORCIONAL.....	13
FIGURA 3 - GRÁFICO DE PROBABILIDADE DE SELEÇÃO COM O MÉTODO ROLETA PONDERADA.....	14
FIGURA 4 - SELEÇÃO PELO MÉTODO DE TORNEIO	15
FIGURA 5 - CRUZAMENTO DE PONTO ÚNICO.....	16
FIGURA 6 - CRUZAMENTO DE PONTO DUPLO.....	16
FIGURA 7 - CRUZAMENTO DE PONTOS ALEATÓRIOS.....	17
FIGURA 8 - MUTAÇÃO DO CROMOSSOMO COM CODIFICAÇÃO BINÁRIA.....	18
FIGURA 9 - DISPOSIÇÃO DOS ELEMENTOS NO SISTEMA DE COORDENADAS	23
FIGURA 10 - CROMOSSOMO PARA O ARRANJO LINEAR	24
FIGURA 11 - GRÁFICO DA MÉTRICA DE DESVIO ANGULAR PARA ÂNGULO DO LÓBULO PRINCIPAL.....	26
FIGURA 12 - EXEMPLO DE DIAGRAMA DE RADIAÇÃO.....	27
FIGURA 13 - NÚMERO DE SELEÇÕES DOS INDIVÍDUOS NO MÉTODO DA ROLETA PONDERADA.....	29
FIGURA 14 - NÚMERO DE SELEÇÕES NO MÉTODO DE TORNEIO COM UM SUBCONJUNTO DE 2 INDIVÍDUOS.....	30
FIGURA 15 - NÚMERO DE SELEÇÕES NO MÉTODO DE TORNEIO COM UM SUBCONJUNTO DE 3 INDIVÍDUOS.....	30
FIGURA 16 - PROCESSO EVOLUTIVO DOS TIPOS DE GAS	32
FIGURA 17 - DESVIO PADRÃO DA EVOLUÇÃO DA APTIDÃO PARA OS DIVERSOS TIPOS DE GAS	32
FIGURA 18 - SIMULAÇÕES PARA IDENTIFICAR QUAL O TAMANHO IDEAL DA POPULAÇÃO ...	35
FIGURA 19 - COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODO PROPOSTO E O MÉTODO NORMAL COM $P_{mut} = 5\%$ E $P_{mut} = 100\%$	37
FIGURA 20 - DESVIO PADRÃO DAS SIMULAÇÕES DO MÉTODO PROPOSTO E DO MÉTODO NORMAL COM $P_{mut} = 5\%$ E $P_{mut} = 100\%$	38
FIGURA 21 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO DE FONTES ISOTRÓPICAS UNIFORMES E DIREÇÃO $\theta_0 = 90^\circ$	39
FIGURA 22 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO BINOMIAL	40
FIGURA 23 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO COM DISTRIBUIÇÃO LINEAR	41
FIGURA 24 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO DOLPH-TSCHEBYSCHIEFF	42
FIGURA 25 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO DE FONTES ISOTRÓPICAS OTIMIZADO.....	43
FIGURA 26 - DIPOLO DISPOSTO SIMETRICAMENTE NO EIXO Z.....	45
FIGURA 27 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO DE DIPOLOS OTIMIZADO	46
FIGURA 28 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO DE DIPOLOS OTIMIZADO COM BASE EM ANTENAS ISOTRÓPICAS.....	47
FIGURA 29 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO DE DIPOLOS COM DIREÇÃO $\theta_0 = 60^\circ$	48

FIGURA 30 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO DE DIPOLOS COM DIREÇÃO $\theta_0 = 45^\circ$	49
FIGURA 31 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE UM ARRANJO DE DIPOLOS COM DIREÇÃO $\theta_0 = 30^\circ$	50
FIGURA 32 - GEOMETRIA DE UM ARRANJO RETANGULAR NO PLANO XY	52
FIGURA 33 - CROMOSSOMO PARA ARRANJOS PLANARES	54
FIGURA 34 - ÂNGULOS UTILIZADOS PARA CÁLCULO DA FUNÇÃO DE APTIDÃO	55
FIGURA 35 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL DE UM ARRANJO RETANGULAR NO PLANO XY ...	57
FIGURA 36 - DIAGRAMA EM CURVAS DE NÍVEL DE UM ARRANJO RETANGULAR NO PLANO XY	58
FIGURA 37 - PROCESSO UTILIZADO PARA DEMARCAR A REGIÃO DO LÓBULO PRINCIPAL...	59
FIGURA 38 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL DO ARRANJO RETANGULAR OTIMIZADO	61
FIGURA 39 - DIAGRAMA EM CURVAS DE NÍVEL DO ARRANJO RETANGULAR OTIMIZADO	62
FIGURA 40 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL EM COORDENADAS CARTESIANAS DO ARRANJO OTIMIZADO	63
FIGURA 41 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL DO ARRANJO RETANGULAR UNIFORME	65
FIGURA 42 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL EM COORDENADAS CARTESIANAS DO ARRANJO UNIFORME PARA MAGNITUDES EM DBI	66
FIGURA 43 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL DO ARRANJO RETANGULAR OTIMIZADO	68
FIGURA 44 - DIAGRAMA EM CURVAS DE NÍVEL DO ARRANJO RETANGULAR OTIMIZADO	69
FIGURA 45 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL EM COORDENADAS CARTESIANAS DO ARRANJO OTIMIZADO PARA MAGNITUDES EM DBI	70
FIGURA 46 - GEOMETRIA DE UM ARRANJO CIRCULAR	72
FIGURA 47 - CONFIGURAÇÃO DOS ELEMENTOS NA ANTENA EM ANÁLISE	73
FIGURA 48 - HÉLICE E DIMENSÕES ASSOCIADAS	74
FIGURA 49 - RELAÇÃO ENTRE CIRCUNFERÊNCIA, ESPAÇAMENTO, COMPRIMENTO DA ESPIRA E ÂNGULO DE PASSO DE UMA HÉLICE	74
FIGURA 50 - DIAGRAMA DE RADIAÇÃO DE ANTENA HELICOIDAL COM $N = 4$ ESPIRAS, $C = \lambda$ E $\alpha = 12^\circ$	76
FIGURA 51 - CROMOSSOMO PARA ARRANJOS CIRCULARES	77
FIGURA 52 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL DO ANTENA CIRCULAR OTIMIZADA	79
FIGURA 53 - DIAGRAMA EM CURVAS DE NÍVEL DA ANTENA CIRCULAR OTIMIZADA	80
FIGURA 54 - DIAGRAMA TRIDIMENSIONAL EM COORDENADAS CARTESIANAS DA ANTENA OTIMIZADA	81

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - TERMINOLOGIA DOS GAs.....	6
TABELA 2 - RELAÇÃO ENTRE CODIFICAÇÃO BINÁRIA E CODIFICAÇÃO GRAY	10
TABELA 3 - RELAÇÃO ENTRE OS BITS E O VALOR DE AMPLITUDE DE EXCITAÇÃO	24
TABELA 4 - PARÂMETROS ESTATÍSTICOS DOS VALORES DE APTIDÃO APÓS 1500 GERAÇÕES PARA OS DIVERSOS TAMANHOS DE POPULAÇÃO	35
TABELA 5 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO UNIFORME.....	39
TABELA 6 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO BINOMIAL.....	40
TABELA 7 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO DE DISTRIBUIÇÃO LINEAR.....	41
TABELA 8 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO DOLPH-TSCHEBYSCHIEFF	42
TABELA 9 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO OTIMIZADO	43
TABELA 10 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO DE DIPOLOS OTIMIZADO .	46
TABELA 11 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO DE DIPOLOS OTIMIZADO .	48
TABELA 12 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO DE DIPOLOS OTIMIZADO .	49
TABELA 13 - DISTRIBUIÇÃO DAS AMPLITUDES PARA O ARRANJO DE DIPOLOS OTIMIZADO .	50
TABELA 14 - NÍVEIS DE AMPLITUDE A_{MN} APLICADOS AOS DIPOLOS DO ARRANJO PLANAR..	60
TABELA 15 - NÍVEIS DE AMPLITUDE A_{MN} APLICADOS AOS DIPOLOS DO ARRANJO PLANAR UNIFORME	64
TABELA 16 - NÍVEIS DE AMPLITUDE A_{MN} APLICADOS AOS DIPOLOS DO ARRANJO PLANAR..	67
TABELA 17 - DADOS CONSTRUTIVOS DA ANTENA	73
TABELA 18 - NÍVEIS DE AMPLITUDE I_M APLICADAS ÀS ANTENAS HELICOIDAIS DO ARRANJO CIRCULAR	78
TABELA 19 - FASES DE EXCITAÇÃO APLICADAS ÀS ANTENAS HELICOIDAIS DO ARRANJO CIRCULAR	78

LISTA DE SIGLAS

- GA - Genetic Algorithm (algoritmo genético)
- RGA - Replacement Genetic Algorithm (algoritmo genético substitucional)
- RSLL - Relative Side Lobe Level (nível relativo de lóbulos laterais)
- SGA - Simple Genetic Algorithm (algoritmo genético simples)
- SSGA - Steady State Genetic Algorithm (algoritmo genético de estado estacionário)

RESUMO

Os algoritmos genéticos têm sido amplamente estudados pela comunidade científica e figuram como um processo de otimização estocástico com alta aplicabilidade em diversas áreas. O eletromagnetismo é uma área promissora para emprego dessa técnica, devido à ampla coleção de complexos problemas de otimização que, muitas vezes, não apresentam soluções analíticas praticáveis. Uma breve revisão dos Algoritmos Genéticos é apresentada nesta dissertação, descrevendo os conceitos básicos e algumas comparações essenciais entre as diversas implementações. Como uma das contribuições desta dissertação, é desenvolvida uma nova metodologia através da modificação do operador genético de mutação, com o objetivo de melhorar o processo de convergência. É implementado um ambiente de simulação para otimização de arranjos de antenas, com o objetivo de reduzir o nível dos lóbulos laterais característicos destas antenas e posicionar o lóbulo principal de radiação em uma direção desejada. Os parâmetros de configuração do algoritmo são analisados para arranjos lineares. Finalmente, o algoritmo estabelecido é aplicado a dois outros tipos de arranjos, cujas análises são mais complexas: arranjo retangular e arranjo circular. Conforme demonstrado pelos resultados obtidos para os casos estudados, pode-se afirmar que os Algoritmos Genéticos compõem um método eficiente e confiável para a otimização de problemas complexos.

Palavras-chave : Otimização, Algoritmos Genéticos, Arranjo de Antenas.

ABSTRACT

Genetic algorithms have been widely studied by the scientific community and represents a stochastic process of optimization with high applicability in several areas. Electromagnetism is a promissory area to apply this technique, due the ample collection of complex optimization problems, which do not have practical analytical solution. A brief revision of genetic algorithm is presented in this dissertation, describing the basic concepts and some essential comparisons between the several implementations. A contribution of this dissertation is the development of a new methodology by changing the genetic operator of mutation in order to improve the convergence process. It was created a simulation environment to optimize array antennas. The purpose is to reduce the side lobe level of this antenna and track the main lobe to a desired direction. The configuration parameters of the algorithm are analyzed for linear arrays. Finally, the established algorithm is applied in two other arrays, whose analyses are more complex: planar array and circular array. The results achieved in all cases demonstrated that the genetic algorithms are efficient and that they are reliable methods for optimization of complex problems.

Keywords: Optimization, Genetic Algorithms, Antennas Arrays.

CAPÍTULO 1

1. INTRODUÇÃO

Os métodos de maximização e minimização ocupam uma posição importante na lista de interesse da comunidade científica. Existem diversos métodos de otimização e a escolha do método depende das características do problema a ser otimizado. Além disto, o conhecimento das ferramentas de otimização é imprescindível para a escolha correta de um método de otimização em um problema determinado.

Dentre as ferramentas de otimização, os Algoritmos Genéticos (GAs - *Genetic Algorithms*) merecem um especial destaque. Baseados nos conceitos de seleção natural e evolução, os GAs são caracterizados como métodos de busca estocásticos. Diferentemente dos métodos determinísticos, os GAs não dependem do cálculo de derivadas, o que é um atrativo para aplicações em problemas em que a função objetivo é não-diferenciável ou descontínua, como ocorre em uma grande parte dos problemas eletromagnéticos.

Os GAs têm se tornado uma importante ferramenta para solução de problemas eletromagnéticos [1]. Eles têm sido aplicados à otimização dos mais diversos tipos de dispositivos: arranjo de antenas [2][3][4][5][6], filtros óticos [7], refletores [7] e absorvedores de microondas [7].

Devido ao crescente interesse, artigos que apresentam metodologias que melhoram as características dos GAs vêm sendo publicados com freqüência. Uma das tendências das novas abordagens é a utilização de parâmetros adaptativos, ou seja, parâmetros que mudam à medida que o processo evolui [8][9][10][11]. Outra tendência é a utilização de processos híbridos [12].

Nesta dissertação, é desenvolvida uma abordagem para melhorar a capacidade de convergência dos GAs com base em uma alteração no operador genético de mutação.

Em termos de aplicação, o objetivo dessa dissertação é implementar um método de otimização de arranjos de antenas baseado em GAs em ambiente Matlab® [13]. Procura-se alcançar a melhor relação entre a intensidade de lóbulo

principal e lóbulos secundários, bem como atingir o ângulo de radiação desejado. O algoritmo deverá operar em arranjos lineares, arranjos planares e arranjos circulares.

No Capítulo 2 é mencionada uma breve introdução aos GAs, destacando os conceitos básicos e algumas características essenciais entre as diversas implementações dos operadores genéticos.

O Capítulo 3 apresenta os arranjos lineares de antena e o equacionamento pertinente. Após definir-se o problema de otimização, é apresentado um conjunto de testes de desempenho dos GAs. Finalizando o capítulo, são apresentados os resultados das diversas simulações para os arranjos lineares.

Na seqüência, o Capítulo 4 introduz os arranjos retangulares. Também é descrito o método criado para encontrar a posição dos lóbulos laterais no domínio tridimensional. Neste contexto, os resultados das simulações são também apresentados.

O Capítulo 5 apresenta os procedimentos de otimização de uma antena comercial composta por arranjos circulares de antenas helicoidais.

Por fim, estão apresentadas as conclusões e as propostas de continuidade dos estudos.

CAPÍTULO 2

2. ALGORITMOS GENÉTICOS

A teoria da evolução, formulada por Charles Darwin no final do século XIX, combina os conceitos de genética e seleção natural. A genética natural abrange a diversidade entre indivíduos em uma população de organismos que se reproduzem. Esta diversidade é produzida pela combinação e pela inserção de novo material genético na população. O princípio de seleção natural proposto por Darwin privilegia os indivíduos mais aptos com maior longevidade e, portanto, com maior probabilidade de reprodução. Os indivíduos com mais descendentes têm mais chances de perpetuarem seus códigos genéticos nas próximas gerações.

A partir da metade do século passado, estes conceitos passam a ser assimilados pela área de ciências exatas. Nos anos 60, *John H. Holland*, da Universidade de Michigan, começou a definir as bases de algoritmos de otimização de inspiração genética. Seu trabalho culminou na publicação do livro intitulado *Adaptation in Natural and Artificial Systems* [14], que introduz os GAs como uma técnica de otimização através de simulações de sistemas genéticos. Posteriormente, a metodologia foi desenvolvida com mais detalhes por *David E. Goldberg*, ex-aluno de *Holland*. Os estudos de *Goldberg* foram publicados em *Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning* [15].

Os GAs são métodos computacionais de otimização fundamentados nos princípios e conceitos da seleção natural e evolução. Os GAs são caracterizados como otimizadores estocásticos, pois utilizam operadores probabilísticos concebidos a partir de metáforas biológicas. A sistemática dos GAs consiste primeiramente na geração aleatória de uma população de possíveis soluções para o problema. Posteriormente, esta população é submetida a sucessivas evoluções através de um processo iterativo de acordo com operadores genéticos. Desta forma, há uma tendência de que, na média, os indivíduos representem soluções cada vez melhores à medida que o processo evolutivo continua, até que um determinado critério de convergência seja atingido. São particularmente efetivos quando o objetivo é obter

um máximo global aproximado para funções multimodais e que apresentam domínios multidimensionais.

Por outro lado, existem muitas críticas aos GAs. As principais delas referem-se à incerteza da convergência para a solução ótima e ao elevado número de avaliações da função objetivo que se faz necessário para obter a solução. O trabalho de Chellapilla & Hoofar [16] pode ser citado como exemplo de crítica aos GAs.

Muito se evoluiu após a publicação dos trabalhos de Holland e Goldberg, principalmente em relação à aplicação dos GAs nas mais variadas áreas do conhecimento. Além disso, também foram realizados muitos trabalhos com o objetivo de tornar o método mais eficiente [9][11][17].

Neste capítulo, pretende-se focar os conceitos fundamentais dos GAs e as ferramentas que permitem melhorar seu desempenho.

Em relação ao estudo dos GAs, a contribuição principal desta dissertação consiste em uma metodologia ligeiramente modificada dos operadores genéticos a fim de melhorar a varredura do espaço de busca, permitindo obter como resultado uma otimização mais eficaz.

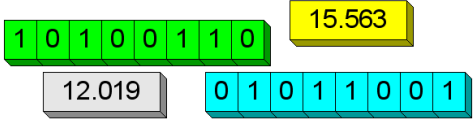
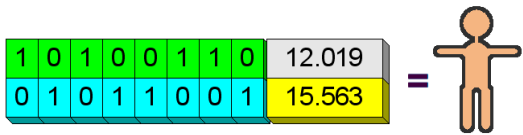
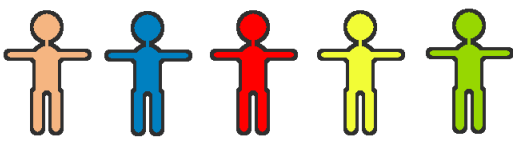
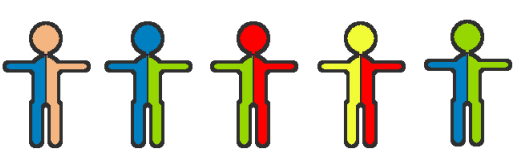

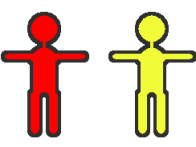
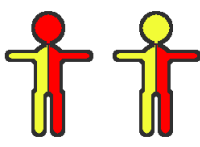
2.1. INTRODUÇÃO AOS GAs

Muitos dos conceitos e terminologias da biologia são emprestados aos GAs, apesar de nem sempre seguirem a mesma fidelidade em termos de definição. A *Tabela 1* define os termos importantes que serão freqüentemente utilizados nessa dissertação.

Como na biologia, os genes são os blocos construtores nos GAs. Os genes geralmente são uma codificação dos parâmetros de otimização. Um conjunto ordenado de genes é denominado cromossomo e representa um indivíduo. Os cromossomos podem ser codificados como uma seqüência de bits, conjunto de números inteiros, conjunto de números reais ou a combinação desses.

Denomina-se genótipo o conjunto de cromossomos, genes e respectivos valores que estes podem assumir. O genótipo define as características do indivíduo. Essas características conferidas pelo genótipo são denominadas fenótipo. Em termos de GAs, o genótipo representa as variáveis independentes da função objetivo e o fenótipo é a variável dependente ou valor dessa função.

Tabela 1 - Terminologia dos GAs

Termo e Definição	Representação Gráfica
<p>Gene: variáveis de otimização que se apresentam de forma codificada;</p>	
<p>Cromossomo: conjunto ordenado de genes que caracteriza um único indivíduo. É uma possível solução para o problema de otimização;</p>	
<p>População Inicial: conjunto de indivíduos criados aleatoriamente e que servirão de base para o processo de busca;</p>	
<p>Gerações: populações criadas sucessivamente a partir da população inicial e das gerações anteriores através dos operadores genéticos;</p>	
<p>Função de Aptidão: valor calculado a partir das informações contidas no cromossomo; é associado ao indivíduo e mede sua adequação ao problema;</p>	
<p>Pais: membros da população atual que foram selecionados para o cruzamento com probabilidades baseadas no valor de aptidão;</p>	
<p>Filhos: membros da próxima geração gerados a partir do cruzamento dos pais.</p>	

Uma população é um conjunto de possíveis soluções na forma de cromossomos, ou seja, um conjunto de indivíduos. Durante o processo de otimização, novas populações são criadas através do processo evolutivo, fazendo com que a nova população seja baseada nos dados genéticos da população anterior. Cada iteração é denominada geração.

Um esquema básico de um GA é apresentado na Figura 1. O procedimento de inicialização consiste na criação aleatória da população e no respectivo cálculo da função objetivo, também denominada de função de aptidão no paradigma dos GAs. A função objetivo é o elo entre o problema físico e o processo de otimização do GA. Através da função de aptidão, atribui-se um valor numérico para cada indivíduo na população, medindo assim a potencialidade que cada indivíduo tem para solucionar o problema.

Posteriormente inicia-se o processo iterativo, em que pares de indivíduos são selecionados da população de uma maneira probabilística com base no valor da função de aptidão e são então designados como pais. Em um esquema típico de seleção, modelado como roleta ponderada, cada indivíduo na população é atribuído a uma fatia proporcional a sua adaptabilidade. A roleta é girada toda vez que um pai é requerido. Os indivíduos com fatias maiores têm maiores chances de serem selecionados, portanto, maior probabilidade de transferirem suas características para a próxima geração.

Através dos operadores genéticos, um par de filhos é gerado a partir do par de pais selecionados. Os principais operadores são o cruzamento e a mutação. O cruzamento ocorre com alta probabilidade, com valores entre 0,7 e 1,0 e envolve a troca de material genético dos pais [7]. Os dois filhos produzidos compartilham as características dos pais.

A mutação é o mecanismo para certificar que seleções agressivas não resultem em convergência prematura para um máximo local. A mutação também serve para introduzir pontos novos e inexplorados no domínio de busca do algoritmo, através da inserção de material genético não presente na população atual. Contudo, a mutação é muito menos importante do que o cruzamento na maioria dos GAs e geralmente é executado com a baixa probabilidade de 0 a 0,1 [7].

Após a realização dos operadores genéticos, os novos indivíduos são inseridos na população inicial. Esta inserção pode ser feita também através de muitas maneiras, definindo os diferentes tipos de GAs. Selecionando e substituindo o mesmo número de indivíduos que a população inicial, tem-se o tipo SGA (*Simple Genetic Algorithm*) [15]. Com o número mínimo de indivíduos, ou seja, um par, tem-se o RGA (*Replacement Genetic Algorithm*) [18]. Qualquer percentual entre o número mínimo ou máximo de indivíduos é denominado SSGA (*Steady State*

Genetic Algorithm) [18]. Este tipo de diferenciação é importante para a determinação do número de gerações, já que o tamanho da população temporária define a quantidade de avaliações da função objetivo a cada geração. Fica evidente que, utilizando o RGA, o número de gerações deve ser muito superior ao do SGA, isto se o intuito for manter o mesmo número de avaliações. Uma vez que a população original é alterada, tem-se uma nova geração. O procedimento continua até a obtenção da convergência.

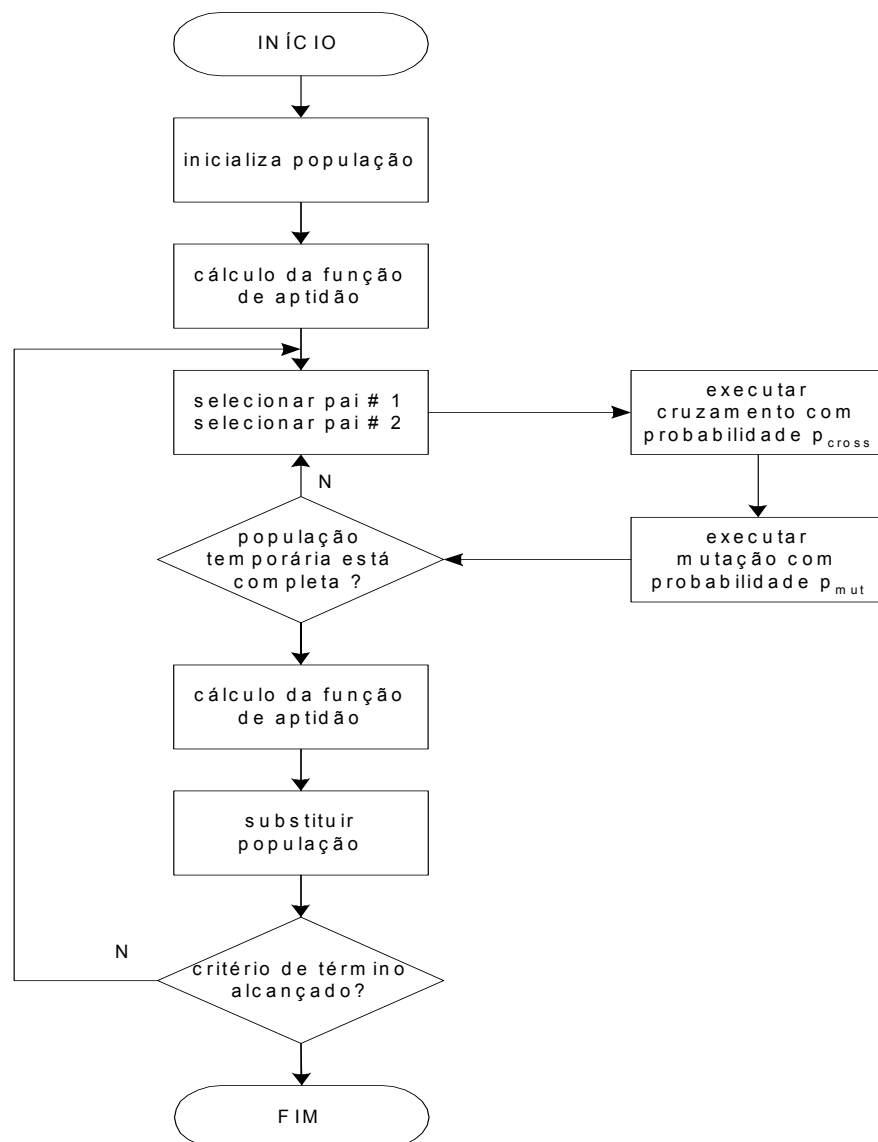


Figura 1 - Fluxograma básico de um GA

2.2. CODIFICAÇÃO DAS VARIÁVEIS

É necessário realizar a codificação dos parâmetros relativos ao problema a ser otimizado, ou seja, transformar as variáveis do problema em um cromossomo, para que o algoritmo possa manipulá-las corretamente. Existem três tipos de codificação utilizadas freqüentemente: a codificação binária, a codificação Gray e a codificação real. Vale lembrar que, para determinados problemas, um cromossomo pode conter codificações mistas.

2.2.1. Codificação Binária

Devido a sua simples estrutura e direta analogia com a genética natural, o código binário é um dos mais explorados para a codificação. Este código utiliza números binários, ou seja, apenas conjuntos de 0 e 1 para representar as variáveis. Cada parâmetro é representado por um conjunto de bits (genes). Cada variável pode ser representada por um distinto número de bits, conforme a precisão requerida. Apesar da simplicidade, existem alguns problemas em trabalhar com a codificação binária. Um dos problemas é a necessidade da representação do indivíduo por um vetor extenso quando se requer alta precisão.

Uma importante característica da codificação binária é a presença de *Hamming cliffs*, que são grandes diferenças nas cadeias de bits que codificam dois números inteiros adjacentes. Esta propriedade fica evidente quando se realiza uma perturbação nos bits mais significativos do parâmetro codificado, o que pode causar um grande deslocamento da variável no universo de busca. Isso nem sempre é desejado, mas pode ser útil para ampliar o universo da busca. A fim de se evitar este último problema, pode-se utilizar o código Gray. Na Tabela 2, são mostrados os dois tipos de codificação. A presença de *Hamming cliffs* na codificação binária é observada ao analisar-se a transição dos bits, por exemplo, do número sete para o número oito, efeito que não ocorre na codificação Gray.

