

UNIVERSIDAD DE CANTABRIA

DEPARTAMENTO DE INGENIERÍA DE COMUNICACIONES



TESIS DOCTORAL

**Contribución a los métodos de optimización basados
en procesos naturales y su aplicación a la medida de
antenas en campo próximo**

Jesús Ramón Pérez López

Santander, Octubre de 2005

UNIVERSIDAD DE CANTABRIA

DEPARTAMENTO DE INGENIERÍA DE COMUNICACIONES



TESIS DOCTORAL

**Contribución a los métodos de optimización basados
en procesos naturales y su aplicación a la medida de
antenas en campo próximo**

Autor: Jesús Ramón Pérez López

Director: José Basterrechea Verdeja

**Tesis Doctoral presentada en la Universidad de Cantabria para la
obtención del título de Doctor por la Universidad de Cantabria**

Santander, Octubre de 2005

Capítulo 4

Optimización mediante algoritmos genéticos

4.1 Introducción

Los algoritmos genéticos (GA) comprenden una de las cuatro áreas del así denominado cómputo evolutivo, más conocido como *Evolutionary Computation* (EC). Junto a los GA, la programación evolutiva, las estrategias de evolución y la programación genética, conforman las cuatro áreas del EC, cada una de ellas atendiendo a diferentes metodologías estocásticas para imitar la evolución biológica a nivel computacional.

Centrándonos en los GA, éstos se definen como métodos estocásticos de optimización global basados en los principios de la selección y evolución natural [1]. De acuerdo con la teoría de la evolución de Darwin, los GA mimetizan la evolución generacional de las especies, promoviendo la supervivencia de los mejores individuos. Básicamente, una población de individuos o soluciones potenciales al problema bajo análisis oportunamente codificadas, se hace evolucionar hacia una solución óptima en base a la presión que ejercen los operadores de selección, cruce y mutación, utilizando una función de coste o función de fitness para medir la calidad de las soluciones y proceder iterativamente al reemplazo generacional.

A diferencia de otros métodos estocásticos más recientes como la optimización con enjambre de partículas (PSO) [2], el desarrollo conceptual de los GA tiene, desde sus orígenes, un respaldo matemático que lo avala, basado

principalmente en el así denominado teorema del esquema, el cual conjuga fitness, cruce y mutación para establecer como afectan a la supervivencia y propagación de las soluciones aspectos tales como el esquema de representación de los datos.

Con las bases del método bien definidas, pueden intuirse una serie de ventajas de los GA frente a los métodos clásicos de optimización local (OL), [1], [3]. En primer lugar, el resultado de los OL depende del punto de arranque, mientras que los GA son altamente independientes de las condiciones iniciales. En general, las técnicas globales de optimización se desenvuelven con eficacia en espacios multidimensionales, multimodales y con múltiples discontinuidades, donde los métodos locales se muestran ineficaces [4]. En este sentido y ante problemas en los que la naturaleza del espacio de soluciones se desconoce, como ocurre en muchos de los problemas inversos que se manejan en electromagnetismo, los métodos globales son particularmente útiles. Adicionalmente, en aplicaciones de diseño electromagnético el coste computacional no es relativamente tan importante como obtener una solución aceptable. Los GA llegan a una solución global o próxima a ésta, en lugar de converger hacia soluciones locales como puede ocurrir con los métodos convencionales. Otros aspectos, tales como el hecho de realizar la búsqueda utilizando un conjunto de puntos sobre el espacio de soluciones en lugar de un único punto, el utilizar una función de fitness para dirigir la búsqueda en lugar de derivadas, o que los nuevos puntos a explorar se determinen de acuerdo a reglas de decisión estocásticas en lugar de deterministas, reafirman la superioridad de los GA sobre las técnicas de optimización local. Como contrapartida, la naturaleza estocástica inherente a los GA, con una exploración mucho más exhaustiva del espacio de soluciones, depara una convergencia mucho más lenta que la de los métodos locales.

Durante la última década, el uso de los GA se ha extendido a múltiples áreas dentro de la comunidad electromagnética. Entre las diferentes aplicaciones de los GA pueden resaltarse, entre otras, el diseño de antenas de hilo, diseño de arrays, aplicaciones en radar, diseño de antenas impresas, filtros de microondas y diseño de absorbentes, con una extensa bibliografía al respecto, recopilada de forma magistral por Rahmat-Samii y otros en [3] y [5]. Adicionalmente, deben añadirse aplicaciones tales como el modelado de fuente en compatibilidad electromagnética [6] y la transformación de campo cercano a campo lejano [7], [8].

Al margen de la aplicación en electromagnetismo, el radio de acción de los GA es mucho más amplio. Así por ejemplo, en [9] se aplican los GA al entrenamiento de redes neuronales y en [10] a la optimización de los nodos de red en comunicaciones móviles. Pueden encontrarse variantes más sofisticadas de los GA clásicos aplicadas a la detección multiusuario en sistemas CDMA [11], o en microelectrónica aplicados a la síntesis de circuitos integrados VLSI [12]. En lo referente a otros ámbitos [13], destacan, a modo de ejemplo, la aplicación de los GA

en la minimización de costes en sistemas de distribución eléctrica [14], en la optimización de los recursos del transporte público para adaptarlo a la demanda [15], y en otras aplicaciones más exóticas como la síntesis musical [16].

Originariamente, el esquema básico de los GA incluía selección, cruce y mutación, con una representación en binario de los parámetros a optimizar [1]. Sin embargo, las modificaciones al esquema original se han sucedido, y de hecho aún se suceden de una forma continua, en un intento por mejorar el rendimiento del algoritmo. Así, pueden encontrarse en la literatura como implementaciones más habituales los GA de codificación real, los algoritmos micro-genéticos (μ GA) y los algoritmos genéticos híbridos (HGA). En línea con los GA, pero basados más en imitar la evolución cultural que la propia evolución biológica, están adquiriendo cierta relevancia otros métodos como son los algoritmos meméticos y los algoritmos culturales [2], [17].

Un elevado porcentaje de los problemas de optimización electromagnética tiene múltiples objetivos a cumplir que normalmente entran en conflicto. Lo más habitual es trasladar todos estos requisitos a una función de fitness que se suele expresar como una combinación lineal de aquellos, introduciendo unos pesos para ponderar la influencia de cada factor. Una alternativa más elegante pasa por adaptar los GA a la así denominada optimización multiobjetivo [17]-[20].

El éxito de los GA radica, más que en el exotismo o en la difusión que de éste se ha hecho para ganar nuevos adeptos, en su propio potencial y facilidad de implementación. De hecho, en la actualidad existen múltiples tutoriales [3], [21]-[24] y recursos [25] que hacen aún más fácil su uso. En definitiva, la naturaleza de los GA y su capacidad para manejar los problemas inversos típicos de la optimización hacen que las previsiones acerca de la perdurabilidad del método a largo plazo vertidas por Goldberg [26], sean hoy una realidad.

En este capítulo se proponen diversos esquemas de algoritmos genéticos que, o bien fueron adaptados de uno inicial o fueron desarrollados íntegramente en el marco del presente trabajo, con el fin de abordar, entre otros, el problema de transformación de campo cercano a campo lejano. En los siguientes apartados se describen las características, operadores y diagramas de bloques de los GA de codificación binaria, codificación real, algoritmos micro-genéticos y GA híbridos utilizados. Dependiendo de las características del problema electromagnético se aplicará uno u otro esquema. Por último, se incluye un amplio abanico de resultados que contemplan aplicaciones tales como la reconstrucción de fuente en aplicaciones de compatibilidad electromagnética, la síntesis de agrupaciones lineales o la transformación de campo, incluyendo para esta aplicación en particular una primera comparativa que deja entrever las ventajas e inconvenientes de cada uno de los esquemas basados en GA propuestos.

4.2 Algoritmos genéticos de codificación binaria

En sus orígenes, los GA utilizaron como esquema de representación de los datos el alfabeto binario, aunque, en realidad, el método puede extenderse sin grandes cambios estructurales a cualquier otro alfabeto, en consonancia con la naturaleza del problema a optimizar.

Tal y como ya se anticipó con anterioridad, los GA son métodos estocásticos de búsqueda basados en los principios de la evolución biológica. Básicamente, un organismo se compone de células, cada una de las cuales contiene el mismo conjunto de cromosomas. A su vez, los cromosomas, compuestos por genes, son cadenas de ADN que definen un modelo para todo el organismo. Cada gen codifica una cierta proteína, puede decirse que codifica un rasgo del organismo, y los valores que puede tomar este rasgo reciben el nombre de alelos. Por último, resaltar que cada gen ocupa su propia posición dentro del cromosoma. A grandes rasgos, la evolución generacional alterará los cromosomas y, en consecuencia, las características de los nuevos organismos.