Tabela 2 - Relação entre codificação binária e codificação Gray

Decimal	Binário	Gray
0	0000	0000
1	0001	0001
2	0010	0011
3	0011	0010
4	0100	0110
5	0101	0111
6	0110	0101
7	0111	0100
8	1000	1100
9	1001	1101
10	1010	1111
11	1011	1110
12	1100	1010
13	1101	1011
14	1110	1001
15	1111	1000

2.2.2. Codificação Gray

Semelhantemente à codificação binária, a codificação Gray também utiliza apenas cadeias de 0 e 1 para representar os parâmetros. A diferença é que o código Gray apresenta a propriedade de que todos os números inteiros adjacentes possuem apenas um bit de diferença. O problema é que a recíproca não é verdadeira, ou seja, duas variáveis com apenas um bit de diferença podem não ser dois inteiros adjacentes (por exemplo, os números 3 e 12). De qualquer forma, a utilização do código Gray ajuda na convergência final dos GAs, enquanto que a codificação binária pode ampliar a região de exploração. Com isso, verifica-se que o código Gray favorece a precisão da solução, mas pode levar a um ótimo local. Já o código binário é flexível para explorar novas regiões e localizar o ótimo global, mas o refinamento da solução torna-se mais difícil.

2.2.3. Codificação Real

A codificação real trabalha diretamente com números reais, o que é útil quando os parâmetros a serem otimizados são variáveis contínuas [7]. Em termos computacionais, utilizam-se números de ponto flutuante para representar o valor das variáveis e executar as operações genéticas de cruzamento e mutação. Portanto, tal codificação torna os métodos de troca de informações genéticas mais complexos, havendo a necessidade da implementação de operadores genéticos específicos.

2.3. ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO

A seleção introduz a influência da função de aptidão no procedimento de otimização do algoritmo genético. Da mesma forma que ocorre no processo de seleção natural, os indivíduos mais qualificados, de acordo com a função objetivo, têm maior probabilidade de serem escolhidos. Porém, a seleção não se deve basear unicamente na escolha do melhor indivíduo, pois há a probabilidade deste não estar perto da solução ótima global. Desta forma, deve-se manter alguma chance de que indivíduos com aptidão relativamente baixa participem do processo de reprodução.

Alguns autores consideram o processo de seleção um operador genético [11][19], entretanto esta definição não é unânime [20]. Nesta dissertação será empregada a forma adotada por Rahmat-Samii [7] e Ribeiro [21], onde a seleção é não é considerada um operador genético.

As estratégias de seleção podem ser classificadas como estocásticas ou determinísticas. Alguns destes métodos de seleção serão brevemente apresentados.

2.3.1. Dizimação

Uma estratégia determinística simples consiste em ordenar os indivíduos por ordem do valor de sua função objetivo e simplesmente remover um número fixo de indivíduos que apresentarem baixa aptidão, ou seja, criar um patamar e eliminar aqueles que estiverem abaixo desse patamar. Através de um processo aleatório, os

pais são então escolhidos dentre os quais sobreviveram ao processo de dizimação. A vantagem desta estratégia de seleção é a simplicidade de implementação, que consiste em determinar quais dos indivíduos possuem aptidão suficiente para permanecer na população e participar do processo de reprodução. A desvantagem é que características genéticas únicas podem ser perdidas uma vez que um indivíduo é removido da população. A perda da diversidade é uma consequência natural das estratégias evolucionárias, mas neste caso ela geralmente ocorre antes que os efeitos benéficos de uma característica única sejam reconhecidos pelo processo evolutivo.

2.3.2. Seleção Proporcional

Um dos mais populares métodos estocásticos de seleção é a seleção proporcional, também conhecida como roleta. Neste método, os indivíduos são selecionados com base na probabilidade de seleção que é diretamente proporcional à função objetivo. A probabilidade p_i que um indivíduo i possui de ser selecionado em função de sua função de aptidão $f(i)$ está expressa pela equação (2.1).

$$p_i = \frac{f(i)}{\sum_i f(i)} \quad (2.1)$$

O processo de seleção proporcional pode ser interpretado como uma roleta, onde cada indivíduo da população é representado em uma porção proporcional ao seu índice de aptidão. Desta forma, uma porção maior da roleta é fornecida aos indivíduos com alta aptidão, cabendo aos indivíduos menos aptos uma porção menor. A roleta é girada tantas vezes quantas forem necessárias para a obtenção do número requerido de pares de indivíduos para o cruzamento e mutação. A grande vantagem deste método é que todos os indivíduos, sem exceção, têm oportunidade de serem selecionados.

Na Figura 2 são ilustradas as probabilidades de seleção de uma população que apresenta o vetor de aptidão { 0.03, 0.05 , 0.12 , 0.15 , 1.00 }.

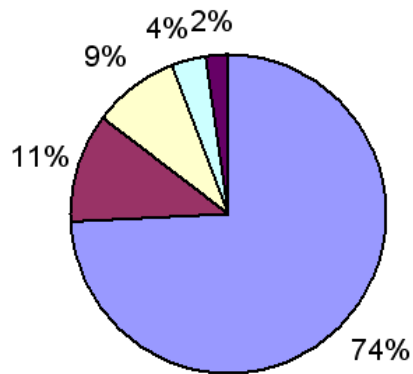


Figura 2 - Gráfico de probabilidade de seleção com o método de seleção proporcional

Este método tende a sofrer o efeito de dominância se houver algum indivíduo com alta aptidão em relação à média e possivelmente levar o processo de otimização à estagnação, pois a pressão seletiva está implicitamente relacionada com a diversidade da população. Uma alta pressão seletiva tende a diminuir a diversidade rapidamente, levando a população a convergir em poucas gerações, o que pode resultar em convergência prematura do GA. Para solucionar este problema, pode-se empregar a roleta ponderada, onde a distância entre os indivíduos é diminuída e, portanto, a pressão seletiva é atenuada. Neste método, a população é ordenada em função crescente do valor da aptidão. O primeiro, ou seja, o de menor aptidão, recebe a nota 1, o segundo a nota 2 e assim por diante. A roleta proporcional é então montada a partir destas notas e não mais em função da aptidão. Na Figura 3, são ilustradas as probabilidades de seleção para o mesmo caso anterior, porém empregando a roleta ponderada, onde o vetor de notas é $\{ 1, 2, 3, 4, 5 \}$.

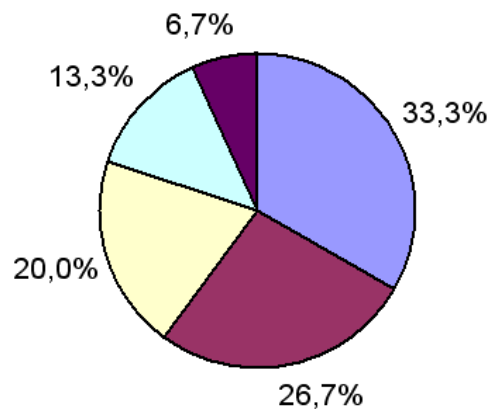


Figura 3 - Gráfico de probabilidade de seleção com o método roleta ponderada

A dificuldade se encontra na implementação desta estratégia de seleção, que consiste em três etapas. A primeira etapa é escolher um número entre 0 e 1. A segunda etapa é utilizar a somatória dos valores das funções objetivos de toda a população para normalizar a função objetivo de cada indivíduo, obtendo assim a probabilidade de seleção. Finalmente implementar um laço que some estas probabilidades até que a soma parcial atinja o valor numérico escolhido na primeira etapa. O contador do laço indicará o indivíduo selecionado.

2.3.3. Torneio

Neste processo, um subconjunto de N indivíduos é escolhido aleatoriamente na população. Os indivíduos desta subpopulação competem entre si com base no valor da função objetivo, sendo o vencedor aquele que tiver o maior valor. Todos os membros do subconjunto são recolocados na população e o processo se repete (Figura 4). A implementação deste esquema é relativamente simples e requer baixo custo computacional, sendo um dos motivos de sua popularidade. Alternativamente, pode-se utilizar o método da roleta durante o processo de seleção do subconjunto que participará do torneio.

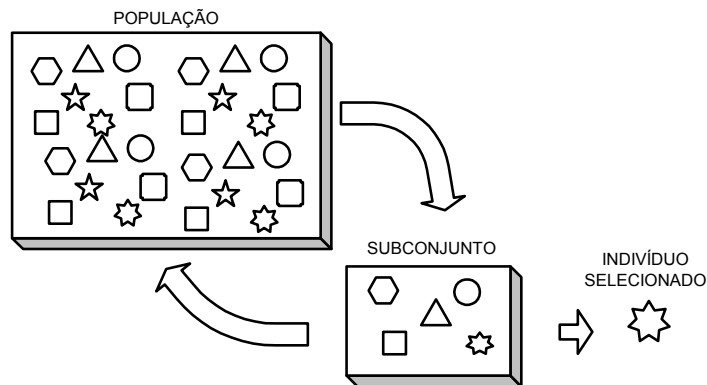


Figura 4 - Seleção pelo método de torneio

2.4. OPERADORES GENÉTICOS

O objetivo dos operadores genéticos é transformar a população através de sucessivas gerações, buscando melhorar a aptidão dos indivíduos. Os operadores genéticos são necessários para que a população evolua e mantenha as características significantes adquiridas pelas gerações anteriores.

Uma vez que os pais tenham sido definidos, ou seja, um par de indivíduos selecionados a partir dos critérios anteriores, um par de filhos é criado pela recombinação e mutação dos cromossomos dos pais utilizando os operadores genéticos básicos, cruzamento e mutação, cada qual aplicado às suas respectivas probabilidades p_{cross} e p_{mut} .

2.4.1. Cruzamento

O objetivo do cruzamento é a permutação de material genético entre os pares de indivíduos previamente selecionados. Após a formação dos pares, os indivíduos são submetidos ao processo de cruzamento, sendo que este processo pode ou não ocorrer, de acordo com uma dada probabilidade de cruzamento (p_{cross}).

Este operador genético é o responsável pela criação de novos indivíduos. Por esse motivo, p_{cross} deve ser alta (geralmente entre 70 e 100%)[7]. Isto é similar ao que ocorre na natureza, onde a maioria dos casais possui filhos.

Os GAs são caracterizados pela alta flexibilidade de implementação e isto também é válido para o cruzamento, que pode ser realizado de diferentes maneiras. A mais simples consiste no cruzamento de ponto único. Neste processo, uma localização aleatória no cromossomo dos pais é escolhida, dividindo o cada cromossomo em duas partes. Cada filho é composto pela combinação dessas partes, de tal maneira que possua informação genética dos dois pais, conforme apresentado na Figura 5.

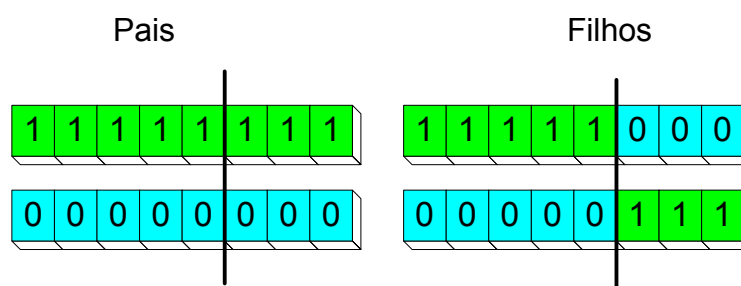


Figura 5 - Cruzamento de ponto único

Uma variação mais elaborada é o cruzamento de ponto duplo, onde ao invés de selecionar-se um simples ponto de cruzamento como no caso anterior, são selecionados dois pontos de cruzamento, dividindo o cromossomo em três partes, como ilustrado na Figura 6.

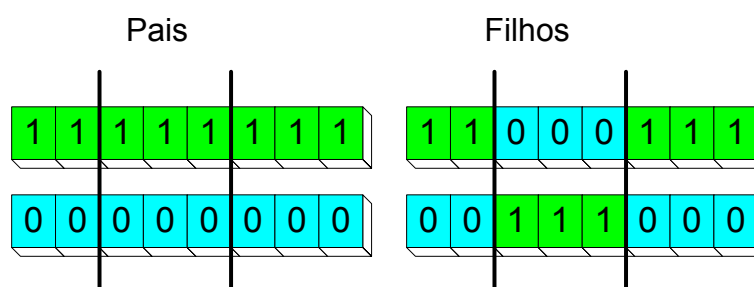


Figura 6 - Cruzamento de ponto duplo

Além das muitas outras formas de cruzamento possíveis, vale citar o cruzamento uniforme ou cruzamento em pontos aleatórios, onde os pontos para procedimento de troca de material genético são sorteados para cada geração, conforme Figura 7.

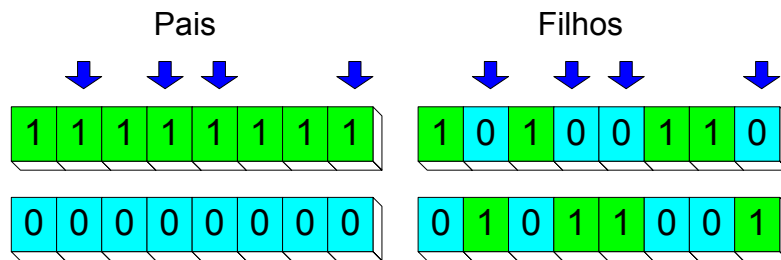


Figura 7 - Cruzamento de pontos aleatórios

2.4.2. Cruzamento na Codificação Real

O cruzamento para codificação real é bem distinto daquele da codificação binária devido à natureza contínua [7]. Os operadores para codificação real não atuam no cromossomo como um todo, mas sim em um gene de cada vez. Isto significa que o processo de cruzamento atuará distintamente para cada variável real do problema. A maneira mais evidente de gerar dois filhos com derivação genética a partir de dois pais é a média ponderada entre o valor dos genes dos pais, conforme as equações (2.2) e (2.3). O valor de ponderação r é um número aleatório dentro do intervalo fechado $[0, 1]$.

$$g1 = r \cdot G1 + (1 - r) \cdot G2 \quad (2.2)$$

$$g2 = r \cdot G2 + (1 - r) \cdot G1 \quad (2.3)$$

onde:

$G1$ é o gene do pai 1,

$G2$ é o gene do pai 2,

$g1$ é o gene do filho 1,

$g2$ é o gene do filho 2,

r é o valor de ponderação com $0 < r < 1$.

O problema deste método é a polarização em torno do ponto médio do intervalo permitido, o que pode levar a uma homogeneização precoce da população, e até mesmo a uma convergência prematura.

Outra metodologia é baseada no processo do cruzamento binário. No processo de cruzamento com ponto de corte os genes reais são divididos em duas

partes: a mais significativa e a menos significativa. Essas partes são intercambiadas para gerar o genótipo dos filhos. As equações (2.4) e (2.5) definem matematicamente tal operação. O operador $\lfloor \cdot \rfloor$ representa a parte inteira do argumento e k representa o ponto de cruzamento.

$$g1 = \left\lfloor \frac{G1}{k} \right\rfloor \cdot k + G2 - \left\lfloor \frac{G2}{k} \right\rfloor \cdot k \quad (2.4)$$

$$g2 = \left\lfloor \frac{G2}{k} \right\rfloor \cdot k + G1 - \left\lfloor \frac{G1}{k} \right\rfloor \cdot k \quad (2.5)$$

2.4.3. Mutação

O operador genético da mutação consiste na inserção de material genético novo na população. Este processo pode ou não ocorrer, da mesma forma que o cruzamento, de acordo com uma dada probabilidade de mutação (p_{mut}). Geralmente, esta probabilidade deve ser muito baixa, em torno de 0 a 10%, para que o processo de otimização não se torne puramente aleatório [11]. Isto é análogo ao comportamento da natureza, onde raramente se vêem mutações ou anormalidades nos indivíduos.

A mutação é um operador genético muito simples de ser realizado. No caso da codificação binária, basta escolher um bit no cromossomo e inverter seu valor, como ilustrado na Figura 8.

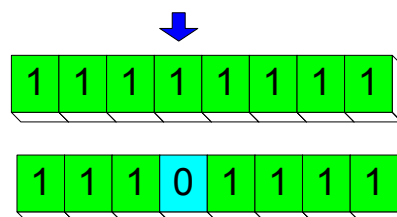


Figura 8 - Mutação do cromossomo com codificação binária.

Os GAs com codificação real podem realizar a mutação com uma perturbação aleatória em genes escolhidos aleatoriamente. Esta perturbação pode ser um valor escolhido de uma distribuição simétrica com média zero. Usualmente a distribuição utilizada é a distribuição uniforme ou a gaussiana, com desvio padrão

aproximadamente igual a 10 % da possível variação do gene em questão. A única complicação que pode ocorrer é quando um gene sofre a mutação e atinge um valor fora dos limites estipulados. Neste caso o gene pode assumir o valor do limite ou simplesmente deve-se reaplicar a mutação até o gene atingir um valor praticável.

2.5. CRITÉRIOS DE CONVERGÊNCIA

Como dito no início deste capítulo, a convergência acontece de acordo com um critério pré-determinado. Se o valor da função de aptidão requerido é conhecido, pode-se trabalhar com a opção de um erro máximo admissível. Desta forma, assim que os GAs encontrarem um indivíduo que proporcione um erro menor que o estipulado, finaliza-se o processo.

Outro método interessante de testar a convergência é através da diversidade genética da população. Se os indivíduos estão muito parecidos entre si, ou seja, se a avaliação da equação de mérito de cada indivíduo fornecer resultados muito próximos, pode significar que eles estejam na mesma região. Isso caracteriza a presença de um máximo ou mínimo da função.

Um controle final deve ser realizado de maneira obrigatória, pois não se pode simular indefinidamente. Este controle pode ser realizado, por exemplo, estipulando-se um número máximo admissível de gerações.

Todas estas metodologias possuem falhas. A convergência por diversidade genética falha quando os GAs convergem para um mínimo local, ou seja, quando acontece convergência prematura. Já a estratégia do número máximo de gerações falha quando não se fornece dar tempo suficiente para o algoritmo investigar o universo de busca. Uma metodologia inteligente para ser adotada seria a utilização racional destas duas citadas. Por exemplo, se ao final do processo evolutivo a diversidade genética ainda for elevada, pode-se permitir que o número de gerações seja estendido.

CAPÍTULO 3

3. ARRANJOS LINEARES

Muitas vezes é necessário projetar antenas com características de alto ganho para suprir as demandas de comunicações de longa distância. As antenas simples (dipolo de meia onda, *loop*, dipolo infinitesimal) não possuem características de radiação satisfatórias para diversas aplicações, pois geralmente possuem baixa diretividade (ou ganho, desde que a antena seja ideal) [22]. Uma técnica para aumentar o ganho é a utilização de refletores, como as antenas parabólicas. Outra maneira de conseguir resultados semelhantes sem a necessidade de aumentar demasiadamente as dimensões da antena singela é formar um conjunto de elementos radiantes. Essa nova antena, formada por multi-elementos, é conhecida como arranjo, matriz ou rede [23]. Na maioria dos casos, os elementos do arranjo são idênticos. Apesar dessa condição não ser necessária, geralmente é mais simples, conveniente e prática, e portanto foi adotada nesta dissertação.

Negligenciando o acoplamento entre os elementos, o campo total do arranjo é determinado pela soma vetorial dos campos irradiados pelos elementos individuais que compõem o arranjo. Para obter antenas de alta diretividade, é necessário que os campos irradiados pelos elementos do arranjo interfiram construtivamente na direção desejada e interfiram destrutivamente nas outras direções. Em um arranjo de elementos idênticos há parâmetros que podem ser utilizados para controlar o diagrama de radiação da antena [22]:

- a) configuração geométrica do arranjo (linear, retangular, esférica, circular);
- b) distância relativa entre os elementos;
- c) amplitude de excitação de cada elemento;
- d) fase de excitação de cada elemento;
- e) característica de radiação dos elementos.

O arranjo linear, formado por elementos dispostos ao longo de uma reta, caracteriza-se por sua simplicidade e praticidade. Dentre as principais aplicações

dos arranjos de antenas, destacam-se antenas das estações rádio base de sistemas celulares, radares e antenas satelitais [22].

Uma característica importante almejada no projeto de antenas é a alta diretividade do lóbulo de radiação principal aliada ao baixo nível dos lóbulos secundários. Tal característica pode ser parametrizada pela relação entre a amplitude do maior lóbulo secundário e a amplitude do lóbulo principal. Tal relação é conhecida na literatura como RSL (*relative side lobe level*) [6][7][24].

Uma antena com baixo RSL rejeita as interferências provenientes de direções diferentes da direção principal da antena. A maioria das técnicas para gerar baixos níveis de lóbulos secundários envolve a modulação da corrente de cada elemento do arranjo. Geralmente, os elementos do centro do arranjo recebem maior potência comparada com elementos da extremidade. Essas diferentes amplitudes são factíveis ao se adotar redes de alimentação com divisores de potência [7].

Além disso, deslocadores de fase (*phase shifters*) podem ser utilizados nos arranjos, possibilitando que cada elemento possua uma fase de excitação independente dos demais. Essa técnica é eficiente para controlar a direção de radiação do lóbulo principal [7].

Aliando essas duas técnicas, além da possibilidade de projetar uma antena com baixo RSL, também é possível alterar as características direcionais da antena, apenas alterando adequadamente as fases e amplitudes das correntes de excitação dos elementos do arranjo.

Uma importante parte do projeto de arranjos de antenas consiste em determinar qual o nível de excitação e a fase dos elementos que compõe a antena. A primeira alternativa é utilizar os arranjos clássicos, cuja análise está disponível na literatura [22]. Além disso, diferentes métodos computacionais estão sendo empregados: GAs, *simulated annealing* [25] e *particle swarm optimization*. Esse último merece destaque por ser um método recente e que promete ser uma das grandes inovações em soluções de problemas eletromagnéticos [26].

O objetivo deste capítulo é analisar o comportamento do GA aplicado à otimização de arranjos lineares. Esse estudo compreende a análise dos principais parâmetros relativos aos GAs, tais como o tipo do algoritmo, tamanho inicial da população, método de seleção e critério de convergência. O propósito é identificar

quais são os valores que melhor se enquadram quando o processo de otimização envolve arranjo de antenas.

Na primeira seção, é apresentada a formulação para os arranjos lineares. Posteriormente, o processo de codificação dos cromossomos e a elaboração da função objetivo. Na seção 3.4, é apresentado o estudo dos parâmetros relativos aos GAs. Na seção 3.5 o método proposto é comparado com os casos clássicos de arranjos lineares. Posteriormente, é realizada uma pequena revisão sobre os dipolos infinitesimais, que serão os elementos utilizados no arranjo. Finalmente, o algoritmo é aplicado em diversas configurações de arranjos lineares, permutando os tipos de elementos radiantes e alterando o ângulo de radiação.

3.1. FORMULAÇÃO DOS ARRANJOS LINEARES

O campo total do arranjo é determinado através da soma vetorial dos campos irradiados pelos elementos individuais que compõem o arranjo. Devido à condição do arranjo ser composto por elementos idênticos, este cálculo pode ser simplificado. A teoria dos arranjos de antenas prescreve que o campo total do arranjo é igual ao campo de um simples elemento posicionado na origem multiplicado por um fator, que é amplamente conhecido como o fator de arranjo (*array factor*).

Cada arranjo apresenta seu próprio fator de arranjo, que é função do número de elementos, da disposição geométrica destes, das suas fases e magnitudes relativas de excitação. Por não depender das características direcionais dos elementos radiantes, o fator de arranjo é formulado utilizando-se fontes isotrópicas. Assim, consegue-se isolar as características de radiação de um simples elemento das características geométricas e de excitação. Uma vez definido o fator de arranjo para determinada configuração, o campo total do arranjo real é obtido através da expressão (3.1).

$$\mathbf{E}_{\text{total}} = [\mathbf{E}_{\text{elemento simples na origem}}] \cdot [\text{Fator de Arranjo}] \quad (3.1)$$

Considera-se um arranjo linear com um número par de elementos isotrópicos $2M$, dispostos simetricamente no eixo z em relação à origem do sistema

de coordenadas, com espaçamento uniforme d entre os elementos, conforme Figura 9. M elementos estão dispostos em cada semi-espaço definidos pelo plano $z = 0$. As amplitudes de excitação a_n são simétricas em relação à origem. A fase de excitação dos elementos é progressiva com incremento β constante entre os elementos. Para observação de campo distante, o fator de arranjo pode ser expresso pela equação (3.2).

$$AF(\theta) = 2 \cdot \sum_{n=1}^M a_n \cos \left[(2n-1) \left(\frac{\pi d}{\lambda} \cos(\theta) + \beta \right) \right] \quad (3.2)$$

onde :

- a_n é a amplitude do n -ésimo elemento,
- M é o número de elementos constituintes do arranjo,
- β é o ângulo progressivo de excitação de fase,
- θ é o ângulo direcional,
- λ é o comprimento de onda,
- d é o espaçamento entre elementos do arranjo.

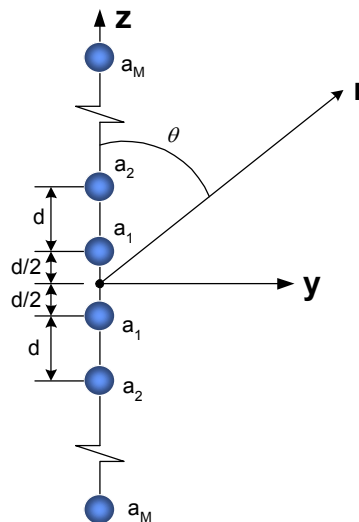


Figura 9 - Disposição dos elementos no sistema de coordenadas

3.2. CODIFICAÇÃO DOS CROMOSSOMOS

Ao considerar-se um arranjo linear com sua geometria fixa, resta ainda definir as características das fontes de excitação dos elementos individuais. Assim,

as variáveis para o problema de otimização são as amplitudes individuais de cada elemento do arranjo e suas fases de excitação.

A fase progressiva de excitação β é um ângulo de valor real, cujo limite é o intervalo fechado $[-180^\circ, 180^\circ]$. Portanto adotou-se a codificação real para esse gene.

As amplitudes de excitação são valores que podem variar desde o valor nulo até um máximo. Para fins práticos, é interessante ter um limite no número de níveis intermediários [24]. Quanto maior o número de níveis intermediários, mais difícil a implementação do arranjo. Para os arranjos a serem otimizados nessa dissertação, adotou-se que cada elemento pode possuir oito níveis de excitação, incluindo o valor nulo. Para a codificação são necessários três bits para cada elemento. Na Tabela 3 é apresentada a relação entre os valores que os bits podem assumir com a respectiva proporção da amplitude máxima aplicada aos elementos do arranjo.

Tabela 3 - Relação entre os bits e o valor de amplitude de excitação

Nível	Genótipo	Proporção da Amplitude Máxima
0	000	0,0%
1	001	14,3%
2	010	28,6%
3	011	42,9%
4	100	57,1%
5	101	71,4%
6	110	85,7%
7	111	100,0%

Finalmente, para construir o cromossomo, é necessário dispor os genes de forma ordenada, conforme Figura 10.

a_1	a_2	a_3	...	a_M	β
111	111	111	...	111	35,7°

Figura 10 - Cromossomo para o arranjo linear

3.3. FUNÇÃO DE APTIDÃO PARA ARRANJOS LINEARES

O objetivo final do processo de otimização é encontrar um arranjo que possua o menor lóbulo secundário relativo ao lóbulo principal, ou seja, um baixo RSL, bem como possuir o lóbulo principal direcionado para um ângulo desejado. Portanto é necessário conceber métricas que definam estas características. A primeira métrica necessária é aquela que define o deslocamento entre o ângulo real de radiação e o ângulo desejado. Como o ângulo de radiação é um fator crítico para uma antena altamente diretiva, não é aconselhável utilizar uma métrica linear, pois um pequeno desvio angular pode comprometer o sistema de comunicação. Para esta dissertação, implementou-se a equação (3.3).

$$DA_{\theta} = \frac{1}{1 + k(\theta_r - \theta_o)^2} \quad (3.3)$$

onde,

DA_{θ} é a métrica para desvio angular do ângulo de elevação θ ,

θ_r é o ângulo de radiação do lóbulo principal,

θ_o é o ângulo desejado para o lóbulo principal,

k é o fator de dilatação.

O valor do fator de dilatação k é obtido empiricamente e representa quão crítica é a direção do lóbulo principal. A Figura 11 mostra o gráfico da função com o parâmetro $\theta_o = 90^\circ$ para $k = 0,01$ e $k = 0,03$ para fins de comparação. Quanto maior o valor de k mais abrupta torna-se a métrica de desvio angular. Nesta dissertação adotou-se $k = 0,03$ para os casos de otimização.

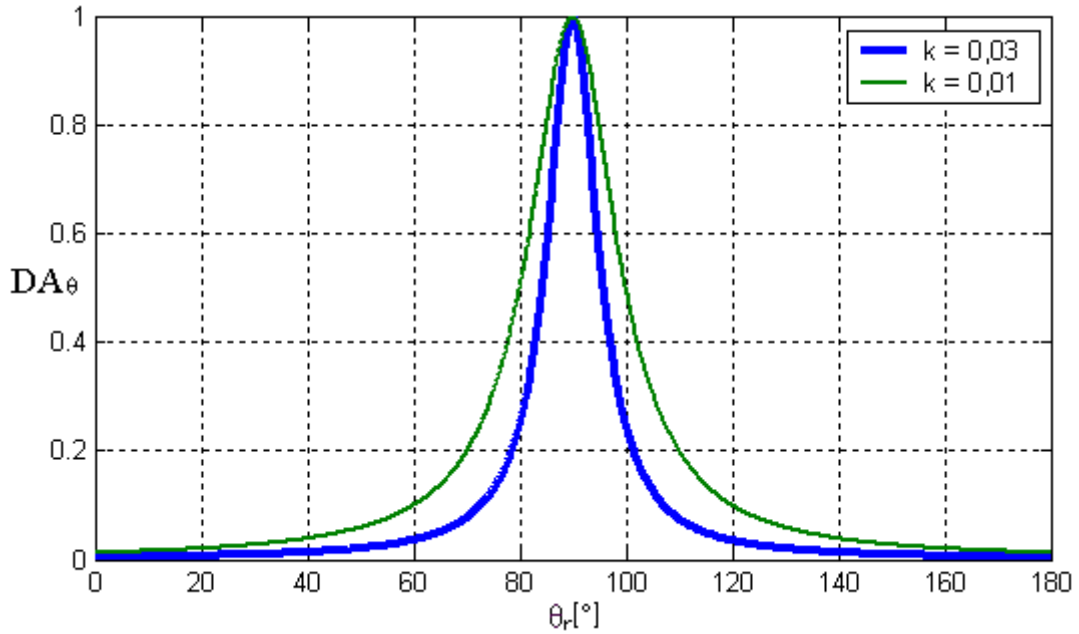


Figura 11 - Gráfico da métrica de desvio angular para ângulo do lóbulo principal

A métrica para relacionar o ganho e o nível dos lóbulos laterais pode ser definida pela razão entre a amplitude do lóbulo principal e a máxima amplitude dos lóbulos laterais. Esta razão define o RSL, e é geralmente representada em dB, conforme equação (3.4).

$$\text{RSL} = -20 \cdot \log\left(\frac{A_p}{A_s}\right) \quad (3.4)$$

O termo A_p representa a amplitude do lóbulo principal e o termo A_s representa a amplitude do maior lóbulo secundário e são definidos, respectivamente, pela equação (3.5) e equação (3.6).

$$A_p = \text{Max}\{|E_{\text{total}}(\theta)|\} \quad \forall \theta \in [0, 180^\circ] \quad (3.5)$$

$$A_s = \text{Max}\{|E_{\text{total}}(\theta)|\} \quad \forall \theta \notin \{\text{lóbulo principal}\} \quad (3.6)$$

O valor de A_p representado em dB é conhecido como a diretividade D da antena, conforme a equação (3.7).

$$D = 20 \cdot \log(A_p) \quad (3.7)$$

A dificuldade maior agora é encontrar os pontos de máximo do lóbulo principal e dos lóbulos laterais a partir do campo total.

Na Figura 12 é apresentado um exemplo de diagrama de radiação de um arranjo com $M = 5$, $d = \lambda / 4$, $\beta = 0$ e fontes isotrópicas uniformes, ou seja, $a_n = 1$ com $n = 1, 2, \dots, 5$.

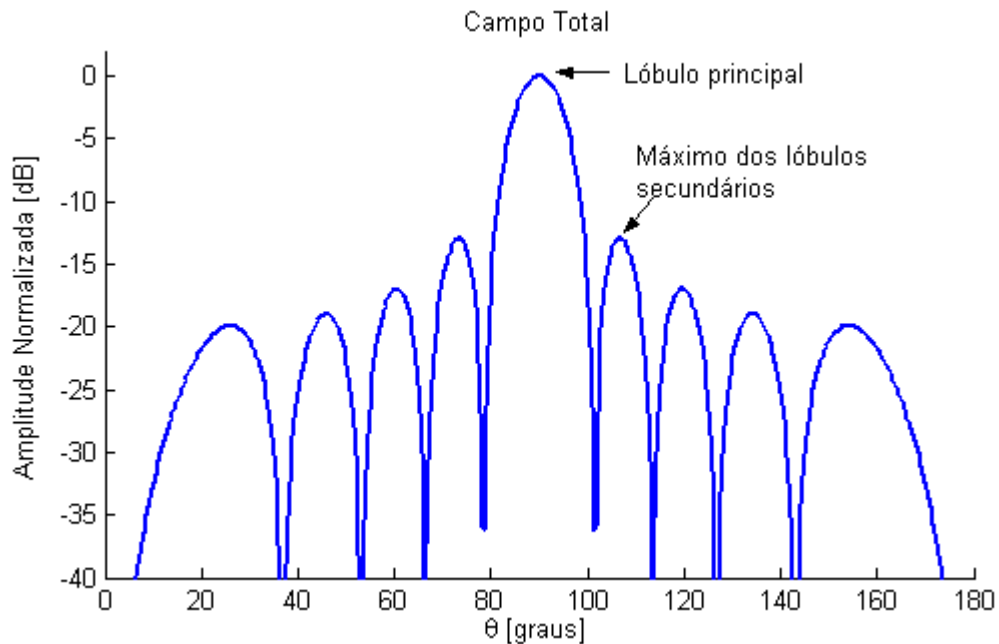


Figura 12 - Exemplo de diagrama de radiação

Uma varredura no ângulo θ é realizada para encontrar o ponto máximo do diagrama, definindo assim a amplitude do lóbulo principal, bem como o parâmetro θ_r . A fim de determinar o máximo dos lóbulos secundários, o lóbulo principal é eliminado do espaço de busca e uma nova varredura é realizada. Os limites do lóbulo principal são determinados pela análise da derivada. Parte-se do ponto de máximo e caminha-se na direção crescente de θ , até quando a derivada torna-se positiva e a função passa a ser crescente. Neste ponto, tem-se o limite superior do lóbulo principal θ_s . Repete-se o processo, porém na direção decrescente de θ , encontrando o limite inferior do lóbulo principal θ_i .

Finalmente, a função de aptidão para o problema de otimização dos arranjos lineares é definida como a composição multiplicativa das duas métricas, conforme a equação (3.8).

$$\text{Aptidão} = \frac{A_p}{A_s} \times \frac{1}{1 + k(\theta_r - \theta_o)^2} \quad (3.8)$$

3.4. ANÁLISE DOS GAs

Uma vez definida a função de aptidão e a maneira de encontrar seus parâmetros a partir da análise do diagrama de radiação resultante da multiplicação do fator de arranjo pelo campo de radiação de um simples elemento, pode-se estudar o comportamento dos GAs. Isso é realizado através da análise das suas diversas variantes, na busca daquela que apresente o melhor desempenho para o tipo de problema aqui apresentado.

Todas as análises desenvolvidas nessa seção consideram como objeto de otimização um arranjo linear de antenas com 40 elementos isotrópicos ($M = 20$) dispostos no eixo z, espaçados com uma distância $d = \lambda / 4$.

3.4.1. Método de Seleção

Os métodos mais utilizados pela atual literatura são a roleta ponderada e o sistema de torneio. Para avaliar o método de seleção apropriado executou-se uma rotina de teste. Uma população imaginária de 100 indivíduos foi criada. Os respectivos valores de aptidão foram atribuídos aleatoriamente, e então ordenou-se a população de maneira decrescente com base nesses valores. Cada método de seleção foi aplicado 100.000 vezes e dois indivíduos foram selecionados. Contabilizou-se a quantidade de vezes que cada indivíduo foi selecionado a fim de analisar o comportamento das probabilidades de seleção.

Os resultados das rotinas de teste são apresentados na forma gráfica. Pode-se comprovar que as probabilidades de seleção do método da roleta ponderada (Figura 13) e o sistema de torneio com subconjunto $N = 2$ (Figura 14) apresentam grande semelhança. No caso de torneio com subconjunto $N = 3$, nota-se a grande pressão seletiva nos indivíduos de alta aptidão, o que pode levar à convergência prematura. Dessa forma, a escolha deve ser entre os dois primeiros métodos. Devido à simplicidade e maior eficiência computacional, adotou-se o método de torneio com $N = 2$.

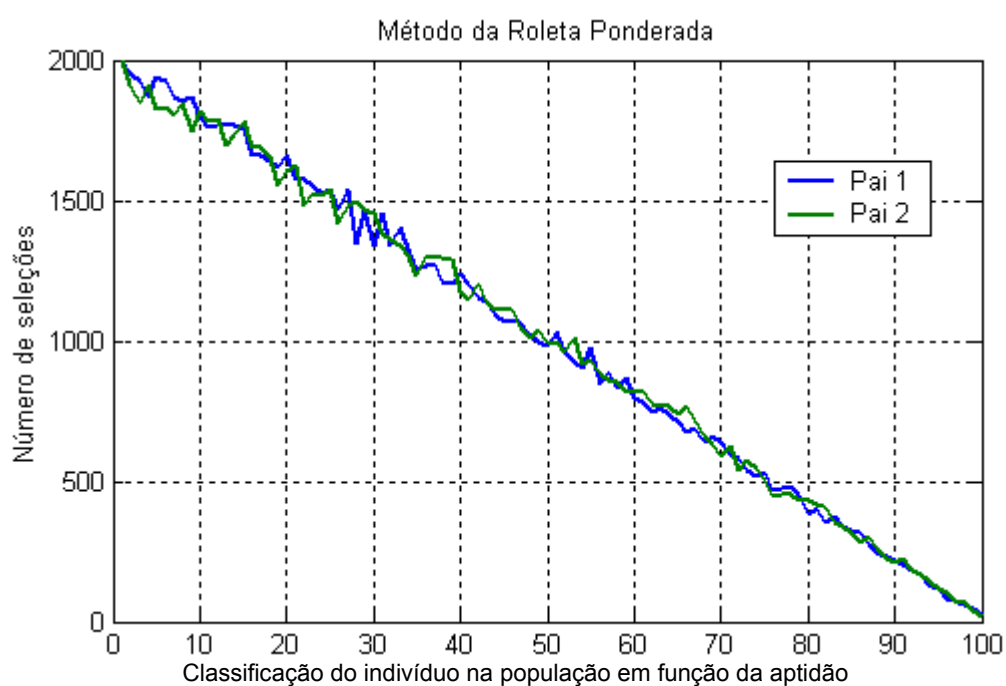


Figura 13 - Número de seleções dos indivíduos no método da roleta ponderada

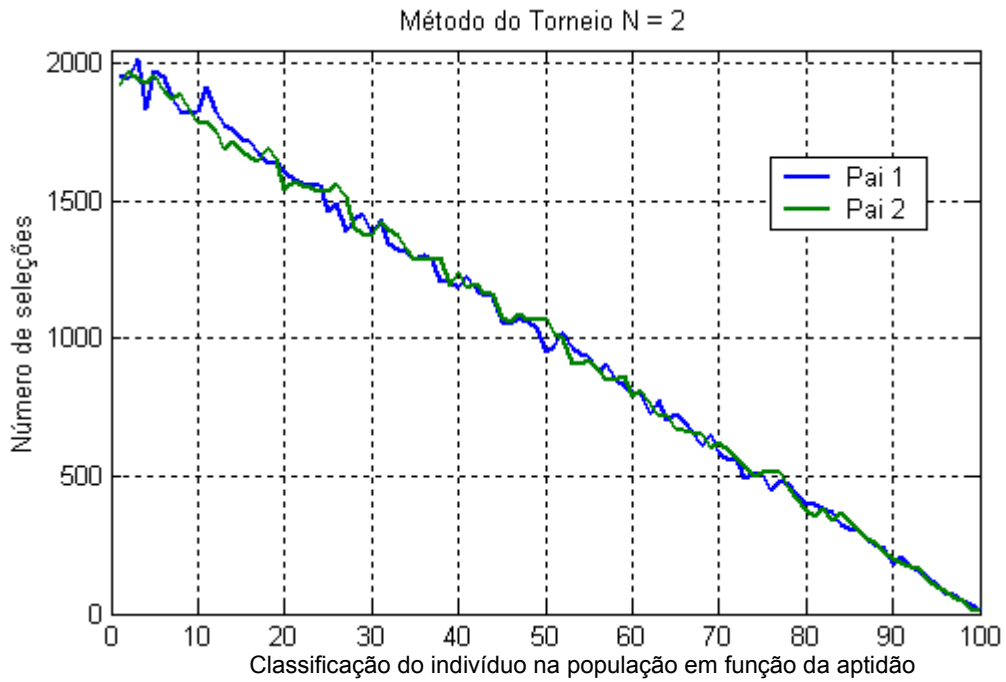


Figura 14 - Número de seleções no método de torneio com um subconjunto de 2 indivíduos

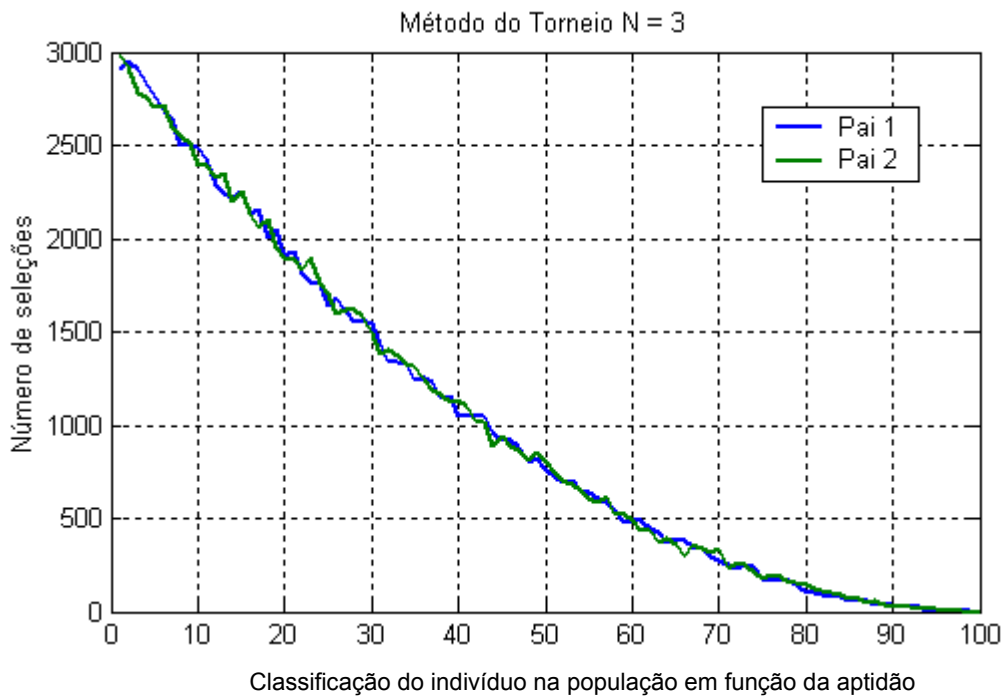


Figura 15 - Número de seleções no método de torneio com um subconjunto de 3 indivíduos

3.4.2. Método de Cruzamento e Mutação

Nesta dissertação, o método de cruzamento uniforme foi adotado para os cromossomos binários. Os genes reais são cruzados através do método do cruzamento com ponto de corte. A probabilidade de cruzamento foi considerada máxima ($p_{\text{cross}} = 100\%$).

Independente do tipo de GA, toda vez que dois indivíduos são criados, a probabilidade de mutação p_{mut} é testada. Se o resultado do teste for positivo, um destes indivíduos, escolhido aleatoriamente, sofre o processo de mutação. Para o cromossomo binário, escolhe-se um bit aleatoriamente e altera-se seu valor. Para os genes reais, acrescenta-se um valor aleatório de distribuição uniforme e média nula. A perturbação varia de -10% à 10% em relação ao limites do gene.

3.4.3. Tipo de GAs

Três tipos de algoritmos são aqui considerados: SGA, SSGA e RGA. Em todos os casos, a população inicial possui 60 indivíduos e $p_{\text{mut}} = 5\%$ (valor comum para este parâmetro). Foram realizadas dez simulações para cada um dos tipos e a média foi tomada. O resultado é apresentado na Figura 16, onde cada curva representa a evolução da aptidão média dos melhores indivíduos para cada uma das dez simulações. A Figura 17 mostra o desvio padrão dessa aptidão ao longo do processo evolutivo para os diversos tipos de GAs.

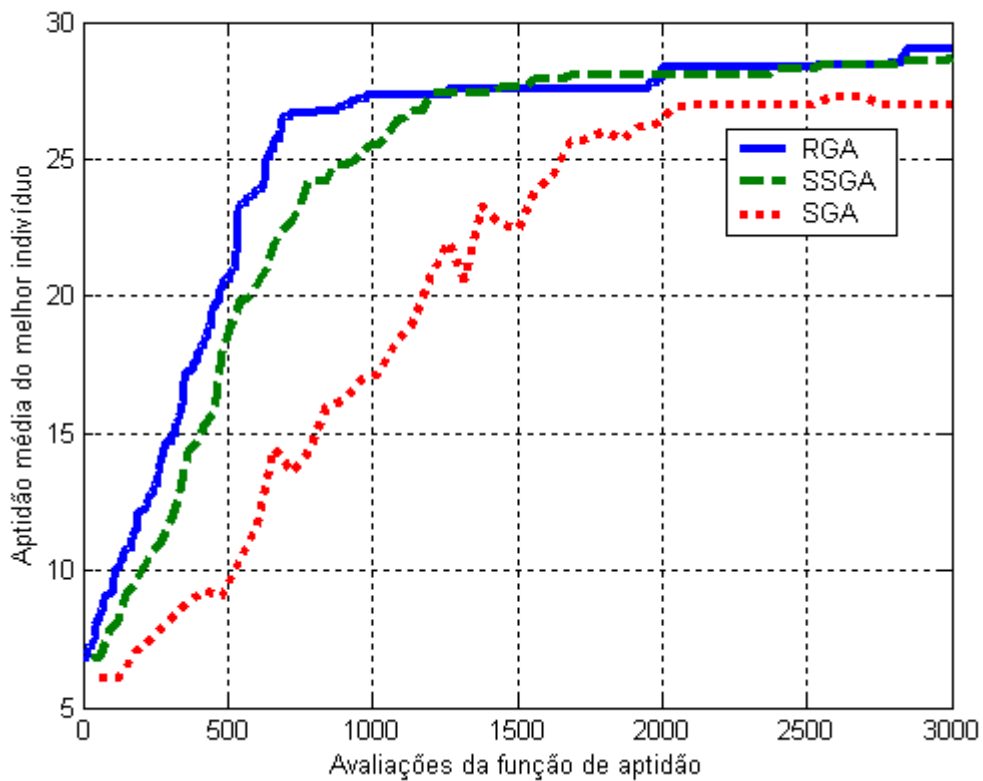


Figura 16 - Processo evolutivo dos tipos de GAs

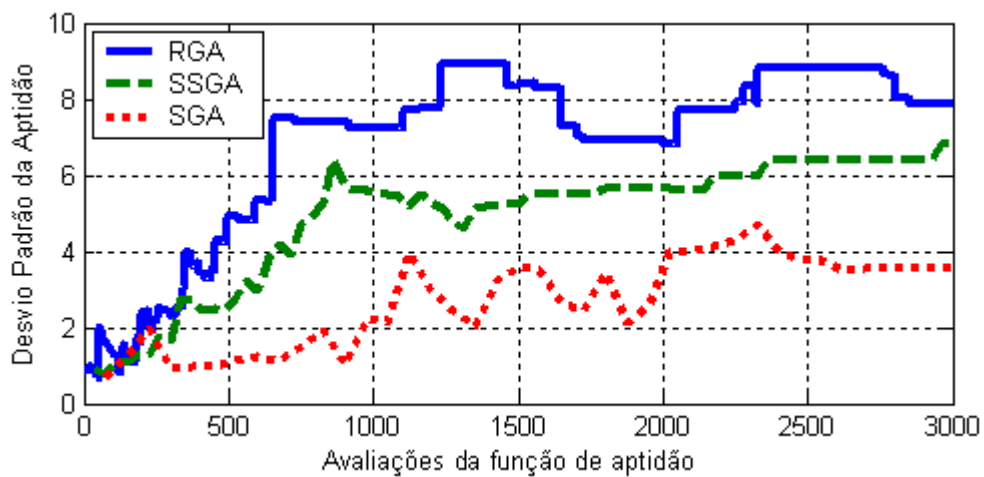


Figura 17 - Desvio padrão da evolução da aptidão para os diversos tipos de GAs

No algoritmo do tipo SGA toda a população é substituída pela nova geração. Esse algoritmo apresenta um grave problema: a aptidão do melhor indivíduo não apresenta um crescimento monotônico, ou seja, pode ocorrer que o melhor indivíduo

da próxima geração presente menor aptidão comparada à aptidão do melhor indivíduo da população atual, significando um regresso na evolução. Esse efeito é notado na curva de evolução do método SGA na Figura 16. Na média, o algoritmo convergiu com aproximadamente 2000 avaliações da função objetivo. O desvio padrão foi o menor dentre todos os tipos.

No segundo algoritmo (SSGA 50%), é criada uma linha de corte que divide a população em duas partes de mesmo tamanho, tendo como critério a aptidão dos indivíduos. A elite (membros da população que possuem os maiores valores de aptidão) garante sua permanência na população, enquanto que a outra parte é substituída pela nova geração. Dessa forma, garante-se o crescimento monotônico da aptidão do melhor indivíduo a cada geração. Na média, o algoritmo convergiu em apenas 1200 avaliações da função de aptidão. O desvio padrão está em um nível intermediário entre os outros dois tipos analisados.

No último algoritmo analisado (RGA), a cada iteração o par de indivíduos menos apto é substituído por um par de novos indivíduos. A vantagem dessa metodologia é economizar memória, pois não é necessário criar uma população temporária. Da mesma forma que o SSGA, preserva-se o crescimento monotônico da aptidão do melhor indivíduo. Na média, a convergência também foi atingida com baixo número de avaliações da função objetivo (1000). Dentre os diversos tipos de GA analisados, este apresentou o maior desvio padrão.

Somente a análise do número de iterações não basta para definir qual método é o melhor para otimizar os arranjos. Também é necessária a comparação dos valores finais de aptidão que os três métodos alcançaram.

No SGA, os valores finais de aptidão ficaram um pouco abaixo em comparação com os outros tipos, e portanto, o algoritmo apresentou-se insatisfatório. Os outros dois tipos apresentaram um valor final de aptidão semelhante. Devido às vantagens computacionais e às boas características de convergência, adotou-se o algoritmo do tipo RGA nesta dissertação.

3.4.4. Tamanho da População

Uma vez definido o tipo de algoritmo a ser utilizado, o próximo parâmetro a ser analisado é o tamanho da população. Quanto maior a população, maior a

diversidade genética, ampliando o espaço de busca. Por outro lado, são necessárias mais avaliações da função de aptidão para atingir a convergência.

Foi realizada uma seqüência de testes variando o tamanho da população desde dez até 100 indivíduos com um incremento de dez, cada qual com 1500 gerações. Repetiu-se esta simulação dez vezes e foi tomada a média como resultado. A probabilidade de mutação p_{mut} é igual a 5% em todos os casos. Na Figura 18, são apresentados os resultados obtidos e a

Tabela 4 mostra o conjunto de dados estatísticos do valor final da aptidão após as 1500 gerações. Nota-se que para as pequenas populações ocorre o fenômeno da convergência prematura. À medida que o tamanho da população cresce, na média, o valor final de convergência melhora. Porém, o simples aumento do tamanho da população não garante o melhor resultado, como pode ser observado no caso da população com 40 e 50 indivíduos. Além disso, o desvio padrão também tende a aumentar com o aumento da população. De qualquer forma, deve-se evitar tanto um tamanho da população muito pequeno, devido aos maus resultados, quanto um valor muito grande, devido ao grande esforço computacional. Para esta dissertação adotou-se uma população de 80 indivíduos para todos os casos.

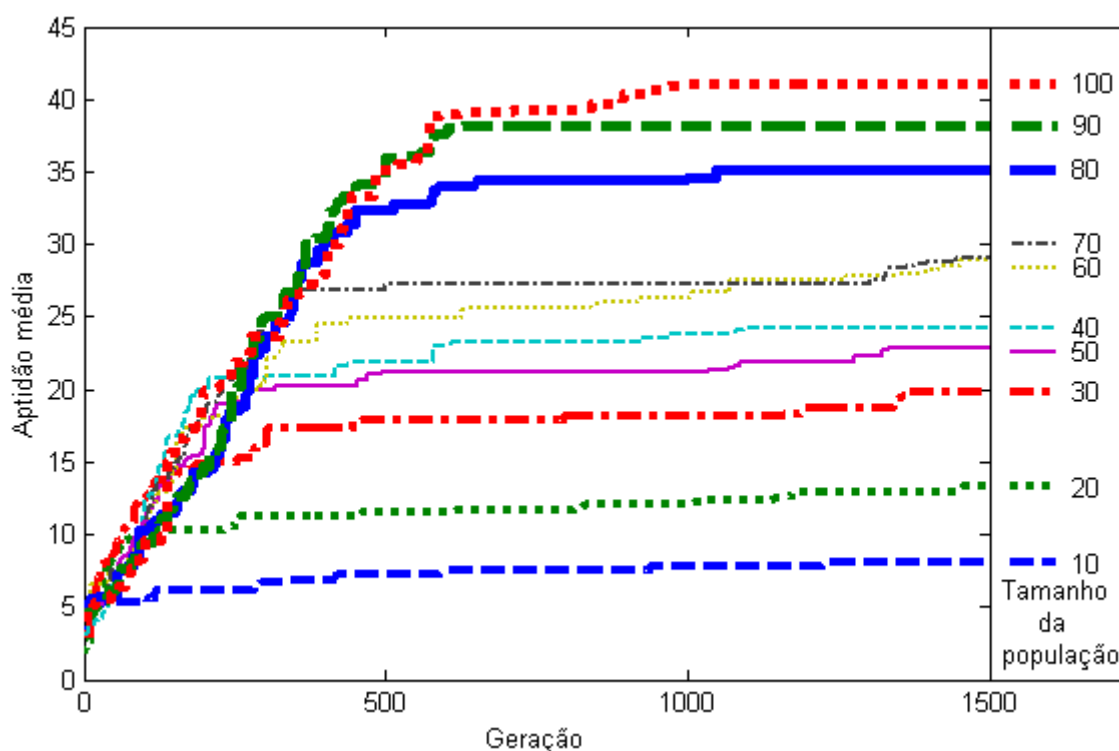


Figura 18 - Simulações para identificar qual o tamanho ideal da população

Tabela 4 - Parâmetros estatísticos dos valores de aptidão após 1500 gerações para os diversos tamanhos de população

Tamanho da população	Média da aptidão final	Desvio padrão da aptidão final	Mínima aptidão final	Máxima aptidão final
10	8,04	2,34	5,45	12,67
20	13,36	4,57	8,39	24,20
30	19,78	5,70	13,93	32,73
40	24,21	6,03	17,48	37,77
50	22,79	4,82	15,66	29,39
60	28,90	8,58	13,95	40,52
70	29,01	5,85	19,93	35,24
80	35,17	10,05	22,61	56,09
90	38,15	4,66	31,10	46,60
100	41,04	11,78	27,17	56,78

3.4.5. Critério de Convergência

Com os parâmetros do GA determinados de tal forma que se evite a convergência prematura, o critério de convergência mais indicado é finalizar o processo de otimização quando houver a estagnação no processo evolutivo, ou seja, quando não houver progresso da aptidão durante um certo número de gerações, caracterizando baixa diversidade genética da população. Esse número de gerações depende do tipo de algoritmo adotado e deve ser analisado com casos práticos para cada problema. Tomando como exemplo os resultados da Figura 18, é razoável terminar o processo de otimização se houver 800 gerações sucessivas sem evolução.