En la terminología utilizada en los GA, cada uno de los parámetros a optimizar se identifica con un gen y el conjunto de todos ellos representa a un cromosoma, que en realidad puede verse como una solución potencial al problema. El rango dinámico de cada variable o gen equivale a los alelos y, en conjunto, el rango dinámico de los N genes define el espacio de búsqueda N -dimensional. Para formalizar la búsqueda, una población de I cromosomas o individuos se hace evolucionar generacionalmente hacia una solución óptima, aplicando sobre ellos operaciones de selección, cruce y mutación que garantizan la supervivencia de los mejores individuos, utilizando una función de fitness para cuantificar la calidad de cada uno de ellos. A modo de ejemplo, la Figura 4.1 muestra la relación entre la evolución biológica y su equivalente en el cómputo evolutivo.

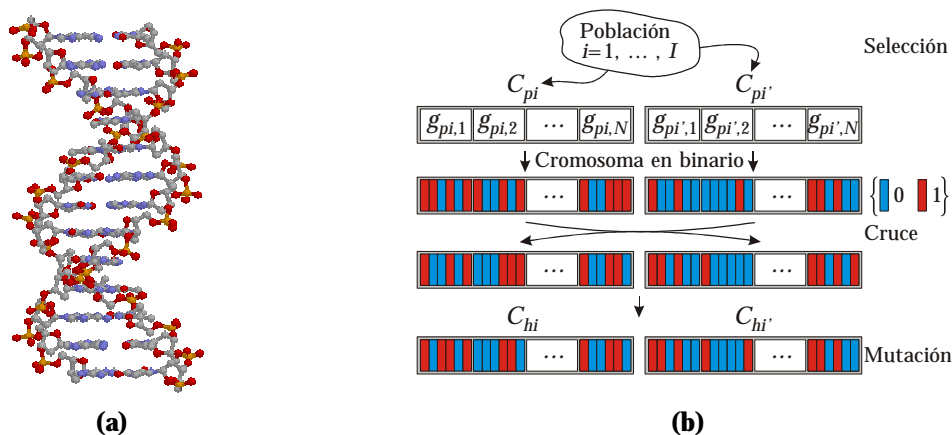


Figura 4.1. Evolución biológica. (a) Ejemplo de la estructura del ADN. (b) Reproducción en los GA.

4.2.1 Diagrama de flujo

En la Figura 4.2 se muestra el diagrama de flujo de los GA con codificación binaria utilizados. El esquema es una variante del propuesto inicialmente por Carroll [27], sobre el que se han introducido leves modificaciones.

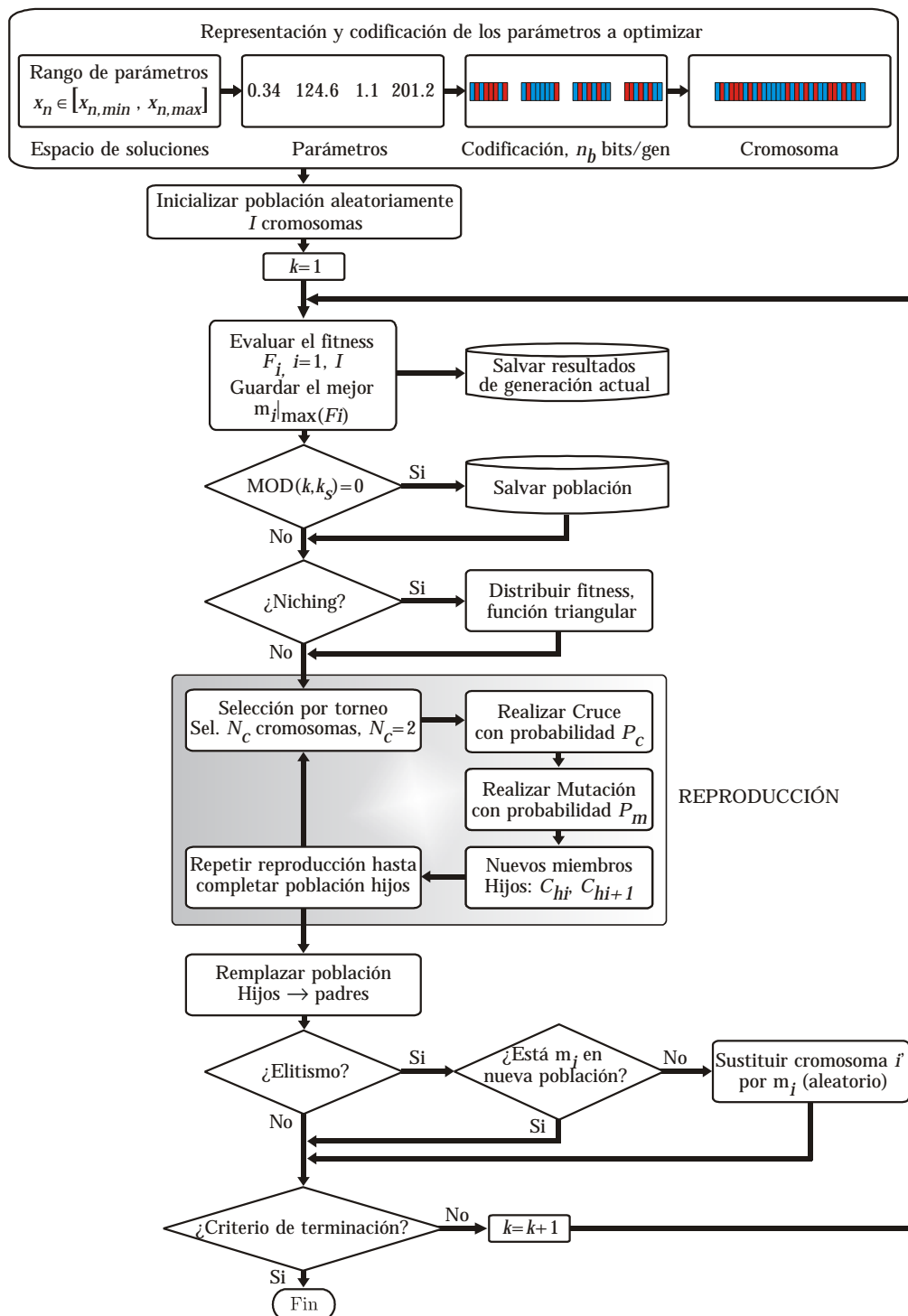


Figura 4.2. Diagrama de flujo del algoritmo basado en GA de codificación binaria.

El diagrama de bloques de la Figura 4.2 representa el esquema básico del método de optimización basado en algoritmos genéticos, al cual se le añaden operadores adicionales como el elitismo y la distribución del fitness o *niching* [1], [5]. Además, se añade la posibilidad de salvar a fichero toda la población a intervalos de k_s generaciones o iteraciones. Esta última característica tiene como objetivo permitir al usuario reanudar la simulación desde esta población con la misma o con otra configuración del algoritmo, o aplicar sobre dicha población otra técnica de optimización como por ejemplo un método local, con el objetivo de refinar la solución obtenida con los GA.

Aunque el esquema basado en la codificación binaria de los parámetros pudiera parecer ineficiente, tanto por lo que respecta a la discretización del espacio de búsqueda como por lo que atañe a la sobrecarga del algoritmo con operaciones de codificación y decodificación, que de otra forma en el dominio real no serían necesarias, su uso está muy extendido. Así, puede citarse a modo representativo la utilización con éxito de los GA de naturaleza binaria en aplicaciones radar [28] o en el diseño de antenas [29]-[31].

4.2.2 Representación, selección, cruce y mutación

La representación de los parámetros se hace en código binario, utilizando para codificar cada variable un número de bits n_b , que normalmente es seleccionado en función del rango dinámico de la variable y de la resolución deseada. Ahora bien, el número de bits guarda una relación directa con el tamaño de la población. Es decir, cuanto mayor sea la longitud del cromosoma mayor deberá ser el número de individuos que integran la población, con el objetivo de mantener la diversidad entre los cromosomas y explorar eficientemente el espacio N -dimensional. Consecuentemente, al aumentar el tamaño de la población se aumenta el número de llamadas al fitness. Si consideramos que habitualmente en problemas electromagnéticos complejos entorno al 95% del tiempo de CPU en cada iteración se dedica a la evaluación de la función de fitness, puede llegarse a la conclusión de que la selección del número de bits juega un papel determinante.