3.4.6. Melhoria da Convergência

Nesta seção, é proposta uma nova idéia envolvendo GAs no intuito de melhorar o processo de convergência. A literatura consagrou a utilização de baixa probabilidade de mutação, pois o processo de mutação geralmente cria indivíduos menos aptos. Quando estes indivíduos menos aptos são inseridos na população, há um decréscimo da média da aptidão. Portanto, se o algoritmo utilizar alta probabilidade de mutação, a convergência pode ser prejudicada. Inclusive, há casos onde o melhor indivíduo pode ser corrompido por uma mutação.

Para contornar todos estes problemas, criou-se nesta dissertação a mutação condicional. Neste método, o operador genético da mutação é aplicado normalmente no indivíduo selecionado. Porém, antes de inserir o novo indivíduo na população, a sua aptidão é comparada com a aptidão do indivíduo que o gerou. O novo indivíduo somente será incluído na população se possuir uma aptidão melhor. Desta maneira, evita-se o problema da diminuição da média da aptidão da população e não há a probabilidade de se perder bons indivíduos.

Como neste processo os efeitos colaterais da mutação são eliminados, agora pode-se utilizar uma alta probabilidade de mutação, o que não seria recomendado no método normal.

Para ilustrar as vantagens que esta nova metodologia agrega, um conjunto de 10 simulações foi realizada para cada um dos métodos. No método proposto, empregou-se a mutação condicional com probabilidade $p_{mut} = 100\%$. Duas simulações foram realizadas para o método normal. A primeira com probabilidade de mutação $p_{mut} = 5\%$ e a segunda com probabilidade de mutação $p_{mut} = 100\%$, a fim de mostrar os efeitos de uma alta probabilidade de mutação no método normal.

Para as 10 simulações, foi tomada a média do valor médio de aptidão da população como parâmetro de comparação. Os resultados desta comparação são apresentados na Figura 19, onde fica evidenciada a superioridade do método proposto em termos de valor final de convergência. Além disso, pode-se constatar que o uso de uma alta probabilidade de mutação no método normal retarda o processo de convergência e, na média, alcança resultados piores.

Nota-se que os dois primeiros métodos apresentam uma grande semelhança no início da otimização. Nesta parte do processo, a evolução é proporcionada

principalmente pelo operador genético de cruzamento. Há uma divergência das duas curvas a partir de aproximadamente 500 gerações. A partir deste ponto, a mutação assume um papel essencial no processo evolutivo. Como o método normal tem baixa probabilidade de mutação, a evolução torna-se lenta. Por outro lado, como o método proposto possui alta probabilidade de mutação, o processo evolutivo continua satisfatoriamente.

Na Figura 20 é apresentado o desvio padrão da aptidão para os três métodos analisados. Nota-se que o método proposto apresenta o menor desvio padrão, comprovando a boa repetibilidade dos resultados.

Uma vez comprovada a eficiência do método proposto, este passou a ser o padrão para as otimizações desta dissertação.

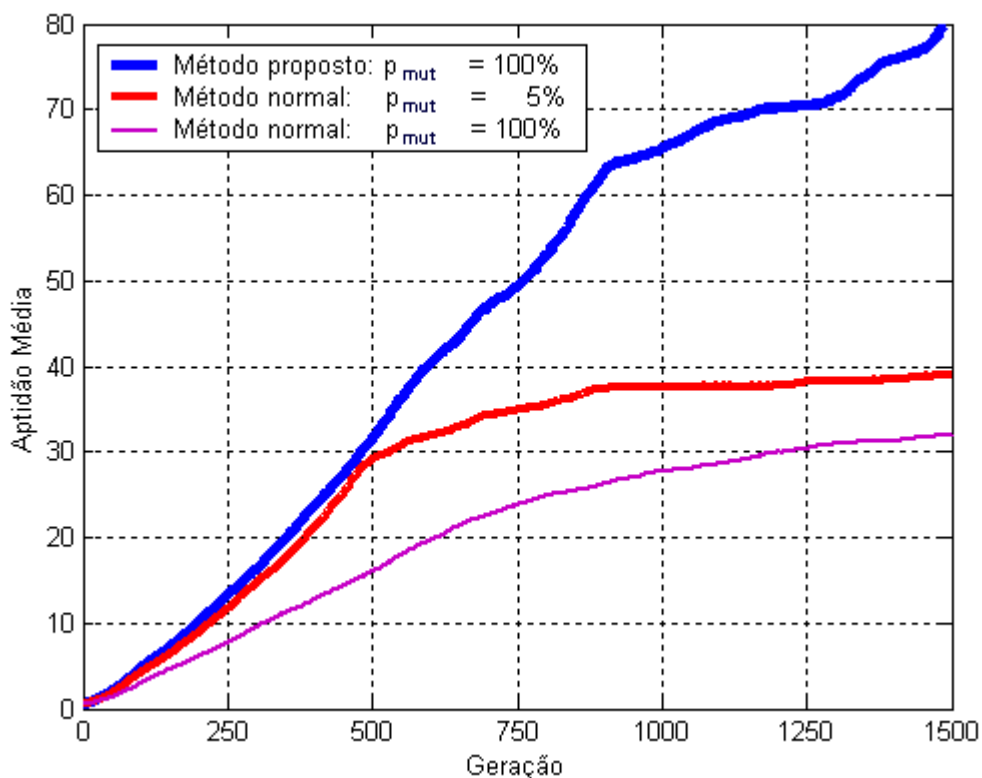


Figura 19 - Comparação entre método proposto e o método normal com $p_{mut} = 5\%$ e $p_{mut} = 100\%$.

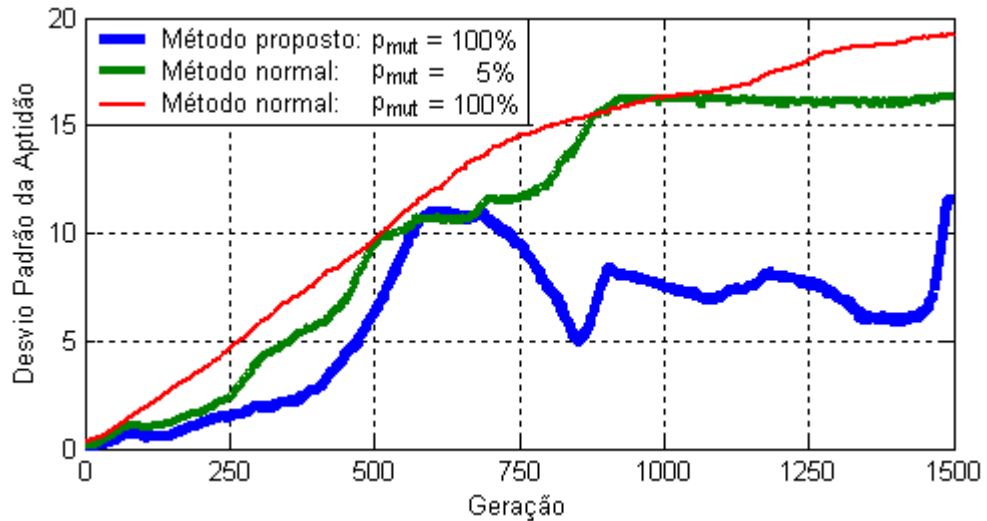


Figura 20 - Desvio padrão das simulações do método proposto e do método normal com $p_{mut} = 5\%$ e $p_{mut} = 100\%$.

3.5. COMPARAÇÃO COM OS ARRANJOS CLÁSSICOS

Uma vez que os parâmetros do GA foram definidos criteriosamente, resta ainda apresentar os resultados para os mais diversos casos de arranjos lineares e compará-los com os casos clássicos, dentre os quais se destacam o arranjo uniforme, o arranjo de distribuição linear, o arranjo binomial e o arranjo Dolph-Tschebyscheff.

Neste primeiro conjunto de comparações, todos os arranjos possuem 40 elementos isotrópicos espaçados de uma distância $d = \lambda/4$. Além disso, o ângulo de radiação desejado é perpendicular ao eixo do arranjo, ou seja, $\theta_0 = 90^\circ$. Para satisfazer esta condição, basta excitar todos os elementos em fase, ou seja, $\beta = 0^\circ$ [7].

A fim de obter uma comparação justa, o mesmo número de níveis deve ser utilizado para todos os casos, ou seja, as amplitudes de excitação continuam sendo representadas pela Tabela 3.

3.5.1. Arranjo Uniforme

Na Figura 21, é apresentado o diagrama de radiação para um arranjo com distribuição uniforme, em que todas as amplitudes de excitação são iguais ao nível máximo (Tabela 5). Conseqüentemente, esta configuração atinge a melhor diretividade dentre todos os casos analisados ($D = 32,0$ dBi) [22]. Por outro lado, em termos de lóbulos laterais, o arranjo uniforme apresenta o pior resultado (RSLL = -13,24 dB).

Tabela 5 - Distribuição das amplitudes para o arranjo uniforme

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}	
Nível	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7

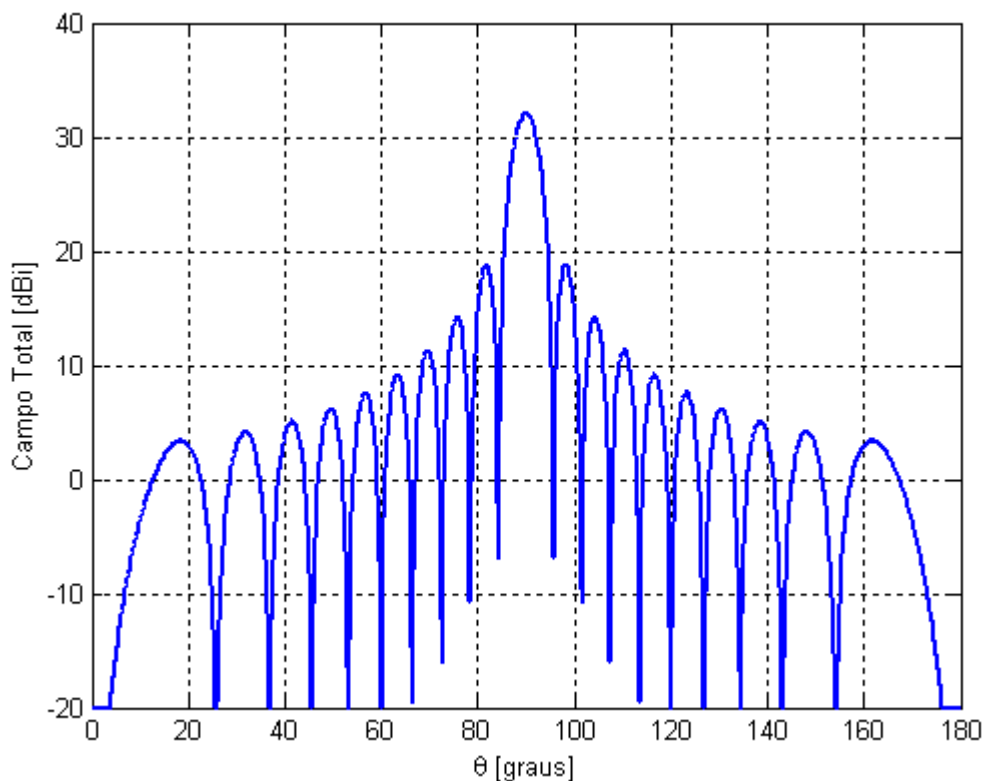


Figura 21 - Diagrama de radiação de um arranjo de fontes isotrópicas uniformes e direção $\theta_0 = 90^\circ$

3.5.2. Arranjo Binomial

Os coeficientes do arranjo binomial são obtidos a partir do triângulo de Pascal gerado por expansão em séries binomiais [22]. Na Tabela 6, nota-se que grande parte das amplitudes é nula. Tal fato ocorre porque o valor original destas amplitudes é baixo quando comparado com o nível máximo. Ao sofrerem a normalização e arredondamento, estas amplitudes anulam-se. Quando comparado com o caso anterior, o RSL diminuiu, porém uma baixa diretividade ($D = 18,1$ dBi) é obtida, conforme o diagrama de radiação da Figura 22, comprometendo a utilização deste arranjo em casos práticos. O RSL obtido foi $-26,28$ dB.

Tabela 6 - Distribuição das amplitudes para o arranjo Binomial

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}
Nível	7	6	5	4	3	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

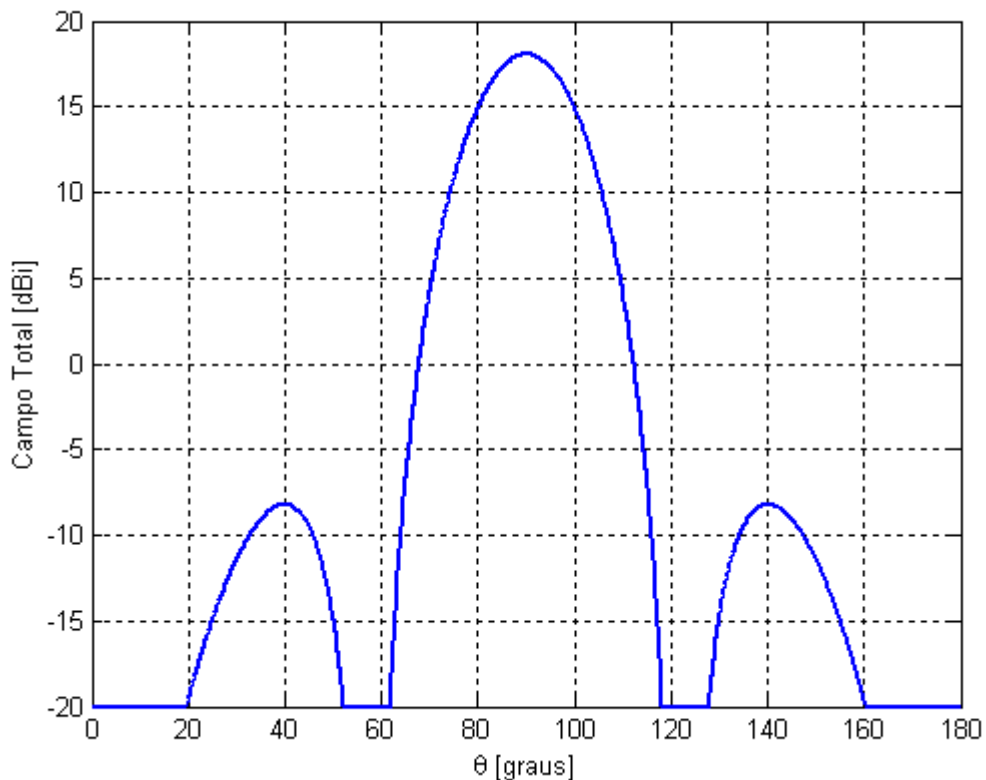


Figura 22 - Diagrama de radiação de um arranjo binomial

3.5.3. Arranjo com Distribuição Linear

O arranjo com distribuição linear é caracterizado pela distribuição linearmente decrescente a partir do centro do arranjo em direção à extremidade. Na Tabela 7, nota-se que algumas amplitudes repetem-se, pois não há níveis intermediários para representá-las. A Figura 23 apresenta o diagrama de radiação onde se constata o acréscimo do valor da diretividade ($D = 26,0$ dBi) e o ligeiro aumento da relação de lóbulos laterais (RSL = $-25,58$) em comparação com o caso anterior.

Tabela 7 - Distribuição das amplitudes para o arranjo de distribuição linear

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}
Nível	7	7	6	6	6	5	5	4	4	4	3	3	3	2	2	1	1	1	0	0

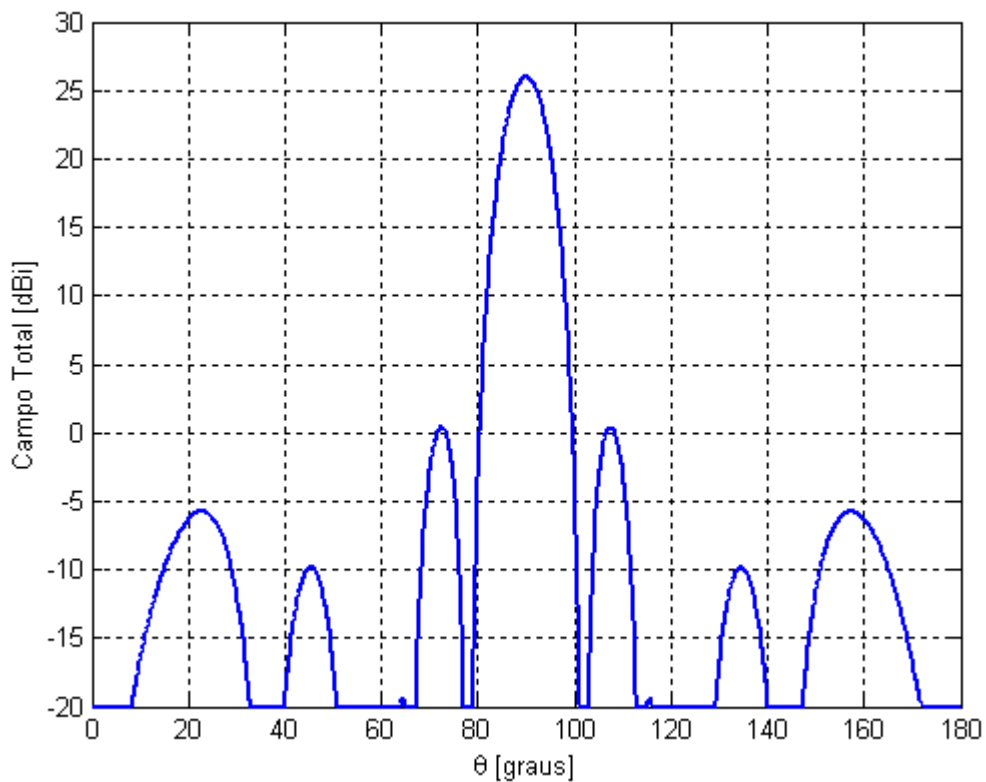


Figura 23 - Diagrama de radiação de um arranjo com distribuição linear

3.5.4. Arranjo Dolph-Tschebyscheff

O arranjo Dolph-Tschebyscheff é derivado a partir dos polinômios de Tschebyscheff [22] e é amplamente empregado devido aos bons resultados que apresenta em termos de RSL. A Tabela 8 descreve as amplitudes para este arranjo. A Figura 24 mostra o diagrama de radiação onde se constata um bom resultado em termos de diretividade ($D = 26,4$ dBi) e um excelente valor de RSL (RSL = $-36,10$ dB) em comparação com todos os casos clássicos aqui apresentados.

Tabela 8 - Distribuição das amplitudes para o arranjo Dolph-Tschebyscheff

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}
Nível	7	7	7	6	6	6	5	5	4	4	3	3	2	2	2	1	1	1	0	1

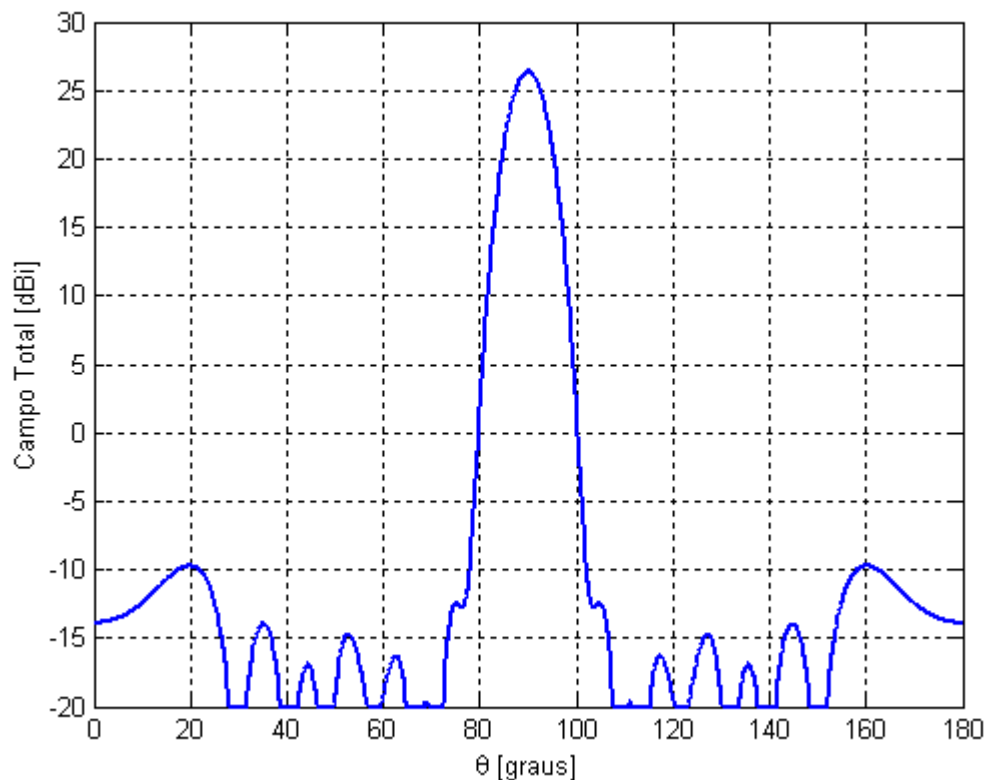


Figura 24 - Diagrama de radiação de um arranjo Dolph-Tschebyscheff

3.5.5. Arranjo Otimizado pelo GA

A Tabela 9 mostra os coeficientes encontrados pelo algoritmo genético. A fase progressiva encontrada foi $\beta = 0,27^\circ$, muito próximo do valor teórico para os casos anteriores. Para essa configuração, o diagrama de radiação é mostrado na Figura 25. O valor da diretividade ($D = 26,3$ dBi) é muito semelhante aos dois últimos casos. O algoritmo mostrou-se eficiente ao minimizar os lóbulos laterais, atingindo o melhor valor dentre todos os casos aqui apresentados (RSL = $-37,76$ dB).

Tabela 9 - Distribuição das amplitudes para o arranjo otimizado

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}
Nível	7	5	7	7	4	7	4	5	5	2	5	3	1	4	1	1	2	1	0	1

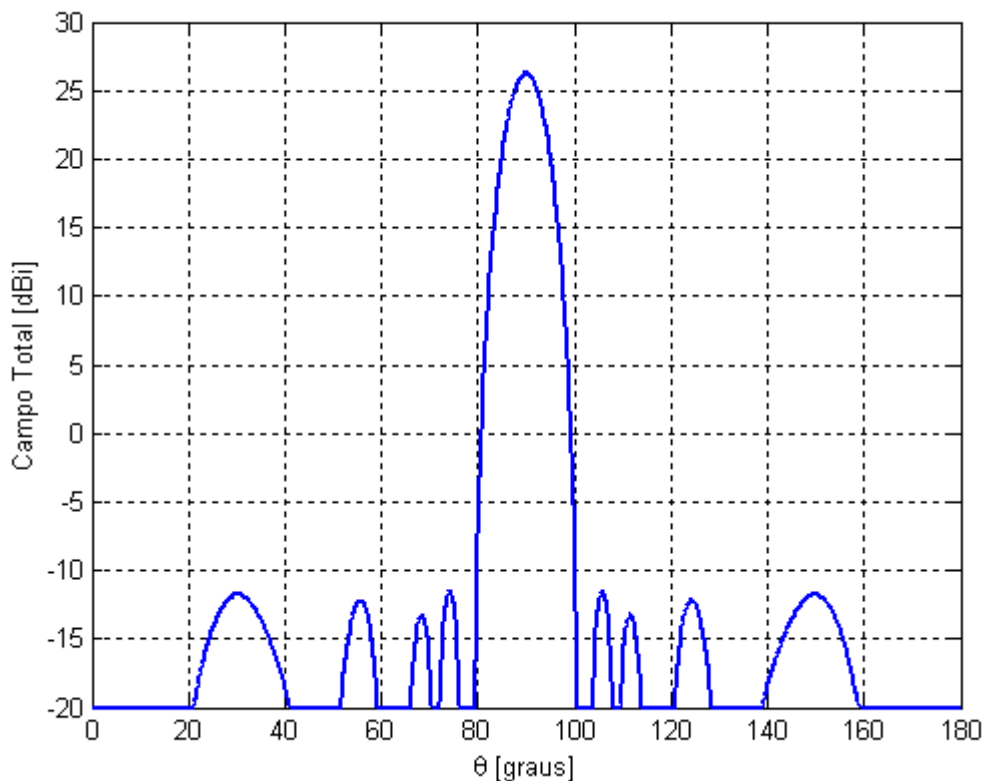


Figura 25 - Diagrama de radiação de um arranjo de fontes isotrópicas otimizado

3.6. RESULTADOS COM ARRANJOS REAIS

Em um arranjo real, os elementos de radiação não são fontes isotrópicas, mas sim, antenas reais, como dipolos ou *loops*. Os casos clássicos de arranjos lineares são computados a partir de antenas isotrópicas e o resultado final é obtido através da introdução das características de radiação da antena que se pretende utilizar. Este é um resultado geral, pois pode ser utilizado para qualquer tipo de antena.

A otimização através dos GAs pode utilizar o mesmo processo para realizar a otimização, ou seja, basear-se em um arranjo de fontes isotrópicas, e posteriormente aplicar as características de radiação da antena escolhida. Em outras palavras, todo o processo de otimização é realizado sobre o fator de arranjo, sem considerar as características de radiação da antena utilizada.

Contudo, há outra maneira de realizar a otimização. Este segundo processo é mais específico e não se encontra descrito na literatura de antenas, sendo uma das contribuições dessa dissertação. Nesse método, as características de radiação da antena já são consideradas dentro do processo de otimização, ou seja, a otimização é processada sobre o campo total de radiação da antena e não somente no fator de arranjo. O resultado tende a ser melhor, embora não seja válido para outro tipo de antena.

No conjunto de resultados apresentados nesta seção, todos os arranjos possuem 40 dipolos infinitesimais espaçados de uma distância $d = \lambda/4$. O ângulo de radiação desejado assume vários valores.

3.6.1. Dipolo Infinitesimal

O dipolo é uma antena linear de comprimento total igual a L . O dipolo infinitesimal é aquele cujas dimensões são extremamente pequenas quando comparado com o comprimento de onda ($L \ll \lambda$). Para fins de formulação, a corrente I_0 ao longo de todo o comprimento L do dipolo é considerada constante.