Si bien en [3] se cita como regla utilizar tamaños de población del orden de cinco a seis veces la longitud del cromosoma, e incluso menores según el problema a optimizar, en la literatura pueden encontrarse expresiones más rigurosas [27], [32],

$$I = \left(\frac{lc}{le} \right) c^{le} \quad (4.1)$$

donde lc es la longitud en bits del cromosoma, le representa el tamaño del esquema,

normalmente aproximado por la longitud media de los genes que integran el cromosoma, y χ es el número de valores que admite un bit (dos, 0 ó 1). Sin embargo, la selección del tamaño óptimo de la población, tal y como se anticipa en [3], depende del problema a optimizar y si bien la primera propuesta puede resultar demasiado relajada, la expresión (4.1) puede deparar tamaños para la población excesivamente grandes, que hacen desaconsejable el uso de los GA. En los problemas de transformación de campo nos inclinaremos por la primera propuesta.

Por último, en lo que respecta al alfabeto utilizado para la representación de los datos, si bien la codificación binaria es la más extendida y la realmente utilizada, el código Gray se plantea como una alternativa mucho más eficiente [33]. En términos de distancia de Hamming, la representación en código binario de dos números consecutivos puede llevar implícita una distancia tal que sea muy difícil saltar entre aquellos por cruce y mutación, mientras que en el código Gray éstos sólo difieren en una posición.

En lo referente a la estrategia de selección, se utiliza selección por torneo, donde básicamente se seleccionan aleatoriamente N_c cromosomas de la población. Aquel cromosoma de entre los N_c con el mejor fitness se selecciona como uno de los dos candidatos a participar en la reproducción. El proceso se repite para escoger al segundo candidato. Otras estrategias tales como la selección proporcional, más conocida como *roulette wheel selection*, y la selección por ranking, fueron también sopesadas y a la vez descartadas [1], [3]. La selección por ranking es determinista y al propagar generacionalmente las mejores soluciones elimina progresivamente la diversidad entre los miembros de la población. En la selección proporcional, aún teniendo naturaleza estocástica, si no se introduce un escalado del fitness adecuado actúa de forma análoga a la selección por ranking, transmitiendo múltiples réplicas de un mismo individuo a las siguientes generaciones, modificadas únicamente por los operadores de cruce y mutación. Sin embargo, los individuos con peor fitness apenas si participan en el ciclo de reproducción, eliminando así la posibilidad de explorar nuevas zonas del espacio de búsqueda y reduciendo paulatinamente la diversidad.

La aplicación de los operadores de cruce y mutación completa la reproducción generacional. El algoritmo propuesto permite utilizar para el operador de cruce las técnicas de cruce en un punto o cruce uniforme, y para el operador de mutación las de mutación por salto o mutación sigilosa.

Seleccionados los dos padres, los hijos se crean inicialmente como sendas réplicas de sus progenitores y sólo se cruzan con probabilidad P_c . En el caso de proceder a la recombinación, el cruce en un punto simple selecciona aleatoriamente un punto dentro del cromosoma a partir del cual todos los bits de ambos hijos se intercambian entre sí para dar vida a los nuevos individuos. En el caso del cruce uniforme, el intercambio genético se hace a nivel de bit con probabilidad P_c .

Para completar la creación de los nuevos hijos resta aún por aplicar el operador de mutación. La mutación se caracteriza por introducir leves modificaciones en el cromosoma con el objetivo de permitir al algoritmo explorar nuevas áreas del espacio de soluciones, manteniendo a la vez la diversidad en la población. Si no se aplicara mutación, llegaría un momento en el que la presión ejercida por la selección por torneo conduciría a todos los individuos hacia una misma región dentro del espacio de soluciones, que en la mayoría de los casos estaría asociada con una convergencia prematura hacia una solución errónea.

En lo referente a las estrategias de mutación empleadas, la mutación por salto (*jump mutation*) se aplica a todo el cromosoma con probabilidad P_m . Para todos aquellos bits que proceda, de acuerdo con P_m , la mutación por salto se limita a cambiar el estado del bit. Por el contrario, la mutación sigilosa (*creep mutation*) es más compleja. En este caso se seleccionan para todo el cromosoma y con probabilidad P_m aquellos genes que van a someterse a mutación. Dichos genes se decodifican, su valor se muta un cierto factor f_c hacia arriba o hacia abajo y finalmente se codifica el gen con el nuevo valor modificado.

Para la gran mayoría de fuentes analizadas en problemas de transformación de campo, la estrategia de cruce uniforme y la mutación sigilosa, con probabilidades de cruce y mutación $P_c \in [0.5, 0.75]$ y $P_m \in [0.02, 0.1]$, respectivamente, aplicando elitismo, y con un factor f_c entorno al 3% del rango dinámico del parámetro a mutar, conforman la configuración óptima de los GA de codificación binaria.

4.3 Algoritmos genéticos de codificación real

En los diseños iniciales de GA propuestos por Holland y desarrollados posteriormente por su discípulo Goldberg en [1] se utiliza codificación binaria para representar a los genes que integran cada cromosoma de la población. Sin embargo, puede utilizarse cualquier alfabeto, siempre y cuando éste permita establecer un mapeo entre la representación de los genes en términos del propio alfabeto y el significado físico de los parámetros a los que éstos representan.

Entre las alternativas más triviales al alfabeto binario destacan las representaciones que utilizan números reales, números enteros, símbolos, e incluso híbridos que mezclan varios alfabetos para abordar un cierto problema.

La selección del esquema de codificación está condicionada generalmente por la naturaleza del problema a optimizar. Desde este punto de vista, en un amplio abanico de aplicaciones de diseño electromagnético los GA de codificación real

suponen una alternativa atractiva a sus homónimos binarios, obviando las operaciones de codificación y decodificación y eliminando los errores asociados con la cuantificación. Al margen de la codificación inicial, de la cual ahora se prescinde, el diagrama de bloques de los GA reales coincide con el propuesto en la Figura 4.2 para los GA de codificación binaria.

El esquema de codificación no sólo afecta a la representación de los cromosomas, sino que también condiciona las estrategias de los operadores genéticos de cruce y mutación. Sin embargo, el mecanismo de selección natural que da paso a la evolución generacional no se ve afectado, siendo extrapolable con independencia del tipo de codificación. De hecho, las estrategias de selección basan su actuación en el fitness del individuo, no en su representación interna.

Como complemento a los GA binarios se investigó el potencial de los GA de codificación real, manteniendo como estrategia de selección la selección por torneo. En esta sección se resumen las estrategias utilizadas para los operadores de cruce y mutación, se describen una serie de modificaciones llevadas a cabo para variar la presión que se ejerce sobre la velocidad de convergencia, y finalmente se incluye una comparación entre ambos tipos de codificación, binaria y real.

4.3.1 Estrategias para el operador de cruce

Entre las múltiples alternativas existentes en la literatura para implementar el operador de cruce en el dominio real, se seleccionaron las estrategias de cruce discreto, continuo, convexo o aritmético y heurístico [34]-[36]. Para las cuatro estrategias de cruce analizadas se contempla la posibilidad de obtener uno ó dos hijos como resultado del cruce. El número de hijos permite controlar indirectamente la presión que se ejerce sobre la selección y sobre la convergencia. Si se utiliza un único hijo por cada recombinación es más probable que los mejores individuos participen en un mayor número de torneos y, con ello, transmitan mayor cantidad de información genética a generaciones futuras.

Sean los cromosomas $C_{p1} = (g_{p1,1}, g_{p1,2}, \dots, g_{p1,N})$ y $C_{p2} = (g_{p2,1}, g_{p2,2}, \dots, g_{p2,N})$ con $g_{pi,n} \in \mathcal{U}$, de tal forma que cada cromosoma C_{pi} pertenece al espacio euclídeo \mathcal{U}^N , donde N representa el número de parámetros a optimizar. Ambos cromosomas representan a sendos padres seleccionados aleatoriamente de la población. La recombinación y posterior mutación de los cromosomas generará nuevos descendientes C_{h1} (un único hijo) y C_{h2} (dos hijos), hasta completar la nueva población formada por I individuos, que reemplazará generacionalmente a la de sus progenitores.