As expressões para o campo distante são expressas pelas equações (3.10), (3.11) e (3.12) quando o dipolo está posicionado no eixo z simetricamente em

relação à origem, conforme Figura 26. Nesta posição, os campos do dipolo infinitesimal apresentam simetria em relação ao ângulo de azimute ϕ . A diretividade para esta antena é igual a 1,76 dBi.

$$B_o = j \frac{kI_o L e^{-jkr}}{4\pi r} \quad (3.9)$$

$$E_\theta \cong \eta B_o \sin(\theta) \quad (3.10)$$

$$E_r \cong E_\phi \cong H_r \cong H_\theta \cong 0 \quad (3.11)$$

$$H_\phi \cong B_o \sin(\theta) \quad (3.12)$$

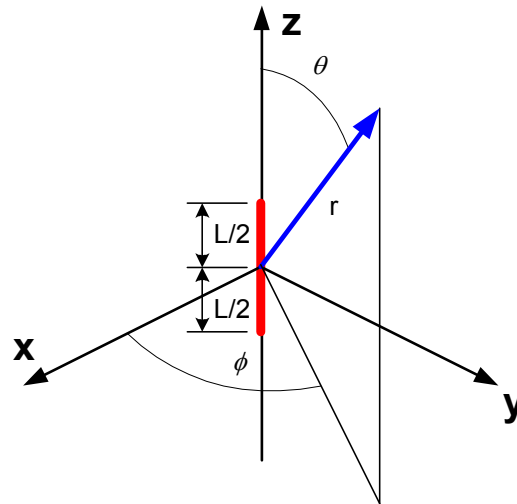


Figura 26 - Dipolo disposto simetricamente no eixo z

Para o dipolo disposto em outra posição, por exemplo, sobre o eixo x, é necessário realizar uma mudança no sistema de coordenadas. Isto implica na mudança do termo $\sin(\theta)$ para $\sqrt{1 - \sin^2(\theta) \cdot \cos^2(\phi)}$ no caso do dipolo no eixo x e para $\sqrt{1 - \sin^2(\theta) \cdot \cos^2(\phi)}$ no caso do dipolo no eixo y. Nota-se que nestas posições o dipolo perde sua simetria em relação ao ângulo de azimute.

3.6.2. Arranjo de Dipolos Otimizado com Direção $\theta_0 = 90^\circ$

As amplitudes de excitação encontradas pelo GA proposto são apresentadas na Tabela 10. A fase progressiva encontrada foi $\beta = 0,08^\circ$. O diagrama de radiação é mostrado na Figura 27. O valor da diretividade obtido foi $D = 28,0$ dBi. A eficiência do algoritmo se repete ao minimizar os lóbulos laterais, atingindo o ótimo valor de $\text{RSLL} = -40,19$ dB.

Tabela 10 - Distribuição das amplitudes para o arranjo de dipolos otimizado

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}
Nível	7	6	7	6	6	6	5	5	4	3	4	3	2	2	2	1	1	1	0	1

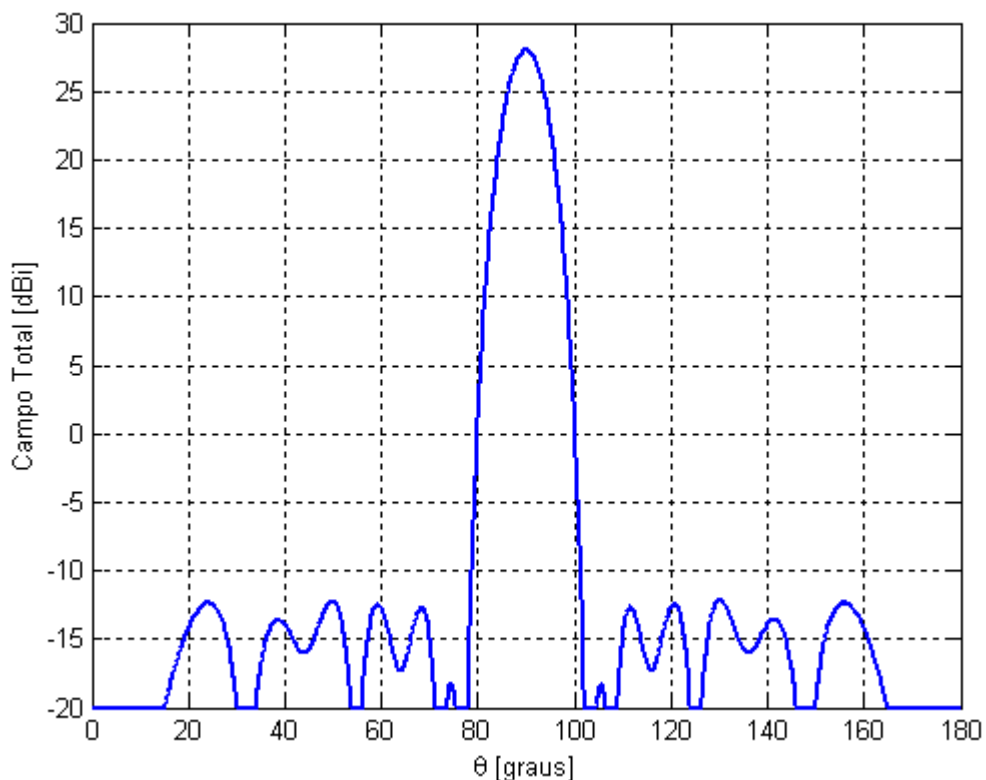


Figura 27 - Diagrama de radiação de um arranjo de dipolos otimizado

Para efeito de comparação, a outra metodologia de otimização é apresentada. Nesse processo, a otimização ocorre sobre o fator de arranjo, cujo resultado foi apresentado na subseção 3.5.5 . Com base nesse resultado, insere-se a característica de radiação do dipolo através da expressão 3.1, obtendo-se o diagrama de radiação da Figura 28. A diretividade obtida é a mesma ($D = 28,0$ dBi) do caso anterior. Contudo, a relação entre lóbulo principal e lateral é menor ($RSLL = -38,11$ dB), evidenciando que o processo de otimização que previamente considera o diagrama de radiação do elemento é melhor do que aquele que simplesmente o considera no final. Infelizmente, somente a segunda metodologia é apresentada na bibliografia, e é a única que possui métodos analíticos desenvolvidos. Devido aos melhores resultados, a primeira metodologia será utilizada nas demais otimizações dessa dissertação, inclusive nos capítulos seguintes.

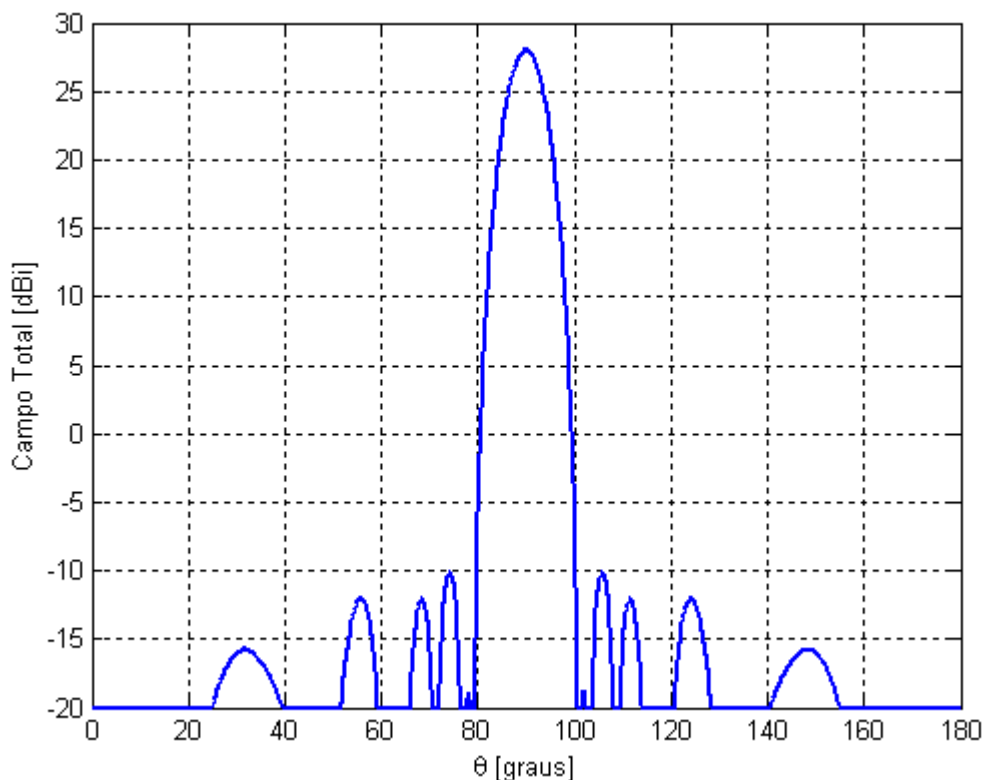


Figura 28 - Diagrama de radiação de um arranjo de dipolos otimizado com base em antenas isotrópicas

3.6.3. Arranjo de Dipolos Otimizado com Direção $\theta_0 = 60^\circ$

Outro importante aspecto em análise dentre as diversas configurações é a mudança do ângulo principal de radiação θ_0 . Para $\theta_0 = 60^\circ$, o arranjo otimizado é exposto no gráfico da Figura 29. A diretividade alcançada foi $D = 26,9$ dBi, enquanto que a relação de lóbulos foi $RSLL = -35,24$ dB.

Devido ao desvio angular, os dipolos não devem ser alimentados em fase, mas sim com uma fase progressiva de $\beta = -22,5^\circ$. Os níveis de amplitude de excitação encontrados estão descritos na Tabela 11.

Tabela 11 - Distribuição das amplitudes para o arranjo de dipolos otimizado

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}
Nível	7	7	7	6	6	6	5	5	4	4	3	3	2	2	2	1	1	1	0	1

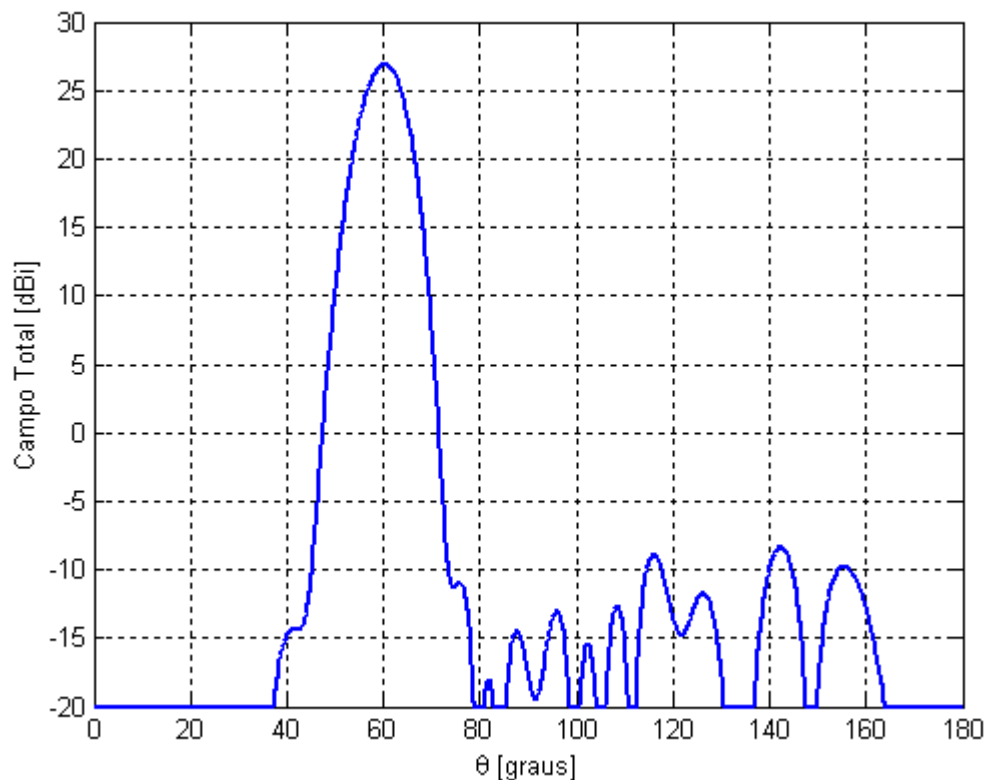


Figura 29 - Diagrama de radiação de um arranjo de dipolos com direção $\theta_0 = 60^\circ$

3.6.4. Arranjo de Dipolos Otimizado com Direção $\theta_0 = 45^\circ$

Com $\theta_0 = 45^\circ$, a fase progressiva β muda para $-31,8^\circ$. Os coeficientes de excitação estão relacionados na Tabela 12, resultando no diagrama de radiação apresentado na Figura 30. Comparado com o caso anterior, a diretividade sofreu uma pequena queda ($D = 25,4$ dBi), enquanto que o valor relativo dos lóbulos laterais subiu abruptamente (RSL = $-31,41$ dB).

Tabela 12 - Distribuição das amplitudes para o arranjo de dipolos otimizado

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}
Nível	7	7	7	7	6	6	5	5	4	4	3	3	3	2	2	1	1	1	0	1

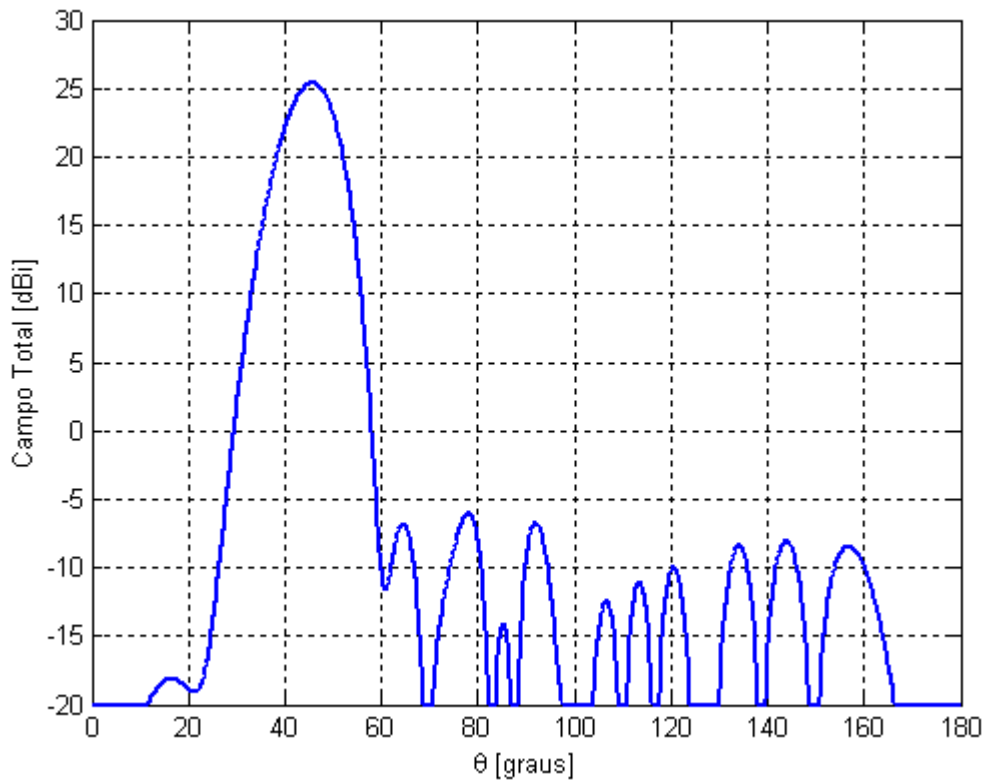


Figura 30 - Diagrama de radiação de um arranjo de dipolos com direção $\theta_0 = 45^\circ$

3.6.5. Arranjo de Dipolos Otimizado com Direção $\theta_0 = 30^\circ$

Finalmente, na última direção de teste ($\theta_0 = 30^\circ$), o valor encontrado para a fase progressiva de excitação foi $\beta = -39,4^\circ$. A Tabela 13 apresenta a distribuição de amplitudes do arranjo de dipolos. Conforme o diagrama de radiação obtido na Figura 31, o ganho obtido foi 22.5 dBi e a relação de lóbulos foi RSL = -26,89 dB.

Com estes últimos resultados, pode-se concluir que à medida que o ângulo direcional se afasta de 90° , tanto o ganho quanto o RSL tendem a piorar, sendo a última grandeza a mais comprometida. Finalmente, em todas as simulações, a meta do ângulo direcional foi alcançada com sucesso.

Tabela 13 - Distribuição das amplitudes para o arranjo de dipolos otimizado

a_n	a_1	a_2	a_3	a_4	a_5	a_6	a_7	a_8	a_9	a_{10}	a_{11}	a_{12}	a_{13}	a_{14}	a_{15}	a_{16}	a_{17}	a_{18}	a_{19}	a_{20}
Nível	7	7	7	6	6	6	5	5	5	4	3	3	3	2	2	1	1	1	0	0

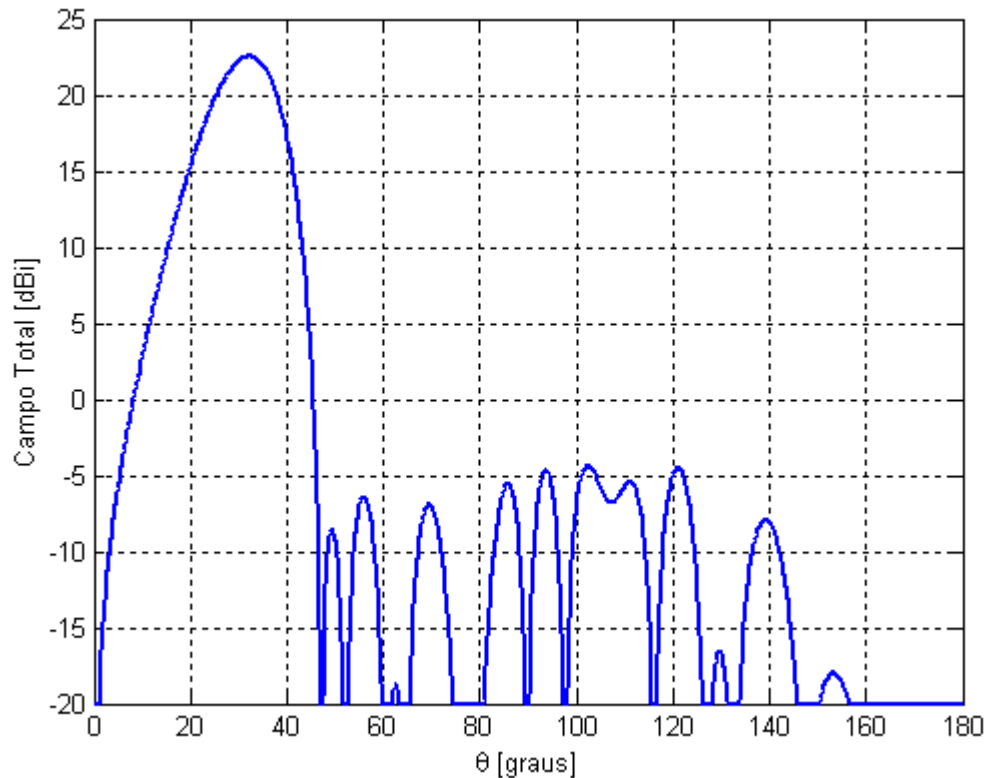


Figura 31 - Diagrama de radiação de um arranjo de dipolos com direção $\theta_0 = 30^\circ$

CAPÍTULO 4

4. ARRANJOS RETANGULARES

Ao dispor-se dos elementos radiadores em uma grade retangular, obtêm-se uma nova configuração de arranjo conhecida como arranjos retangulares ou arranjos planares.

Em comparação com os arranjos lineares, os arranjos retangulares possuem variáveis de controle adicionais que podem ser utilizadas para melhorar o formato de radiação. Desta forma, os arranjos retangulares mostram-se mais versáteis, e podem ser utilizados para posicionar o feixe principal de radiação em qualquer ponto do espaço. Esta é uma característica importante dos arranjos planares: ter a capacidade de posicionar o lóbulo principal em qualquer direção do espaço somente alterando grandezas elétricas, sem necessariamente utilizar dispositivos mecânicos. Além disso, pode-se contar com a alta diretividade que este tipo de arranjo proporciona.

Dentre as principais aplicações dos arranjos planares encontram-se radares, sistemas de varredura, sistemas de navegação aérea e espacial, sonares entre outras.

Na primeira seção, é apresentada a formulação do fator de arranjo para os arranjos planares. A segunda seção aborda a codificação utilizada para as variáveis do problema de otimização. Na terceira seção, é elaborada a função de aptidão. Finalmente, na última seção, são apresentados os resultados obtidos na simulação do algoritmo genético e é realizada uma comparação com o arranjo uniforme.

4.1. FORMULAÇÃO DOS ARRANJOS RETANGULARES

Da mesma forma que os arranjos lineares, o campo total do arranjo planar é a soma vetorial dos campos irradiados pelos elementos individuais. Considerando-se elementos idênticos, este cálculo pode ser executado através do fator de arranjo, ou seja, o campo total do arranjo é igual ao campo de um simples elemento posicionado na origem multiplicado pelo fator de arranjo. Por outro lado, todas as características tridimensionais devem ser consideradas, uma vez que se perde a simetria em relação ao ângulo de azimute ϕ .

Considerando um arranjo retangular disposto no plano xy com simetria em relação aos planos xz e yz . Os elementos isotrópicos formam uma grade com espaçamento uniforme d_x entre os elementos na direção x e com espaçamento uniforme d_y entre os elementos na direção y , conforme Figura 32. Estão dispostos $2M$ elementos ao longo da direção x e $2N$ elementos ao longo da direção y . As amplitudes de excitação a_{mn} são simétricas em relação à origem. A fase de excitação dos elementos é progressiva com incremento β_x e β_y , respectivamente nas direções x e y .

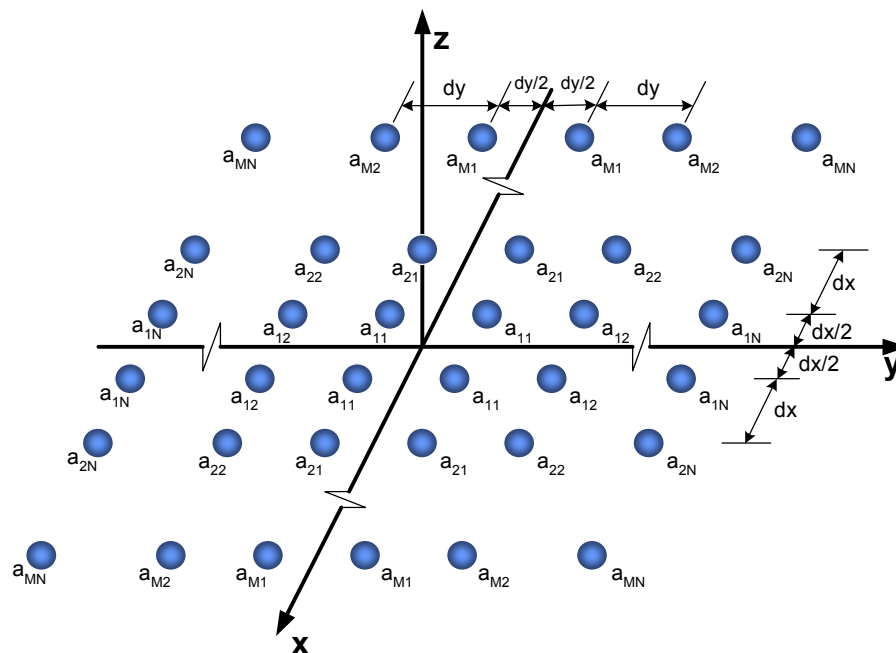


Figura 32 - Geometria de um arranjo retangular no plano xy

O processo de obtenção do fator de arranjo baseia-se no princípio que um arranjo retangular é um arranjo linear no eixo x de arranjos lineares no eixo y. Para observação de campo distante, o fator de arranjo pode ser expresso pela equação (4.1) [22].

$$AF(\theta, \phi) = \sum_{m=1}^M \cos((2 \cdot m - 1) \cdot \varphi_x) \cdot \sum_{n=1}^N a_{m,n} \cos((2 \cdot n - 1) \cdot \varphi_y) \quad (4.1)$$

$$\varphi_x = \frac{\pi \cdot d_x}{\lambda} \cdot \sin(\theta) \cos(\phi) + \beta_x \quad (4.2)$$

$$\varphi_y = \frac{\pi \cdot d_y}{\lambda} \cdot \sin(\theta) \sin(\phi) + \beta_y \quad (4.3)$$

onde :

$a_{m,n}$ é a amplitude do elemento na posição $x = m$ e $y = n$,

M é o número de elementos na direção x,

N é o número de elementos na direção y,

β_x é o ângulo progressivo de excitação de fase na direção x,

β_y é o ângulo progressivo de excitação de fase na direção y,

d_x é o espaçamento entre elementos do arranjo na direção x,

d_y é o espaçamento entre elementos do arranjo na direção y,

θ é o ângulo de elevação,

ϕ é o ângulo de azimute,

λ é o comprimento de onda.

O campo total do arranjo retangular é derivado da expressão (3.1), válida para qualquer tipo de arranjo de elementos idênticos. Assim, o campo total é definido pela equação (4.4).

$$E_{\text{total}}(\theta, \phi) = E_{\text{elemento}}(\theta, \phi) \cdot AF(\theta, \phi) \quad (4.4)$$

4.2. CODIFICAÇÃO DOS CROMOSSOMOS

Similarmente aos arranjos lineares, no arranjo planar as variáveis susceptíveis à otimização são as amplitudes individuais de cada elemento do arranjo, bem como suas fases de excitação.

As amplitudes de excitação também foram codificadas no formato binário utilizando-se três bits, ou seja, cada elemento pode possuir oito níveis de excitação, incluindo o valor nulo.

As duas fases progressivas de excitação β_x e β_y são ângulos de valores reais, pertencentes ao limite fechado $[-180^\circ, 180^\circ]$. Portanto, adotou-se a codificação real para esses genes.

Finalmente, o cromossomo é construído pela disposição ordenada dos genes que o compõe, conforme Figura 33.

a_{11}	a_{12}	...	a_{1N}	a_{21}	a_{22}	...	a_{2N}	a_{M1}	a_{M2}	...	a_{MN}	β_x	β_y
111	111	...	111	111	111	...	111	111	111	...	111	25,3°	21,5°

Figura 33 - Cromossomo para arranjos planares

4.3. FUNÇÃO DE APTIDÃO PARA ARRANJOS RETANGULARES

O objetivo é maximizar a relação RSL, obtendo uma configuração que apresente o menor lóbulo secundário relativo ao lóbulo principal. Além disso, a característica de correta direcionalidade é crucial.

Devido às características tridimensionais de radiação, duas métricas foram criadas para ponderar o deslocamento entre a direção real de radiação e a direção desejada, exemplificadas na Figura 34. A primeira métrica avalia o deslocamento do ângulo de elevação θ e é expressa pela equação (4.5). A segunda métrica avalia o deslocamento do ângulo de azimute ϕ e é expressa pela equação (4.6). Tanto o valor do fator de dilatação k_θ quanto o valor de dilatação k_ϕ foram definidos iguais a 0.03, baseado no fato de que resultados satisfatórios foram obtidos nas simulações anteriores.

$$DA_{\theta} = \frac{1}{1 + k_{\theta}(\theta_r - \theta_o)^2} \quad (4.5)$$

onde:

DA_{θ} é a métrica para desvio angular do ângulo de elevação θ ,

θ_r é o ângulo de elevação real do lóbulo principal,

θ_o é o ângulo de elevação desejado para o lóbulo principal,

k_{θ} é o fator de dilatação do ângulo de elevação.

$$DA_{\phi} = \frac{1}{1 + k_{\phi}(\phi_r - \phi_o)^2} \quad (4.6)$$

onde:

DA_{ϕ} é a métrica para desvio angular do ângulo de elevação θ ,

ϕ_r é o ângulo de azimute real do lóbulo principal,

ϕ_o é o ângulo de azimute desejado para o lóbulo principal,

k_{ϕ} é o fator de dilatação do ângulo de azimute.