Para el cruce discreto los descendientes se componen de los genes de sus respectivos padres intercambiando entre sí, con una cierta P_c , los parámetros que proceda, de modo que a partir de C_{p1} y C_{p2} podrían obtenerse, por ejemplo, los descendientes $C_{h1} = (g_{p1,1}, g_{p2,2}, \dots, g_{p2,N-1}, g_{p1,N})$ y $C_{h2} = (g_{p2,1}, g_{p1,2}, \dots, g_{p1,N-1}, g_{p2,N})$. El cruce discreto es análogo al cruce uniforme utilizado en los GA de codificación binaria, con la diferencia de que esta estrategia no aporta información nueva alguna con codificación real. Los valores iniciales de cada parámetro se propagan con diferentes combinaciones, sin más cambios que los que introduce el operador de mutación.

Como estrategia alternativa, en el cruce continuo se seleccionan también de forma aleatoria, con una probabilidad P_c , las posiciones de los cromosomas en las que realizar la combinación. Ahora bien, en este caso y para estas posiciones, los genes de los descendientes se calculan como el promediado de los propios genes de sus progenitores, tal y como se muestra a modo de ejemplo en (4.2) y (4.3).

$$C_{h1} = \left(\frac{g_{p1,1} + g_{p2,1}}{2}, g_{p1,2}, \dots, g_{p1,N-1}, \frac{g_{p1,N} + g_{p2,N}}{2} \right) \quad (4.2)$$

$$C_{h2} = \left(\frac{g_{p1,1} + g_{p2,1}}{2}, g_{p2,2}, \dots, g_{p2,N-1}, \frac{g_{p1,N} + g_{p2,N}}{2} \right) \quad (4.3)$$

Variantes más sofisticadas promueven el cruce de los cromosomas como una combinación lineal de los genes de sus padres. Así, en el cruce convexo, también conocido como cruce aritmético, los nuevos parámetros sometidos a recombinación de acuerdo con el valor de P_c , son en general combinaciones de la forma $g_{hi,n} = \beta g_{pi,n} + (1-\beta) g_{pi+1,n}$ (primer hijo) y $g_{hi+1,n} = \beta g_{pi+1,n} + (1-\beta) g_{pi,n}$ (segundo hijo), donde β es un número aleatorio con distribución uniforme $U[0,1]$. En términos de cromosoma, el cruce podría expresarse de acuerdo con (4.4) y (4.5).

$$C_{h1} = (\beta g_{p1,1} + (1-\beta) g_{p2,1}, \beta g_{p1,2} + (1-\beta) g_{p2,2}, \dots, g_{p1,N-1}, g_{p1,N}) \quad (4.4)$$

$$C_{h2} = (\beta'' g_{p2,1} + (1-\beta'') g_{p1,1}, \beta''' g_{p2,2} + (1-\beta''') g_{p1,2}, \dots, g_{p2,N-1}, g_{p2,N}) \quad (4.5)$$

Por último, el cruce heurístico realiza una extrapolación lineal de los dos individuos, utilizando la información del fitness de cada cromosoma para realizar la recombinación. De acuerdo con (4.6), el cromosoma resultante puede caer fuera de los límites del espacio de soluciones. En ese caso particular se adoptó como criterio permitir un máximo de 10 reintentos, agotados los cuales se adoptan como nuevos hijos a los propios padres. En problemas de maximización, supuesto que el fitness de C_{p1} sea mayor que el fitness de C_{p2} , el cruce de los individuos se reduce a aplicar a nivel de todo el cromosoma las expresiones (4.6) y (4.7).

$$C_{h1} = C_{p1} + \beta(C_{p1} - C_{p2}) \quad (4.6)$$

$$C_{h2} = C_{p1} \quad (4.7)$$

4.3.2 Estrategias para el operador de mutación

De acuerdo con las bases de los GA, la recombinación de los cromosomas se completa con la aplicación del operador de mutación con una cierta probabilidad P_m , con la finalidad de explorar zonas alternativas del espacio de soluciones y evitar la convergencia prematura hacia soluciones locales. Para los GA de codificación real utilizados se contemplan ocho estrategias alternativas para el operador de mutación: mutación sigilosa [27], mutación límite o frontera, dos variantes de mutación no uniforme, tres esquemas de mutación multi-no-uniforme y mutación uniforme [34], [35].