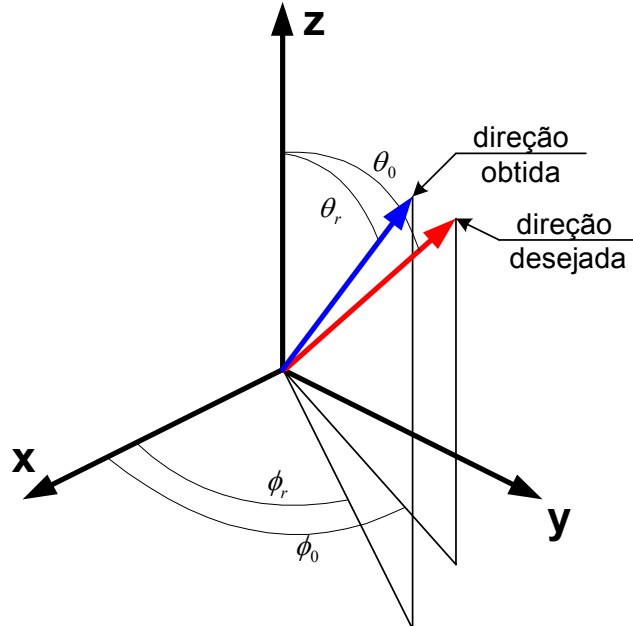


Figura 34 - Ângulos utilizados para cálculo da função de aptidão

De modo similar aos arranjos lineares, a métrica responsável pela minimização dos lóbulos laterais é definida como a razão A_p / A_s . O termo A_p representa a amplitude do lóbulo principal e o termo A_s representa a amplitude do maior lóbulo secundário e são definidos respectivamente pela equação (4.7) e equação (4.8).

$$A_p = \text{Max}\{ |E_{\text{total}}(\theta, \phi)| \} \quad \forall \quad \theta \in [0, 180^\circ], \phi \in [0, 360^\circ] \quad (4.7)$$

$$A_s = \text{Max}\{ |E_{\text{total}}(\theta, \phi)| \} \quad \forall \quad \theta, \phi \notin \{ \text{lóbulo principal} \} \quad (4.8)$$

Os pontos de máximo do lóbulo principal e dos lóbulos laterais são encontrados a partir do campo total. Apesar de conceitualmente o RSLI ser o mesmo em relação aos arranjos lineares, uma mudança bastante significativa é a alteração do espaço de busca bidimensional para tridimensional, o que implica em uma nova implementação do algoritmo de busca. Na Figura 35, é apresentado um exemplo de diagrama de radiação tridimensional de um arranjo planar com $M = 3$, $N = 3$, $d = \lambda/2$, $\beta_x = 0$, $\beta_y = 0$ e fontes isotrópicas uniformes, ou seja, $a_{mn} = 1$ com $m = 1, 2, 3$ e $n = 1, 2, 3$.

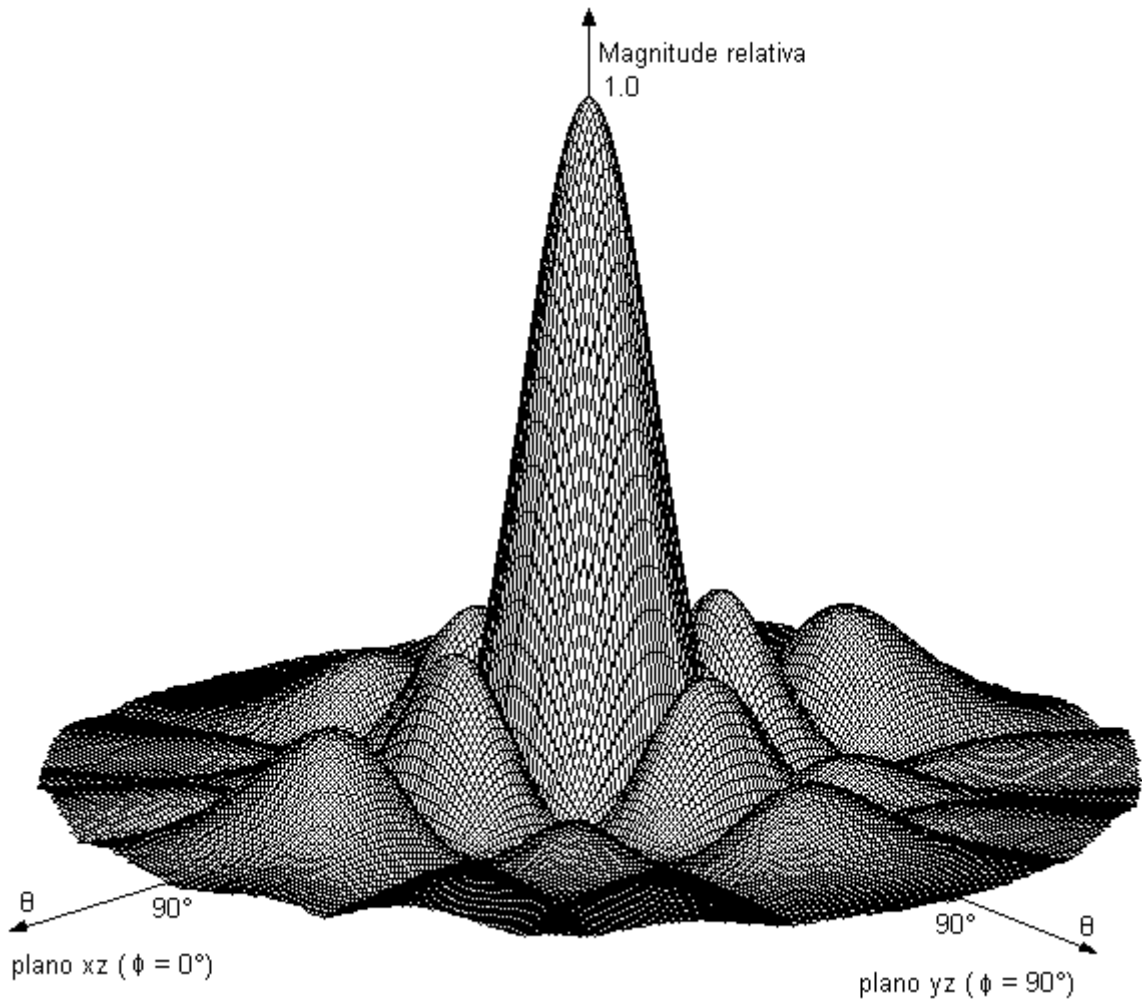


Figura 35 - Diagrama tridimensional de um arranjo retangular no plano xy

Para esclarecer o processo de busca do lóbulo principal e lóbulo lateral, o mesmo diagrama é representado através de curvas de níveis na Figura 36, ou seja, uma visão superior do diagrama. Através da varredura dos ângulos de azimute e elevação, o ponto de máximo é facilmente obtido, definindo-se assim a amplitude do lóbulo principal e os parâmetros θ_r e ϕ_r .

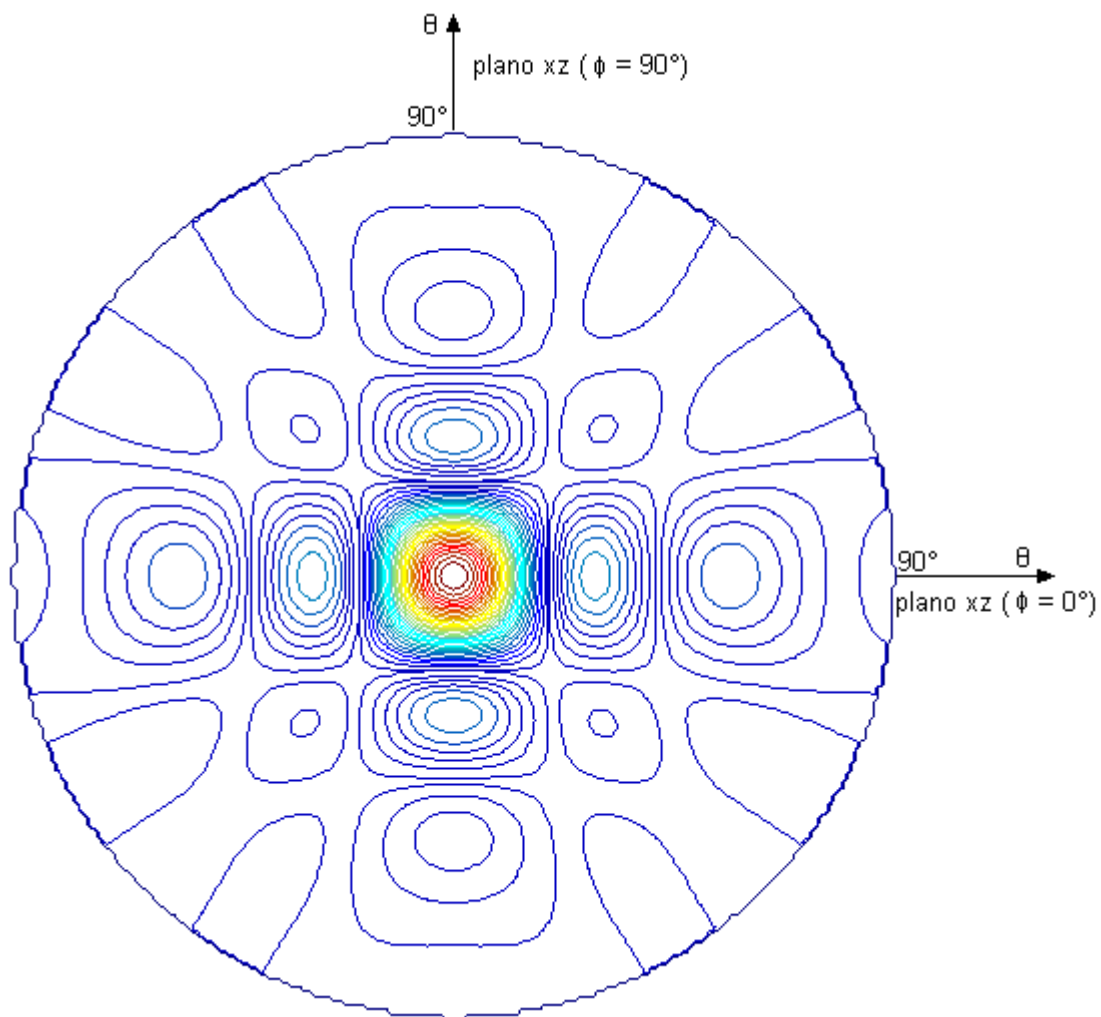


Figura 36 - Diagrama em curvas de nível de um arranjo retangular no plano xy

Com a intenção de encontrar o máximo dos lóbulos secundários, a região do lóbulo principal é eliminada do espaço de busca e uma nova varredura é realizada. Nesta dissertação, criou-se um processo específico para determinação da região do lóbulo principal.

Em vez de utilizar a derivada, os limites do lóbulo principal são determinados pela análise do gradiente do campo total. Parte-se do ponto de máximo e caminha-se em uma direção determinada, até quando o gradiente torna-se positivo e a função passa a ser crescente naquela direção. Este ponto é registrado e posteriormente será utilizado como vértice do polígono inscrito nos limites do lóbulo principal. O processo repete-se para direções distintas até que o número de pontos encontrados seja necessário para caracterizar o polígono.

Este processo de determinação da região do lóbulo principal é seqüencialmente demonstrado na Figura 37. Quanto mais direções forem tomadas, maior o número de vértices do polígono e, portanto, melhor a caracterização da região do lóbulo principal. Neste trabalho, verificou-se que 16 direções são satisfatórias.

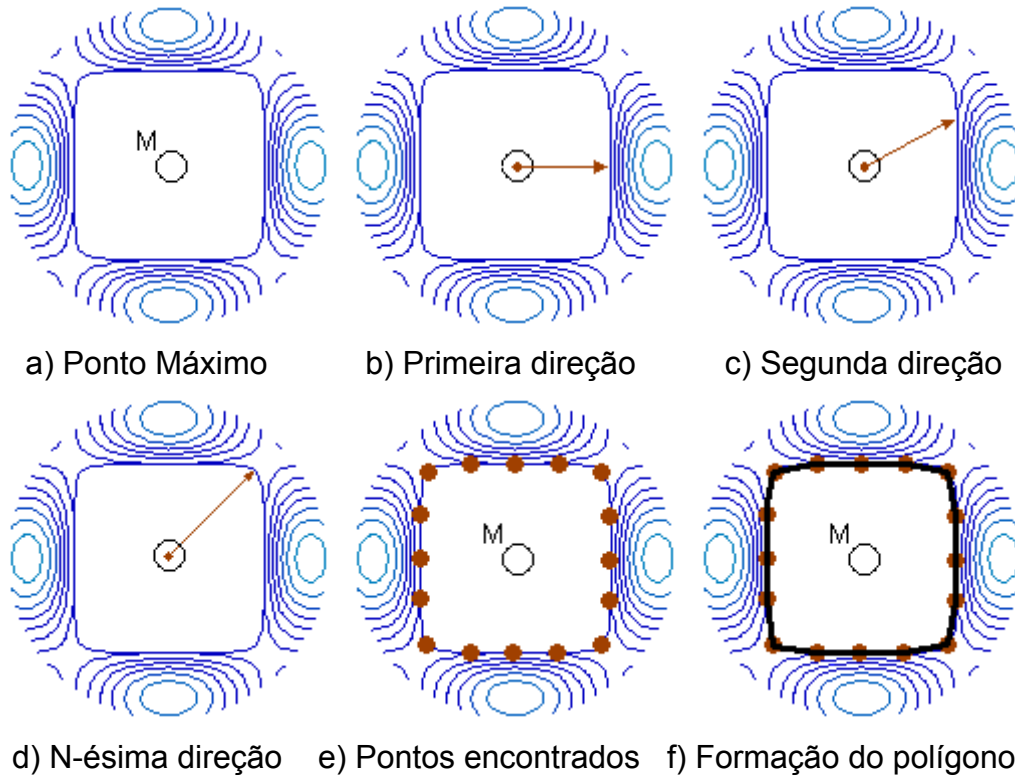


Figura 37 - Processo utilizado para demarcar a região do lóbulo principal

Finalmente, a função de aptidão para otimização dos arranjos planares é estabelecida pela multiplicação de todas as métricas, obtendo-se a equação (4.9).

$$\text{Aptidão} = \frac{A_p}{A_s} \times \frac{1}{1 + k_\theta (\theta_r - \theta_o)^2} \times \frac{1}{1 + k_\phi (\phi_r - \phi_o)^2} \quad (4.9)$$

4.4. RESULTADOS

Os parâmetros do GA utilizado para a otimização dos arranjos retangulares são baseados nos casos analisados no Capítulo 3. Assim sendo, foi empregado um GA do tipo RGA com uma população inicial de 80 indivíduos, cruzamento uniforme e método de seleção do tipo torneio binário.

O objeto de otimização é um arranjo retangular de dipolos infinitesimais, com 12 elementos na direção x ($M = 6$) espaçados de uma distância $d_x = \lambda/2$ e também com 12 elementos na direção y ($N = 6$) espaçados de uma distância $d_y = \lambda/2$. Para o primeiro teste, os ângulos de radiação escolhidos foram $\phi_0 = 0^\circ$ e $\theta_0 = 0^\circ$.

Após 2485 gerações, o algoritmo atingiu o critério de convergência estipulado na subseção 3.4.5. Os níveis de amplitudes encontrados pelo algoritmo estão descritos na Tabela 14. Os valores encontrados para as fases progressivas de excitação foram $\beta_x = 0,1^\circ$ e $\beta_y = 0,08^\circ$. O valor do ganho obtido foi $D = 39,44$ dBi e a relação de lóbulos foi $RSL = -25,69$ dB.

Tabela 14 - Níveis de amplitude A_{mn} aplicados aos dipolos do arranjo planar

m \ n	1	2	3	4	5	6
1	7	6	5	7	3	4
2	7	7	5	6	3	2
3	7	7	3	4	3	2
4	3	5	7	1	2	2
5	4	4	2	1	2	1
6	3	3	0	4	0	2

A Figura 38 mostra o diagrama de radiação tridimensional normalizado para o arranjo planar otimizado. Para fins de melhor visualização, na Figura 39 o mesmo diagrama sob o ponto de vista superior é apresentado, assumindo a forma de curvas de nível, de tal maneira que a posição dos lóbulos laterais seja facilmente identificada.

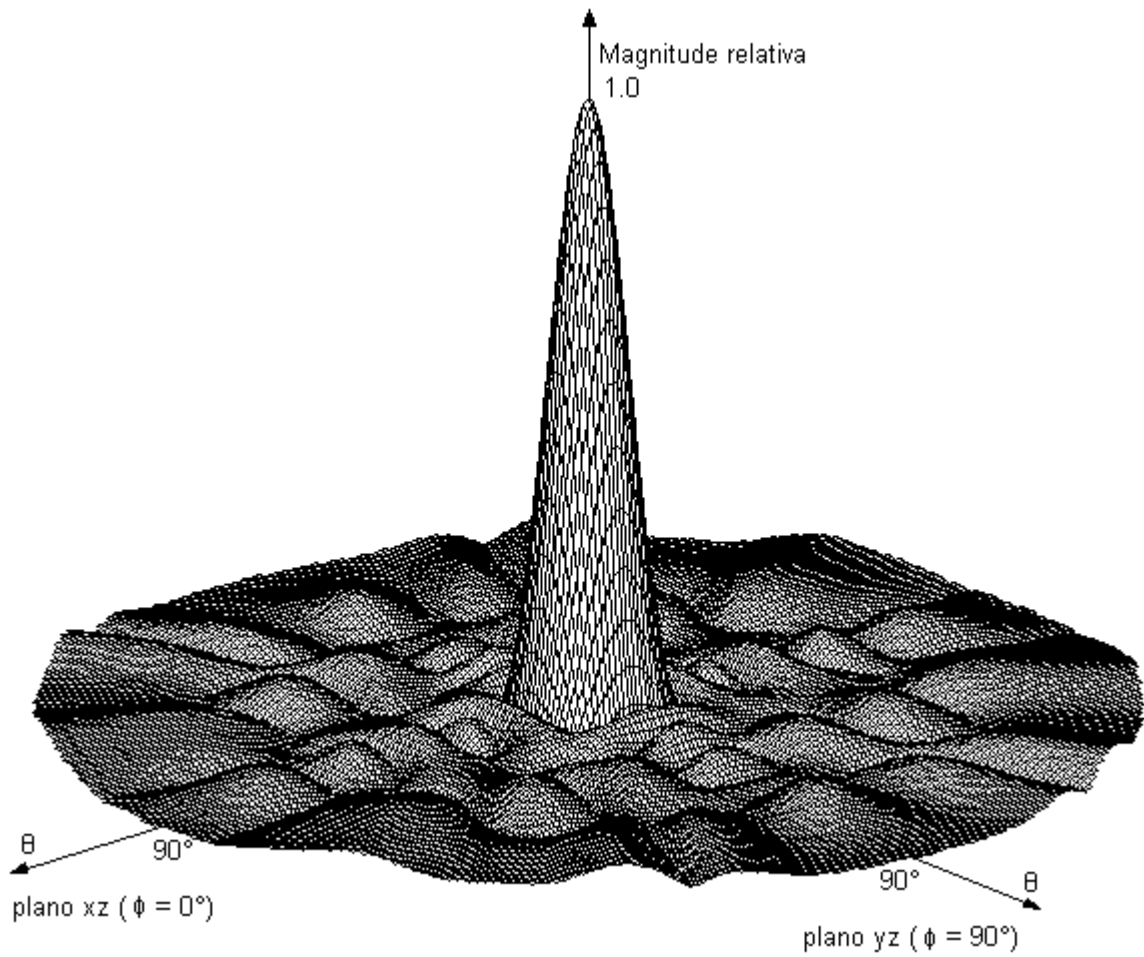


Figura 38 - Diagrama tridimensional do arranjo retangular otimizado

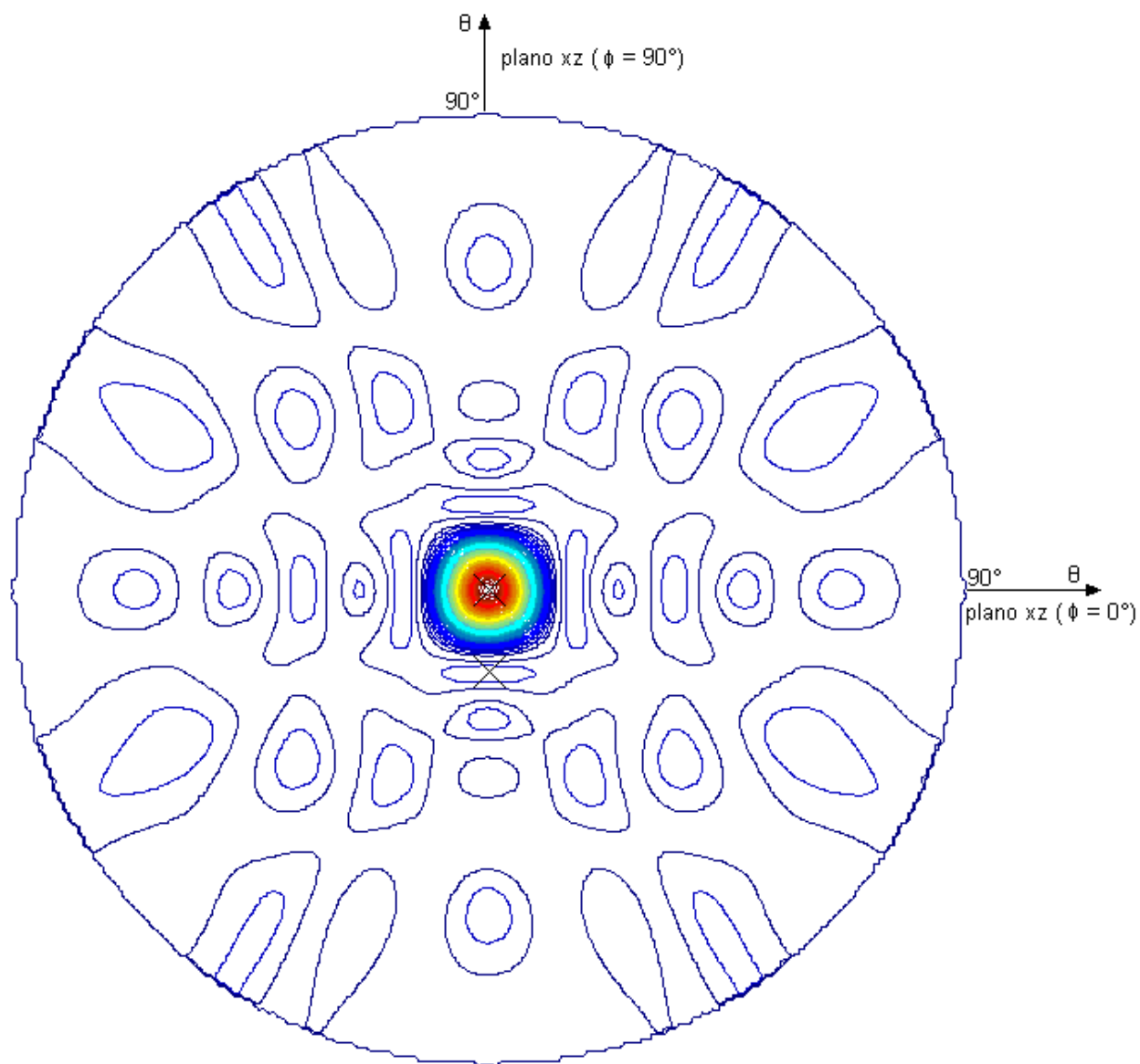


Figura 39 - Diagrama em curvas de nível do arranjo retangular otimizado

Para ressaltar as características diretivas, o diagrama é novamente exibido na Figura 40, agora em coordenadas cartesianas. A escala logarítmica foi utilizada com o objetivo de enfatizar os lóbulos laterais.

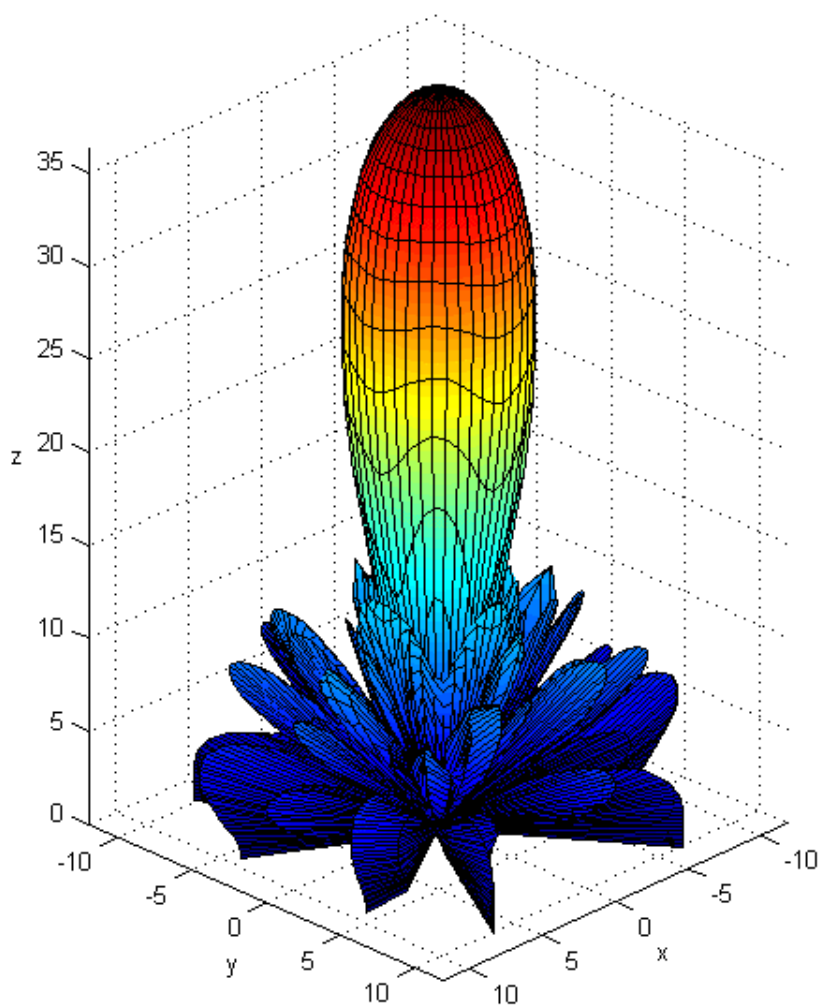


Figura 40 - Diagrama tridimensional em coordenadas cartesianas do arranjo otimizado

Para efeitos de comparação, é apresentado o arranjo retangular uniforme de dipolos infinitesimais, com as mesmas especificações, ou seja, com 12 elementos na direção x ($M = 6$) espaçados de uma distância $d_x = \lambda/2$ e com 12 elementos na direção y ($N = 6$) espaçados de uma distância $d_y = \lambda/2$ e ângulos de radiação $\phi_0 = 0^\circ$ e $\theta_0 = 0^\circ$.

A Tabela 15 descreve os níveis de amplitude de excitação dos dipolos. Os valores para as fases progressivas de excitação são $\beta_x = 0^\circ$ e $\beta_y = 0^\circ$.

O valor do ganho é maior ($D = 44,9$ dBi). Por outro lado, a relação entre o lóbulo principal e secundário é muito pior ($R_{SLL} = -13,06$ dB). Conforme esperado, o resultado se repete em relação aos arranjos lineares.

Tabela 15 - Níveis de amplitude A_{mn} aplicados aos dipolos do arranjo planar uniforme

$m \backslash n$	1	2	3	4	5	6
1	7	7	7	7	7	7
2	7	7	7	7	7	7
3	7	7	7	7	7	7
4	7	7	7	7	7	7
5	7	7	7	7	7	7
6	7	7	7	7	7	7

O diagrama de radiação tridimensional normalizado para o arranjo planar uniforme é apresentado na Figura 41, onde os lóbulos laterais são facilmente identificáveis. Os lóbulos com amplitudes mais significativas se encontram nos planos xz e yz.

A fim de mostrar as características diretivas, o diagrama em coordenadas cartesianas em escala logarítmica é apresentado na Figura 42.

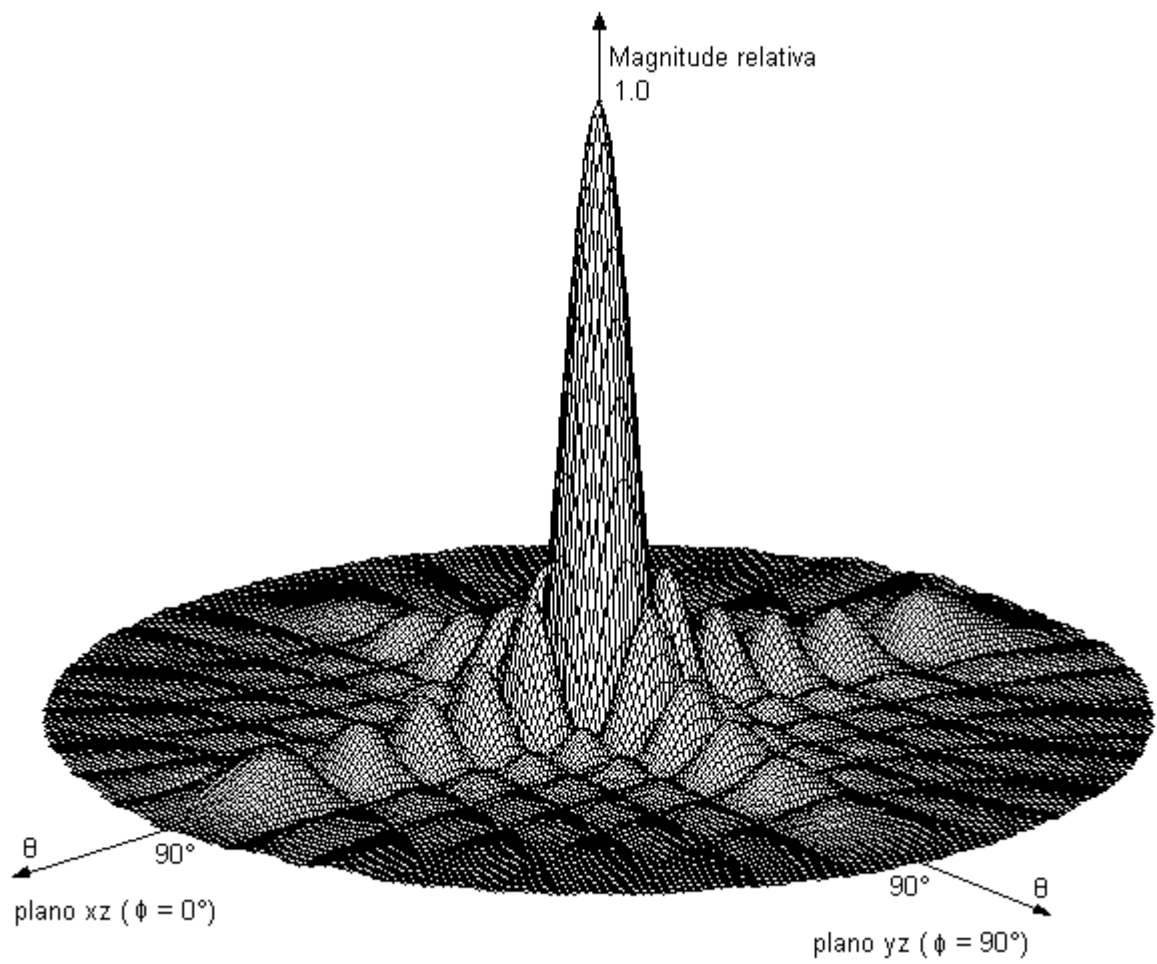


Figura 41 - Diagrama tridimensional do arranjo retangular uniforme

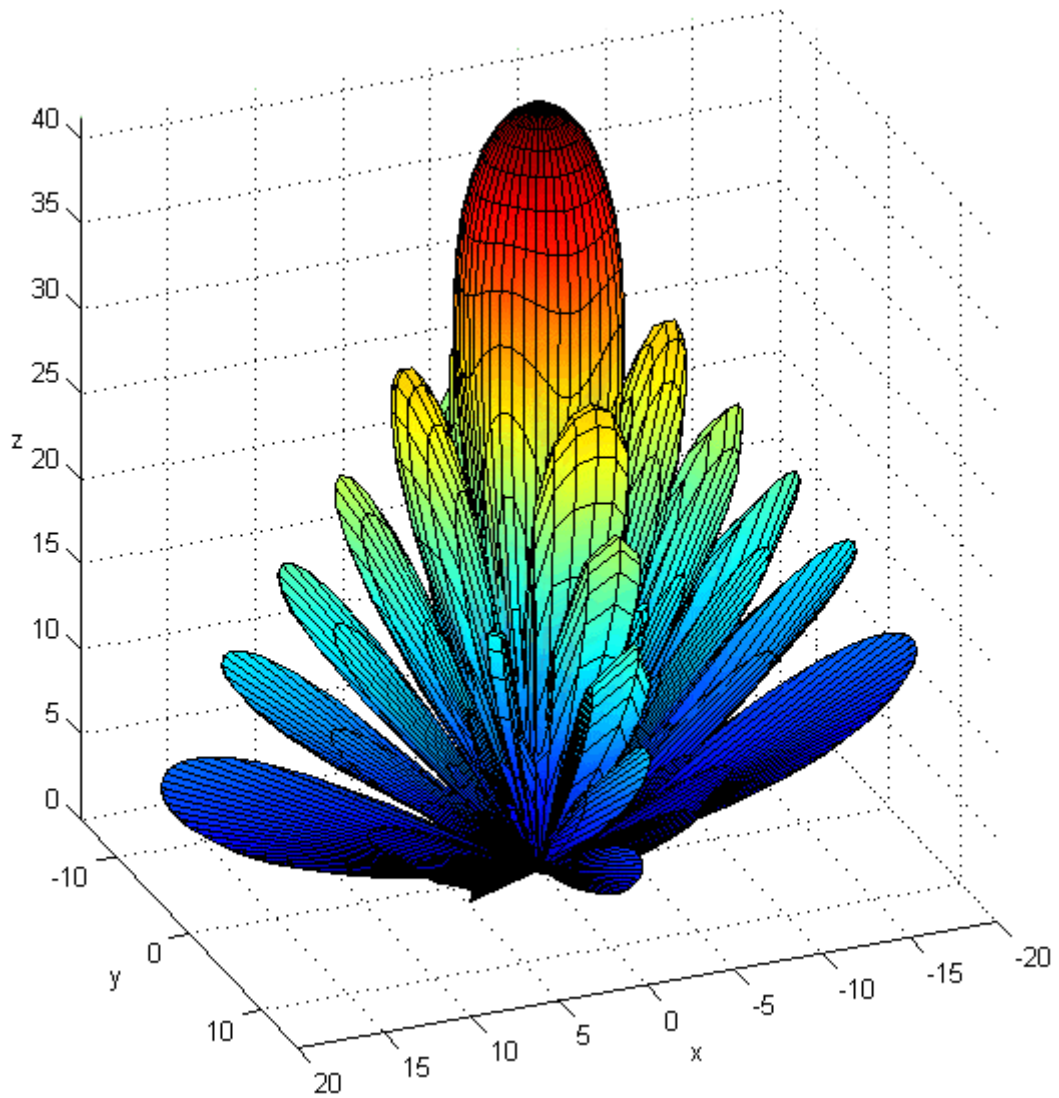


Figura 42 - Diagrama tridimensional em coordenadas cartesianas do arranjo uniforme para magnitudes em dBi

Finalmente, outra configuração que traz relevância para a análise é a mudança da direção principal de radiação determinada pelos ângulos θ_0 e ϕ_0 . O arranjo simulado possui 12 elementos na direção x ($M = 6$) espaçados de uma distância $d_x = \lambda/2$ e com 12 elementos na direção y ($N = 6$) espaçados de uma distância $d_y = \lambda/2$. Os ângulos escolhidos para a direção de radiação são

O critério de convergência foi alcançado com 3172 gerações. A distribuição das amplitudes é apresentada na Tabela 16. Devido ao desvio angular, os dipolos deixam de ser alimentados em fase e passam a ter uma fase progressiva de $\beta_x = -42,3^\circ$ na direção x e uma fase progressiva de $\beta_y = -15,4^\circ$ na direção y.

Tabela 16 - Níveis de amplitude A_{mn} aplicados aos dipolos do arranjo planar

$m \backslash n$	1	2	3	4	5	6
1	7	7	7	7	3	2
2	7	7	4	6	3	3
3	7	7	4	4	2	2
4	5	6	4	1	3	0
5	3	2	5	1	1	2
6	4	2	1	2	1	0

A diretividade alcançada foi $D = 39,2$ dBi, enquanto que a relação de lóbulos foi $R_{SL} = -26,4$ dB. O diagrama de radiação tridimensional do arranjo otimizado é exposto na Figura 43. Novamente, apresenta-se o complemento de informação através do gráfico em curvas de nível na Figura 44. Nota-se o deslocamento do lóbulo principal para a direção desejada. Além disso, há a perda total da simetria em termos da posição dos lóbulos laterais que havia no caso anterior.

A Figura 45 apresenta o diagrama tridimensional em coordenadas cartesianas com escala logarítmica ressaltando as características diretivas.

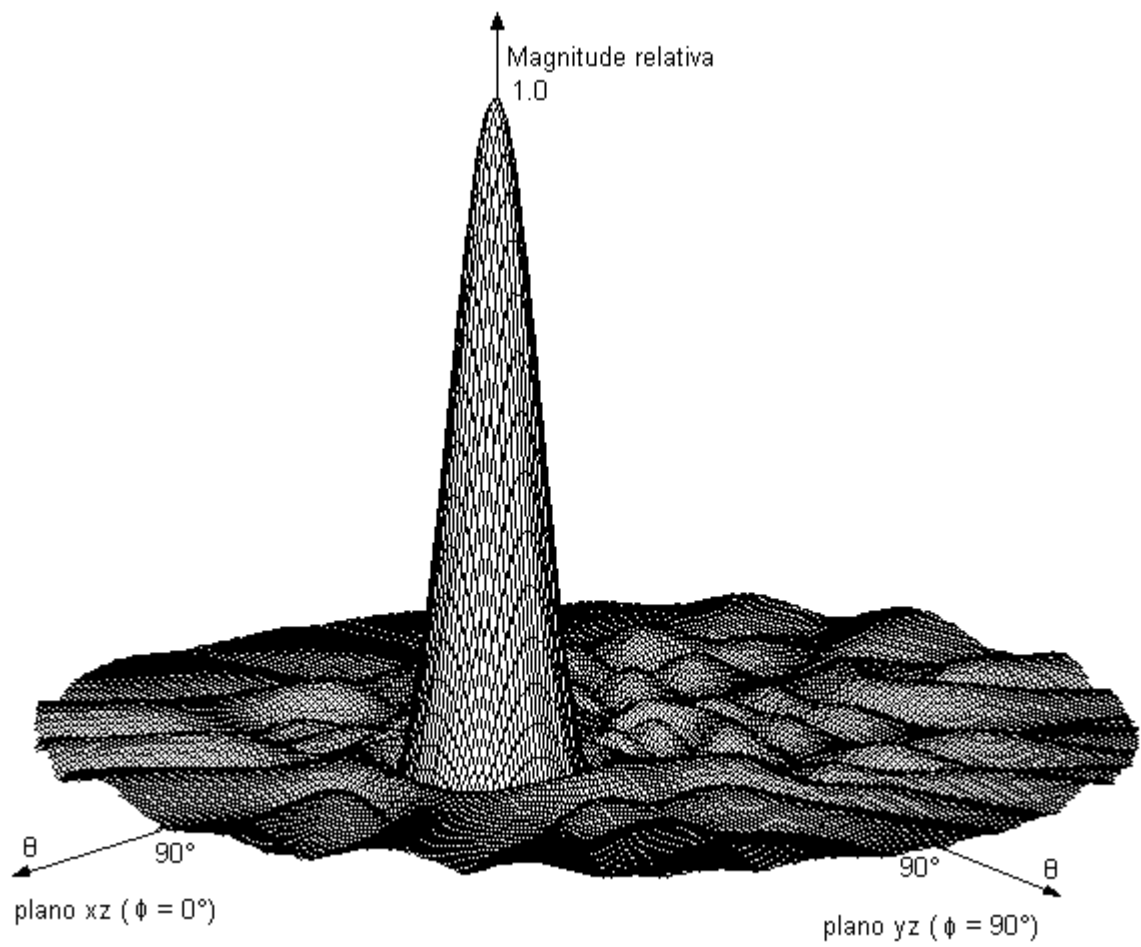


Figura 43 - Diagrama tridimensional do arranjo retangular otimizado

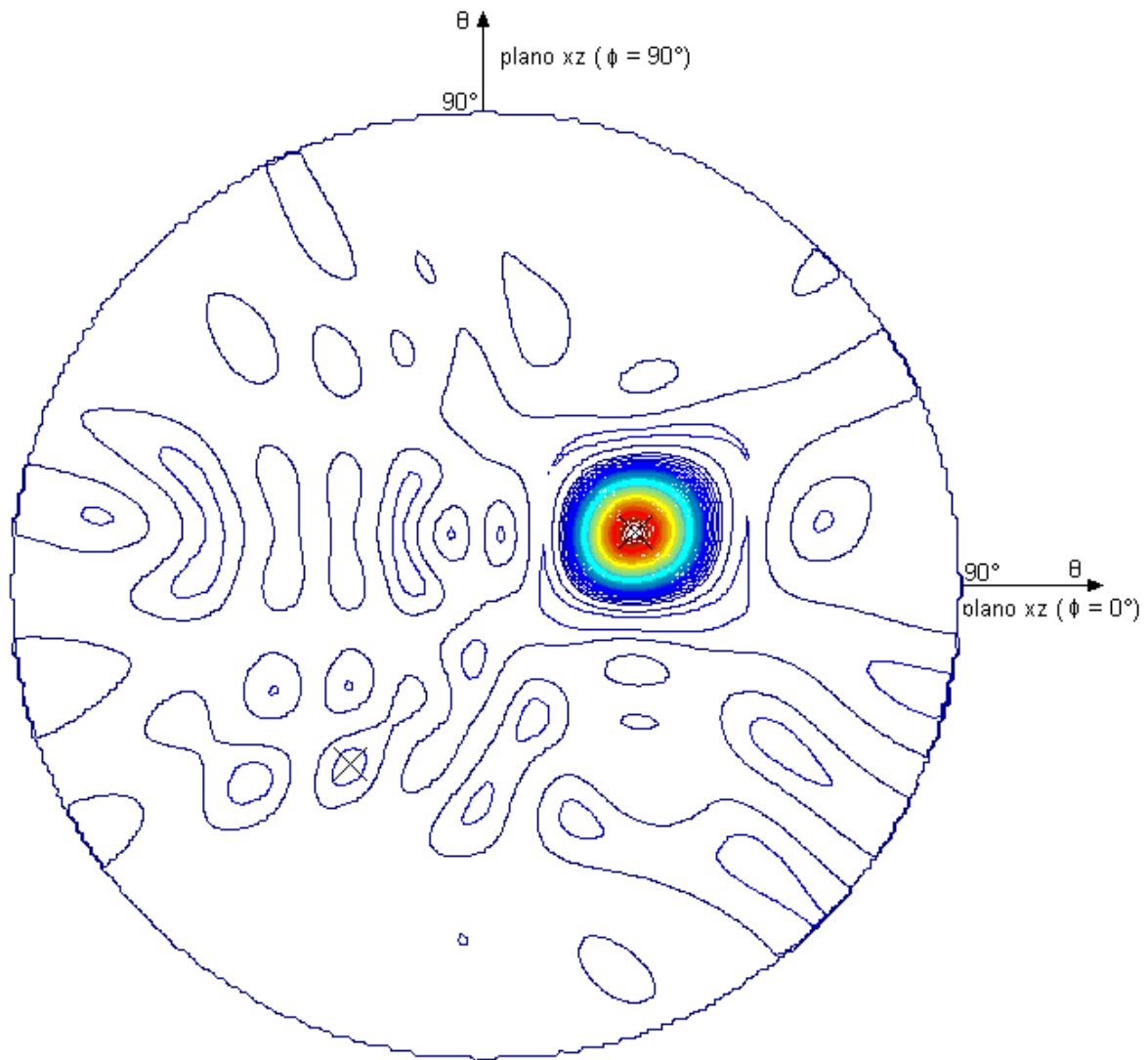


Figura 44 - Diagrama em curvas de nível do arranjo retangular otimizado

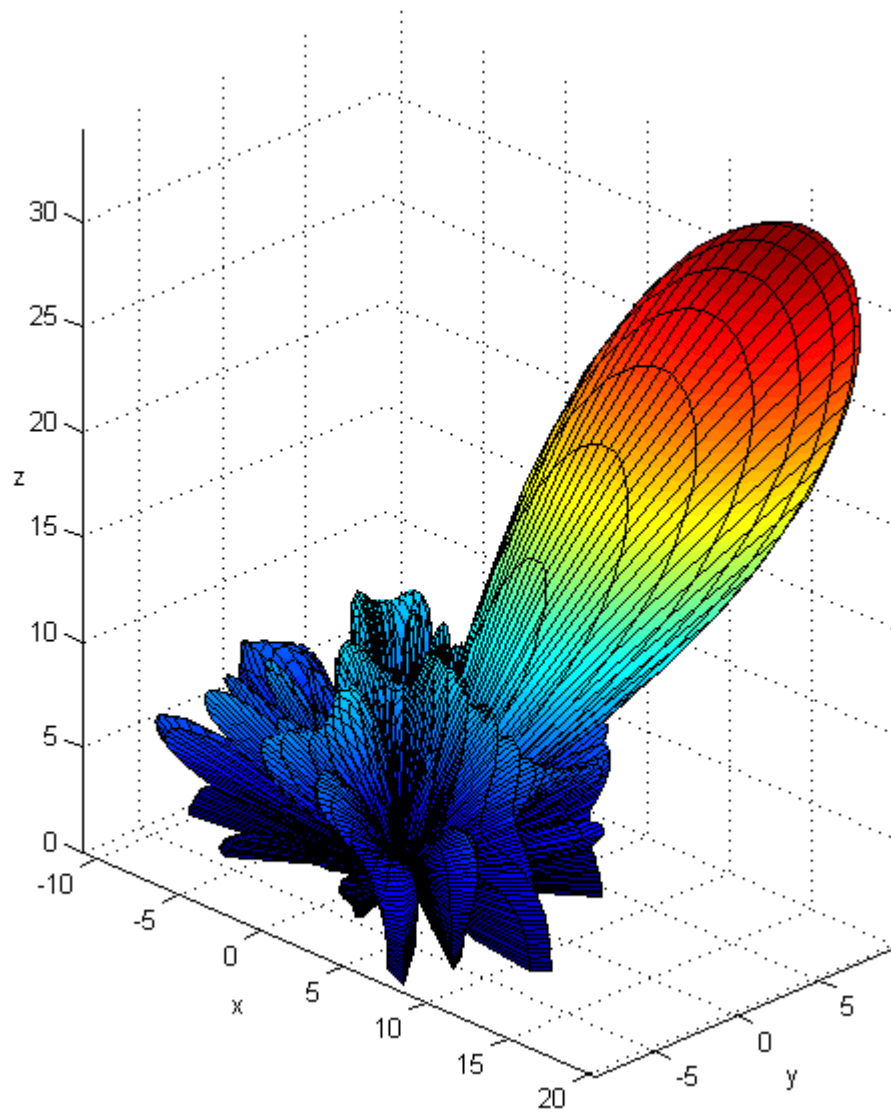


Figura 45 - Diagrama tridimensional em coordenadas cartesianas do arranjo otimizado para magnitudes em dBi

CAPÍTULO 5

5. ARRANJOS CIRCULARES

Os arranjos circulares apresentam muitos méritos em aplicações práticas. As principais aplicações encontram-se em sistemas de navegação aérea e espacial, radares, sonares entre outros.

Neste capítulo, será abordado um caso mais prático de otimização. Uma antena comercial será utilizada como modelo. Essa antena é um conjunto de arranjos circulares de antenas helicoidais que possuem ajuste de amplitude pela variação da altura da hélice. Ela opera como um receptor para sinais de satélite com frequências na faixa de 12 GHz.

Na primeira seção, é abordada a formulação do fator de arranjo para os arranjos circulares. Além disso, é realizada uma pequena revisão sobre as antenas helicoidais. A formulação é então aplicada ao caso da antena comercial. Na segunda seção, aprofunda-se na codificação utilizada para as variáveis do problema de otimização. Na terceira seção, apresenta-se a definição da função de aptidão. Finalmente, na última seção, é apresentado o resultado obtido na simulação do algoritmo genético.

5.1. FORMULAÇÃO DOS ARRANJOS CIRCULARES

No arranjo circular mostrado na Figura 46, N elementos são colocados de forma eqüidistante ao longo de um anel circular de raio a contido no plano xy.

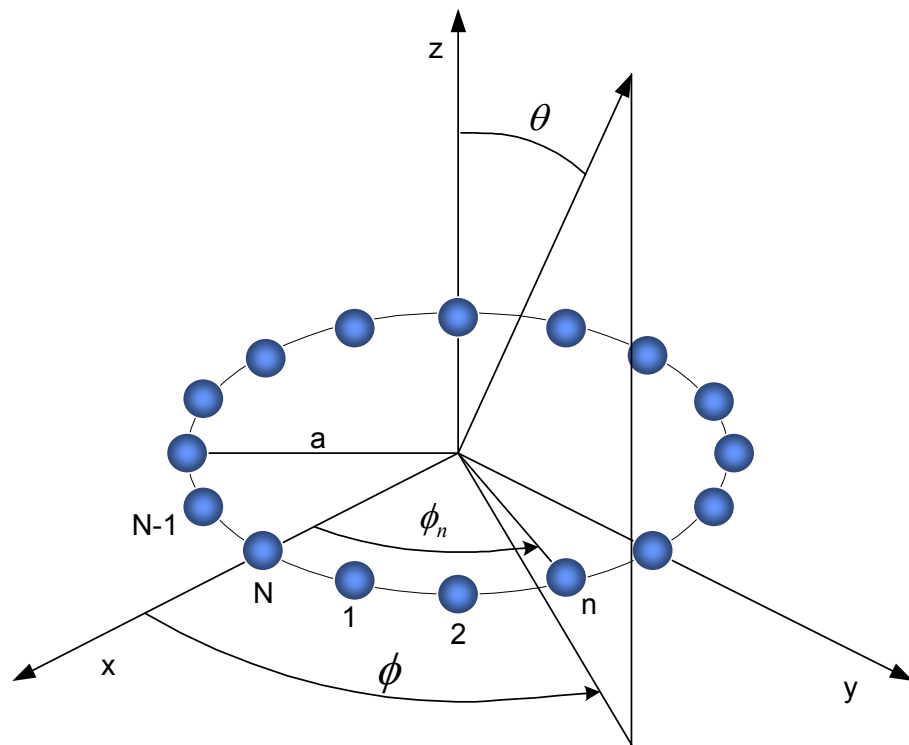


Figura 46 - Geometria de um arranjo circular

Quando são considerados elementos idênticos, novamente a teoria dos arranjos é utilizada para determinar o campo total irradiado pela antena. Para a configuração apresentada, o fator de arranjo é expresso pela equação (5.1) [22].

$$AF(\theta, \phi) = \sum_{n=1}^N I_n e^{j[k \cdot a \cdot \sin(\theta) \cdot \cos(\phi - \phi_n) + \beta_n]} \quad (5.1)$$

onde:

I_n é a magnitude de excitação do n-ésimo elemento,

β_n é a fase de excitação do n-ésimo elemento,

ϕ_n é a posição angular do n-ésimo elemento,

a é o raio do anel circular.

A geometria da antena comercial em estudo é apresentada na Figura 47. A estrutura desta antena é mais complexa do que o arranjo da Figura 46, contudo ela pode ser decomposta em seis arranjos circulares concêntricos, cada qual com seu raio e número de elementos. Na Tabela 17, são apresentados os raios destes arranjos bem como o número de elementos.

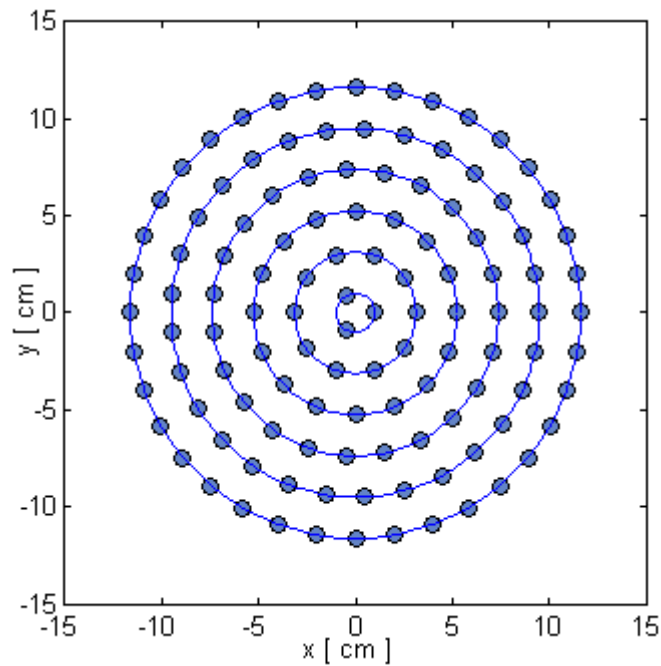


Figura 47 - Configuração dos elementos na antena em análise

Tabela 17 - Dados construtivos da antena

Arranjo	Diâmetro [cm]	Elementos
1	2,0	3
2	6,3	10
3	10,5	16
4	14,8	23
5	19,0	29
6	23,3	36

A expressão que modela o fator de arranjo do conjunto final constitui um somatório de todos os seis fatores de arranjos individuais. Devido ao fato da antena ser alimentada pelo centro, implica que as fases de excitação são idênticas para os elementos que se encontram no mesmo raio. Desta forma, pode-se simplificar a

expressão retirando o termo β_n do somatório em n . Por uma questão de simetria, adotou-se magnitudes I_n idênticas para um mesmo raio, implicando na mesma simplificação. Após todas as considerações, a equação (5.2) representa o fator de arranjo final para a antena.

$$AF(\theta, \phi) = \sum_{m=1}^6 I_m e^{j\beta_m} \sum_{n=1}^{N(m)} e^{j[k \cdot a(m) \cdot \sin(\theta) \cdot \cos(\phi - \phi_n)]} \quad (5.2)$$

O dois termos $N(m)$ e $a(m)$ que representam respectivamente o número de elementos e o raio, passam a ser função do número do arranjo m . O valor destas funções são mapeadas pela Tabela 17.

Os elementos individuais são compostos por antenas helicoidais. A antena helicoidal é constituída por um condutor em forma de hélice circular com Q espiras de diâmetro D espaçadas por uma distância S , conforme a Figura 48.

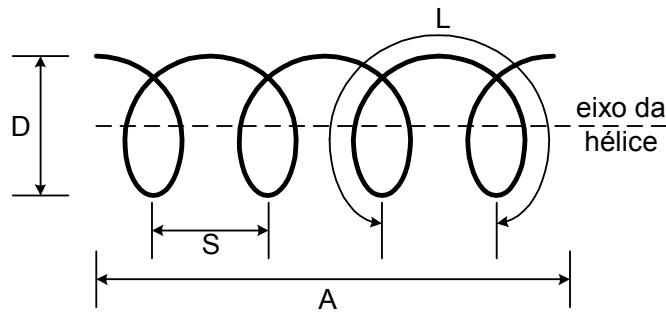


Figura 48 - Hélice e dimensões associadas

Se uma espira da hélice circular for desenrolada sobre um plano, a relação entre o espaçamento S , a circunferência C , o comprimento da espira L e o ângulo de passo α é dada pelo triângulo da Figura 49.

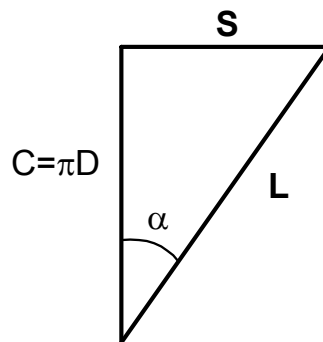


Figura 49 - Relação entre circunferência, espaçamento, comprimento da espira e ângulo de passo de uma hélice

Existem dois modos principais de radiação para a antena helicoidal: o modo normal e o modo axial. As dimensões da antena determinam qual o modo de radiação. Quando a hélice é muito curta ($Q.L \ll \lambda$), a radiação ocorre no modo normal e quando a circunferência da hélice for da ordem de um comprimento de onda ($3/4 < C/\lambda < 3/4$) a radiação ocorre no modo axial.

A maioria das antenas helicoidais é projetada para operar no modo axial, principalmente devido à característica de alta diretividade. Para este modo, o comportamento do campo distante é modelado pelas equações (5.3) e (5.4) quando o eixo da hélice coincide com o eixo z. A diretividade depende diretamente do número de espiras e é expressa pela equação (5.5) [23].

$$E = \sin\left(\frac{90^\circ}{n}\right) \frac{\sin(n\varphi/2)}{\sin(\varphi/2)} \cos(\theta) \quad (5.3)$$

$$\varphi = 360^\circ \left[\frac{S}{\lambda} (1 - \cos \theta) + \frac{1}{2n} \right] \quad (5.4)$$

$$D = 15Q \left(\frac{C}{\lambda} \right)^2 \frac{S}{\lambda} \quad (5.5)$$

Para a simulação do arranjo circular, utilizou-se uma antena helicoidal de quatro espiras ($n = 4$), com circunferência de igual valor ao comprimento de onda ($C = \lambda$) e ângulo de avanço $\alpha = 12^\circ$. O diagrama de radiação da referida antena helicoidal é apresentado na Figura 50.

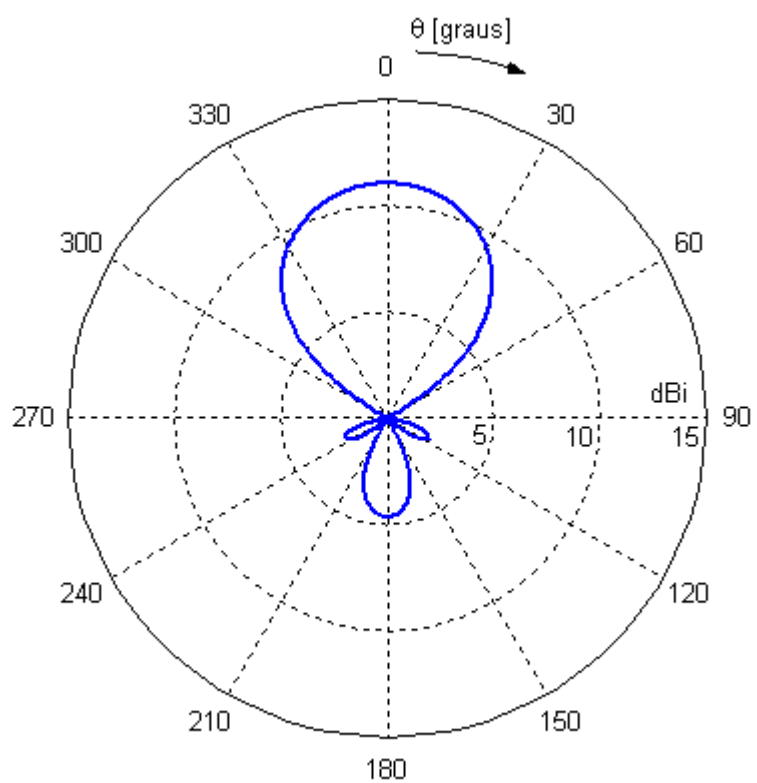


Figura 50 - Diagrama de radiação de antena helicoidal com $n = 4$ espiras, $C = \lambda$ e $\alpha = 12^\circ$

5.2. CODIFICAÇÃO DOS CROMOSSOMOS

Da mesma forma que nos casos anteriores, no arranjo circular as variáveis susceptíveis à otimização são as amplitudes de excitação e as fases de excitação. A diferença ocorre devido às simplificações adotadas, pois todas as amplitudes e fases dos elementos dispostos na mesma distância do centro são idênticas. Como há seis círculos distintos, então há seis amplitudes e seis fases para serem otimizadas.

Como as amplitudes de excitação dos elementos que estão no mesmo raio possuem o mesmo valor, o número de variáveis a serem otimizadas diminui em relação aos capítulos anteriores. Devido a este alívio em termos computacionais, optou-se por aumentar a resolução deste parâmetro em um bit. Dessa forma, as amplitudes de excitação I_m foram codificadas no formato binário utilizando-se quatro bits, assim, cada elemento pode possuir 16 níveis de excitação, incluindo o valor nulo.

As fases de excitação β_m são ângulos de valores reais, pertencentes ao limite fechado $[-180^\circ, 180^\circ]$. Portanto, adotou-se a codificação real para esses genes.

A disposição ordenada dos genes compõe o cromossomo, conforme a Figura 51.

I_1	I_2	I_3	I_4	I_5	I_6	β_1	β_2	β_3	β_4	β_5	β_6
1111	1111	1111	1111	1111	1111	12,3°	45,6°	78,9°	-1,2°	34,5°	67,8°

Figura 51 - Cromossomo para arranjos circulares

5.3. FUNÇÃO DE APTIDÃO PARA ARRANJOS CIRCULARES

Para demonstrar a versatilidade dos GAs, a função de aptidão foi ligeiramente modificada a fim de fornecer um certo grau de relevância ao ganho da antena. Além das métricas utilizadas nos arranjos planares, uma nova métrica foi adicionada. Esta nova métrica tem a função de elevar a diretividade da antena, e portanto, deve ser uma função crescente com a diretividade. Por outro lado, é importante que seja de grau menor que as outras métricas para não atenuá-las. A função raiz quadrada do pico máximo executou com satisfação estes requisitos.

A função de aptidão é dada pela equação (5.6). Todos os parâmetros bem como os procedimentos para encontrá-los foram descritos na seção 4.3 e são idênticos para este caso.

$$\text{Aptidão} = \sqrt{A_p} \times \frac{A_p}{A_s} \times \frac{1}{1 + k_\theta (\theta_r - \theta_o)^2} \times \frac{1}{1 + k_\phi (\phi_r - \phi_o)^2} \quad (5.6)$$

5.4. RESULTADOS

A otimização do arranjo circular utilizou os parâmetros do GA baseados novamente nos casos analisados no Capítulo 3. Desta forma, foi empregado um GA do tipo RGA com uma população inicial de 80 indivíduos, cruzamento uniforme e método de seleção do tipo torneio binário.

O objeto de otimização é o arranjo circular descrito na seção 5.1, composto por antenas helicoidais. Devido às características construtivas dessa antena, a alimentação possui parâmetros limitantes e portanto, a direção principal de radiação deve ser ortogonal ao plano do arranjo, ou seja, $\phi_o = 0^\circ$ e $\theta_o = 0^\circ$.

Com 2371 gerações, o critério de convergência foi obtido. Os níveis de amplitude encontrados pelo algoritmo estão descritos na Tabela 18. Os valores encontrados para as fases de excitação são apresentados na Tabela 19.

Tabela 18 - Níveis de amplitude I_m aplicadas às antenas helicoidais do arranjo circular

I_m	I_1	I_2	I_3	I_4	I_5	I_6
Nível	15	14	12	7	5	3

Tabela 19 - Fases de excitação aplicadas às antenas helicoidais do arranjo circular

β	β_1	β_2	β_3	β_4	β_5	β_6
fase	0°	$5,2^\circ$	$1,4^\circ$	$5,9^\circ$	$-1,1^\circ$	$-3,1^\circ$

O valor do ganho obtido para a antena foi bastante elevado ($D = 45,78$ dBi). A relação dos lóbulos também apresentou um valor muito bom ($RSLL = -29,37$ dB). Estes resultados comprovam a eficiência dos GAs em trabalhar com multi-objetivos.

O diagrama de radiação tridimensional normalizado para a antena otimizada é mostrado na Figura 52. A Figura 53 apresenta o mesmo diagrama na forma de curvas de nível, em que nota-se a conformação dos lóbulos laterais em torno do lóbulo principal.

Realçando as características diretivas, o diagrama é outra vez exibido na Figura 54, agora em coordenadas cartesianas. Foi utilizada escala logarítmica com o objetivo de enfatizar a direção dos lóbulos laterais.

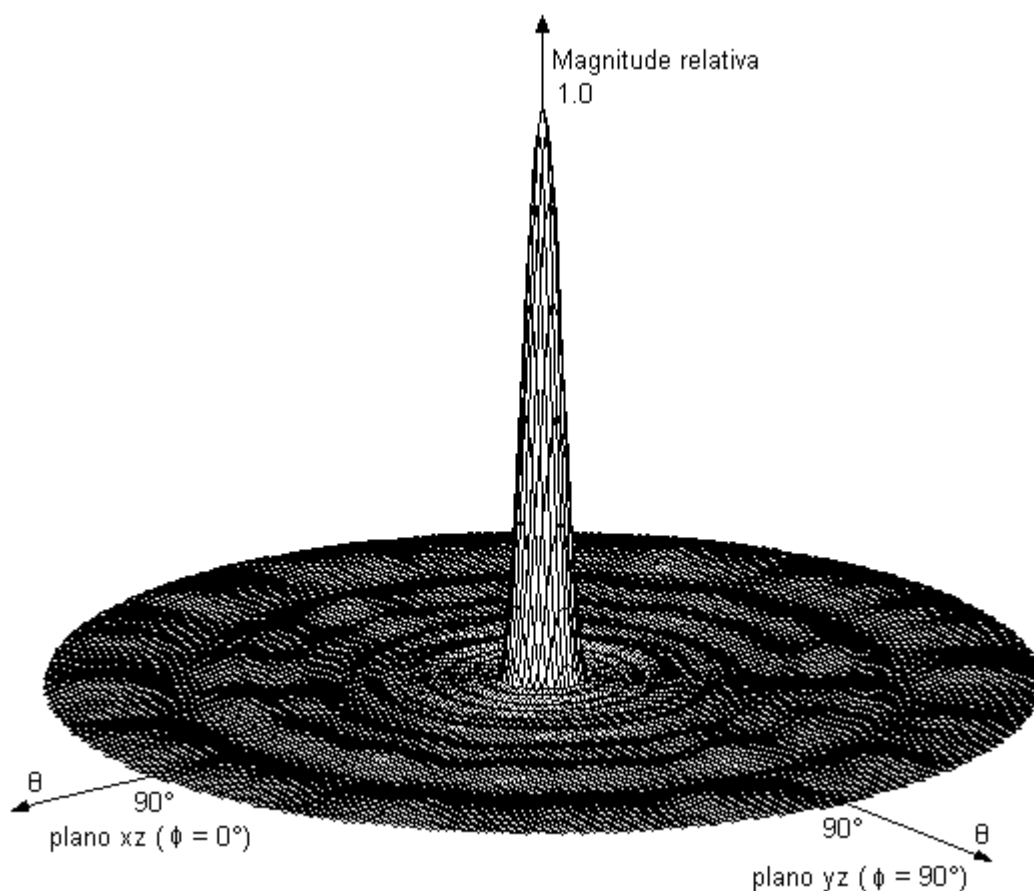


Figura 52 - Diagrama tridimensional do antena circular otimizada

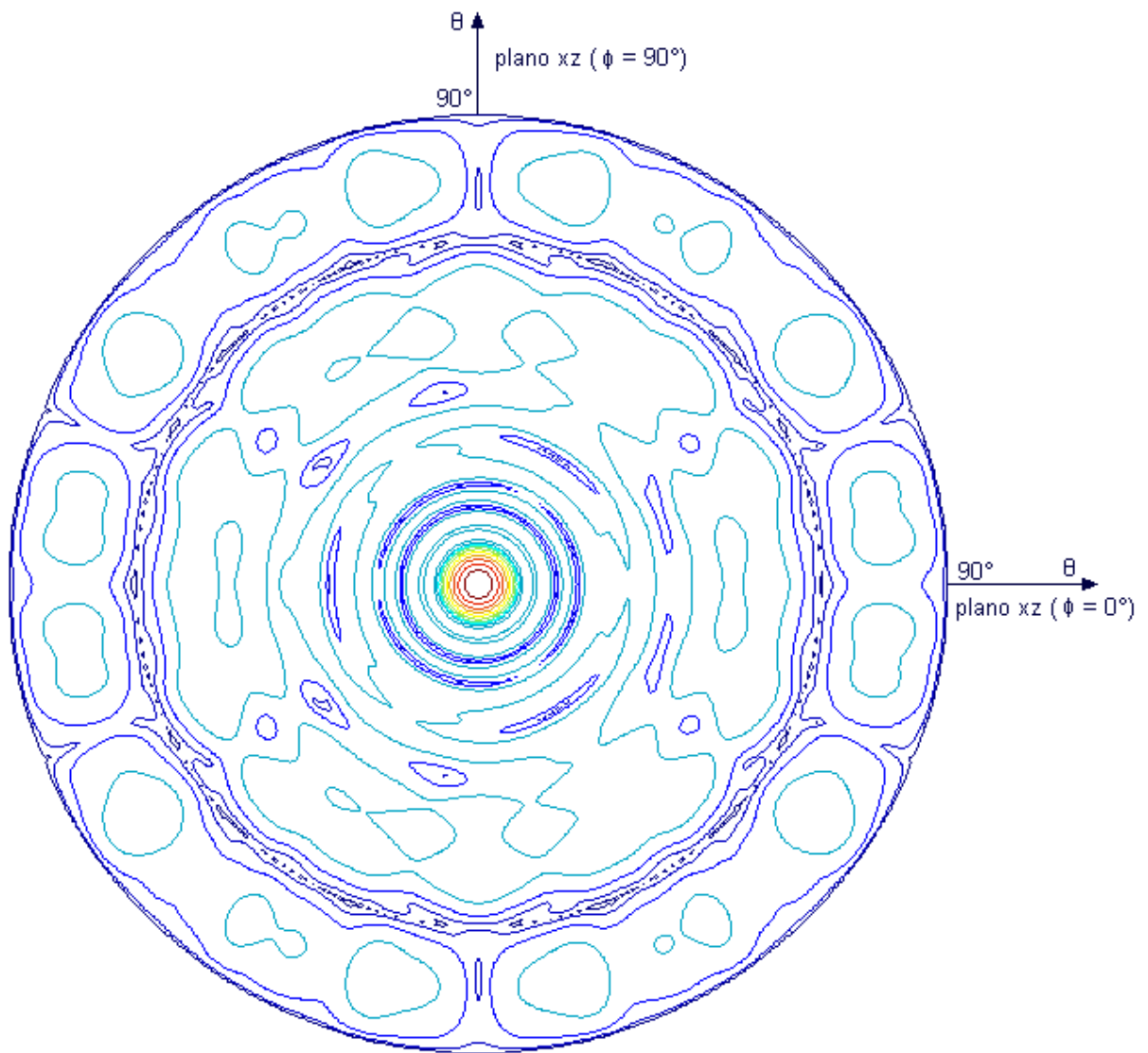


Figura 53 - Diagrama em curvas de nível da antena circular otimizada

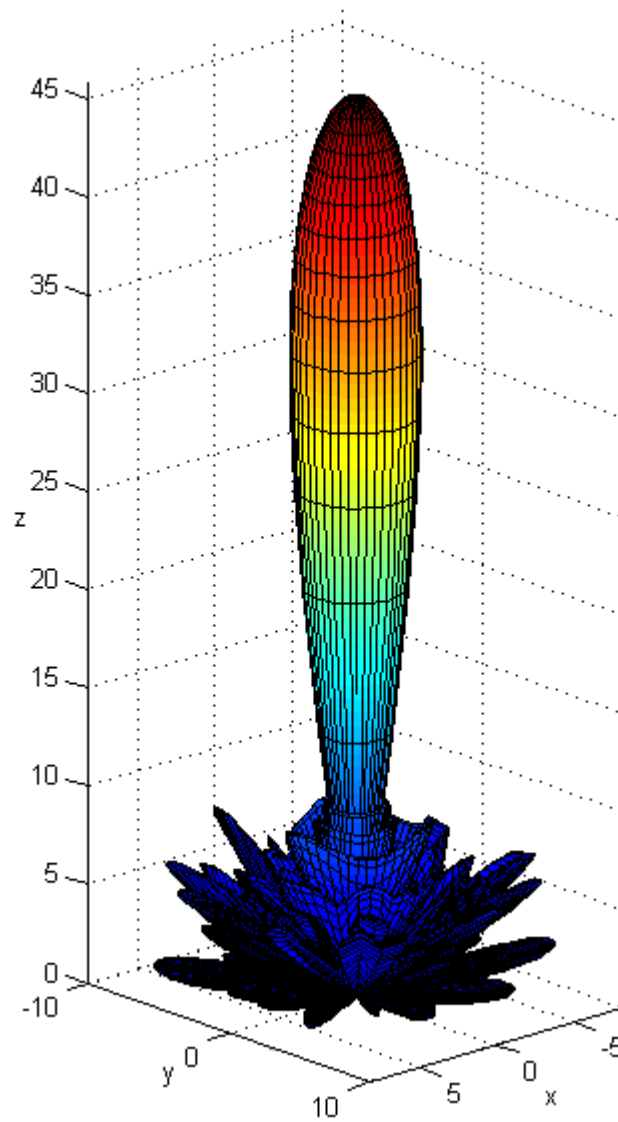


Figura 54 - Diagrama tridimensional em coordenadas cartesianas da antena otimizada

CAPÍTULO 6

6. CONCLUSÕES E PROPOSTAS DE TRABALHOS FUTUROS

Um ambiente de otimização de arranjos de antenas baseado em GAs foi implementado e testado. Os parâmetros de configuração do GA foram extraídos do estudo de eficiência sobre arranjos lineares. Os resultados dos testes indicaram como melhor opção o algoritmo do tipo RGA, com método de seleção do tipo torneio binário, população com 80 indivíduos e utilização da mutação condicional. Posteriormente, esses parâmetros foram utilizados na otimização de arranjos de maior complexidade.

Em contribuição aos GAs, uma nova técnica foi elaborada. Enquanto a maioria dos otimizadores genéticos utiliza baixa probabilidade de mutação, nesta dissertação empregou-se a alta probabilidade de mutação aliada à substituição condicional. Os testes desta nova abordagem comprovaram a melhoria no processo de convergência.

A função de aptidão deve ser a grande preocupação do projetista, pois é ela que reflete as aspirações deste para com o problema de otimização. A eficiência de um GA é um reflexo direto da criatividade de tal função. Como mais uma contribuição desta dissertação, as funções de aptidão para a otimização dos arranjos sempre consideram as características particulares de radiação de cada tipo de elemento. Comprovou-se que este método atinge resultados melhores do que a otimização indireta pelo fator de arranjo de antenas isotrópicas.

As comparações dos casos clássicos de síntese de arranjos lineares com os casos otimizados pelo GA comprovam que o método de otimização apresentado desempenha de modo conveniente a sua função, servindo portanto, como uma boa ferramenta de projeto para arranjos de antenas.

Com a direção do ângulo de radiação no modo natural, ou seja, quando todos os elementos do arranjo são excitados em fase, obtiveram-se os maiores valores de ganho para as antenas otimizadas. No caso do arranjo linear de 40 dipolos infinitesimais obteve-se o ganho de 28 dBi e RSL = -40,19 dB. Para o

arranjo planar de 6x6 dipolos infinitesimais obteve-se 39,4 dBi e RSSL = -25,69 dB. O melhor resultado atingido foi na simulação da antena real composta de anéis concêntricos de antenas helicoidais, onde se alcançou o ganho de 45,78 dBi com RSSL = -29,37 dB. A alta performance deste arranjo deve-se principalmente às boas características das antenas helicoidais.

Considerando a direção do ângulo de radiação distinta do modo natural, o algoritmo também atingiu as metas esperadas, encontrando as fases de excitação necessárias para deslocar o lóbulo principal para a direção desejada.

Minimizar o RSSL é um dos principais objetivos do processo de otimização dos arranjos. No caso dos arranjos multidimensionais, um dos grandes problemas é o esforço computacional necessário para encontrar a relação entre o lóbulo principal e o máximo lóbulo secundário. Alguns autores contornam o problema confinando o espaço de busca ao fixar o ângulo de azimute, realizando a busca em um único plano, e assim comprometendo a qualidade dos resultados.

Encontrar uma técnica que melhore a velocidade de busca dos lóbulos é uma sugestão de continuidade do presente trabalho. Além disto, pode-se incorporar características de impedância de entrada da antena na função de aptidão ou simplesmente incluir a otimização de outros parâmetros geométricos dos elementos do arranjo, como por exemplo, a distância de separação ou orientação tridimensional.

A inclusão do fator de dilatação k como um objeto de análise amplia o escopo deste trabalho, conduzindo para um diferente tipo de otimização, conhecida na literatura como otimização multi-objetivo.

Nesta dissertação, o estudo comparativo do método proposto somente abrangeu os casos clássicos de síntese de arranjos lineares. Em uma nova abordagem, pode-se comparar o método proposto com outras técnicas de otimização, como por exemplo *simulated annealing*, *particle swarm optimization* e *random walk*.

Dentre outras possíveis pesquisas correlatas a este trabalho, pode-se citar a utilização do GA em outras situações de otimização, como por exemplo, síntese de antenas Yagi ou antenas de microfita, estudo de refletores não convencionais, dentre outros.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] JOHNSON J.M.; RAHMAT-SAMI Y. Genetic Algorithms in Engineering Electromagnetics. **IEEE Antennas and Propagation Magazine**, v. 39, n. 4, p. 7-21, ago. 1997.
- [2] BRAY, M.G.; WERNER, D.H.; BOERINGER, D.W.; MACHUGA, D.W. Optimization of Thinned Aperiodic Linear Phased Arrays Using Genetic Algorithms to Reduce Grating Lobes During Scanning. **IEEE Transactions on Antennas and Propagation**. v. 50, n. 12, p. 1732 - 1742 dez. 2002.
- [3] WANG M.; ZHU Q.; LIANGJIANG Z.; MENGNA H. The Synthesis and Optimization of Arbitrarily Distributed Array with Circular Sparse Array. **IEEE - Antennas and Propagation Society International Symposium**. v. 1, p. 812 - 815, jun. 2003.
- [4] YU-HAO L.; AN-SHYI L.; PANG Y.; WU R.B. Modeling Antenna Array Elements and Bandwidth Enhanced by Genetic Algorithm. **IEEE -Antennas and Propagation Society International Symposium**. v. 2, p. 884 - 887. jun. 2003.
- [5] BOERINGER, D.W.; WERNER, D.H. Adaptive Mutation Parameter Toggling Genetic Algorithm for Phase-Only Array Synthesis. **Electronics Letters**. v. 38, n. 25, p. 1618 – 1619. dez. 2002.
- [6] R. L. HAUPT. Thinned Arrays using Genetic Algorithms. **IEEE Transactions on Antennas and Propagation**, v. 42, n. 7, p. 993-999, jul. 1994.
- [7] RAHMAT-SAMII Y.; MICHIELSSEN E. **Electromagnetic Optimization by Genetic Algorithms**. John Wiley & Sons, 1999.
- [8] FERNANDES, C.; ROSA, A. A Study on Non-Random Mating and Varying Population Size in Genetic Algorithms Using a Royal Road Function. **Proceedings of the 2001 Congress on Evolutionary Computation**. v. 1, p. 60 - 66, maio 2001.
- [9] CHENG J.; CHEN W.; CHEN L.; MA Y. The Improvement of Genetic Algorithm Searching Performance. **Proceedings of the 2002 International Conference on Machine Learning and Cybernetics**. v. 2, p. 947 - 951. nov. 2002.
- [10] HAUPT R. L., Optimum Population Size and Mutation Rate for a Simple Real Genetic Algorithm that Optimizes Array Factors. **IEEE - Antennas and Propagation Society - International Symposium**, Salt Lake City – USA. v. 2, p. 1034-1037, 2000.
- [11] SIRINVAS M.; PATNAIK L.M. Adaptive Probabilities of Crossover and Mutation in Genetic Algorithms. **IEEE - Transactions on Systems, Mans and Cybernetics**, v. 24, n. 4, p. 656-667, abr. 1994.

- [12] MITSUKURA Y.; FUKUMI M.; AKAMATSU N.; YAMAMOTO T.; A System Identification Method Using Hybrid-Type Genetic Algorithm. **SICE**. v. 1, p. 947 - 951. ago. 2002.
- [13] PRATAP R. **Getting Started with MATLAB**. Oxford University Press, 2002.
- [14] HOLLAND J. H. **Adaptation in Natural and Artificial Systems**, Michigan: Ann Arbor. University of Michigan Press, 1975.
- [15] GOLDBERG D. E. **Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning**, New York: Addison Wesley Longman Inc., 1989.
- [16] CHELLAPILLA K.; HOORFAR A. Evolutionary Programming: an Efficient Alternative to Genetic Algorithms for Electromagnetics Optimization Problems. **IEEE - Antennas and Propagation Society - International Symposium**, Atlanta – USA, v. 1, p. 42-45, 1998.
- [17] VASCONCELOS, J. A.; TAKAHASHI, R. H. C.; SALDANHA R. R. Improvements in Genetic Algorithms. **IEEE - Transactions on Magnetics**, v. 37, n. 5, p. 3414-3417, set. 2001.
- [18] SIRINVAS M.; PATNAIK L.M. Genetic Algorithms: A Survey. **IEEE - Computer Society**, v. 27, n. 6, p. 17-26, jun. 1994.
- [19] Mitchell M. **An Introduction to Genetic Algorithm**, Massachusetts: The MIT Press, New York, 1997.
- [20] MAN K. F.; TANG K. S.; KWONG S. Genetic Algorithms: Concepts and Applications. **IEEE - Transactions on Industrial Electronics**, v. 43, n. 5, p. 519-534, out. 1996.
- [21] RIBEIRO J.L.F.; ALIPPI P.C.T.C. Genetic Algorithm Programming Enviroments: A Survey. **IEEE - Computer Society**, v. 27, n. 6, p. 28-43, jun. 1994.
- [22] BALANIS C. A. **Antenna Theory Analysis and Design**. Arizona State University, 1982.
- [23] KRAUS, JOHN D. **Antennas**. McGraw-Hill Book Company, 1983.
- [24] MOGNON V.R.; ARTUZI W. A.; DESCARDECI W. A. Tilt Angle and Side-Lobe Level Control of Microwave Array Antennas. **Microwave and Optical Technology Letters**, v. 33, n. 1, p. 12-14, abr. 2002.
- [25] Cardone G.; Cincotti G.; Pappalardo M. Design of Wide-Band Arrays for Low Side-Lobe Level Beam Patterns by Simulated Annealing. **IEEE - Transactions on Ultrasonics, Ferroelectrics, And Frequency Control**, v. 49, n. 8, p.1050-1059, ago. 2002.
- [26] ROBINSON J.; RAHMAT-SAMII Y. Particle Swarm Optimization in Electromagnetics. **IEEE - Transactions on Antennas and Propagation**, v. 52, n. 2, p. 397- 407, fev. 2004.