La mutación sigilosa es la misma utilizada con anterioridad en los GA de codificación binaria, con el atractivo añadido de que su naturaleza la hace ahora fácilmente aplicable en el caso de la codificación real.

Básicamente, el operador de mutación decide, con probabilidad P_m , si se muta o no un cromosoma de la población. En caso afirmativo se selecciona aleatoriamente aquella variable con índice j a mutar. Para el caso de la estrategia de mutación límite, se le asigna a dicha variable el valor límite inferior o superior, coincidiendo con los extremos del rango dinámico de la misma, tal y como se muestra en (4.8), donde $\beta = U[0,1]$.

$$g'_{hi,n} = \begin{cases} g_{n,\min}, & \text{si } \beta < 0.5, n = j \\ g_{n,\max}, & \text{si } \beta \geq 0.5, n = j \\ g_{hi,n}, & \text{si } n \neq j \end{cases} \quad (4.8)$$

A diferencia de las estrategias sigilosa y límite, existen estrategias mucho más complejas para el operador de mutación. Así por ejemplo, la mutación no uniforme relaciona el grado de mutación de los genes con la evolución de la optimización. En las iteraciones iniciales se modifica mucho más el valor de los genes sometidos a mutación y esta perturbación se reduce gradualmente con el paso de las iteraciones. Con este comportamiento se consigue aunar exploración en la etapa inicial con ajuste fino y rapidez de convergencia en las últimas iteraciones del algoritmo. El problema reside en la puesta a punto de la estrategia, dado que interviene el número máximo de iteraciones, valor que influye directamente en el grado de mutación y, por tanto, en el devenir de la optimización.

Se utilizaron dos estrategias para implementar la mutación no uniforme, identificadas en lo sucesivo como $m1_{nu}$ [34] y $m2_{nu}$ [35], similares conceptualmente, pero regidas por expresiones distintas, (4.9) y (4.10) respectivamente.

$$g'_{hi,n} = \begin{cases} g_{hi,n} + (g_{n,max} - g_{hi,n}) \cdot \left(\beta_2 \left(1 - \frac{k}{K} \right) \right)^b, & \text{si } \beta_1 < 0.5, n = j \\ g_{hi,n} - (g_{hi,n} - g_{n,min}) \cdot \left(\beta_2 \left(1 - \frac{k}{K} \right) \right)^b, & \text{si } \beta_1 \geq 0.5, n = j \\ g_{hi,n}, & \text{si } n \neq j \end{cases} \quad (4.9)$$

$$g'_{hi,n} = \begin{cases} g_{hi,n} + (g_{n,max} - g_{hi,n}) \cdot \left[1 - \beta_2^{\left(1 - \frac{k}{K} \right)} \right], & \text{si } \beta_1 < 0.5, n = j \\ g_{hi,n} - (g_{hi,n} - g_{n,min}) \cdot \left[1 - \beta_2^{\left(1 - \frac{k}{K} \right)} \right], & \text{si } \beta_1 \geq 0.5, n = j \\ g_{hi,n}, & \text{si } n \neq j \end{cases} \quad (4.10)$$

En las expresiones anteriores j coincide con el índice del gen o variable a mutar, seleccionado aleatoriamente. β_1 y β_2 son dos números aleatorios que responden a una distribución uniforme $U[0,1]$. Los términos k y K identifican el índice de la iteración en curso y el número máximo de iteraciones, respectivamente. Por último, el término b es un factor de forma, típicamente de valor 3.

En lo que respecta a la estrategia de mutación multi-no-uniforme, ésta no deja de ser una extensión de la mutación no uniforme en la que básicamente se pasa de aplicar mutación sobre un único gen a hacerlo sobre todo el cromosoma. De hecho, las dos primeras versiones utilizadas, identificadas en lo sucesivo con los términos $m1_{mnu}$ y $m2_{mnu}$, se limitan a aplicar las estrategias de mutación no uniforme, $m1_{nu}$ y $m2_{nu}$ respectivamente, a todos los genes del cromosoma i -ésimo a mutar que ha sido seleccionado de acuerdo con el valor de P_m . Por último, la tercera estrategia de mutación multi-no-uniforme, $m3_{mnu}$, únicamente difiere de la versión $m2_{mnu}$ en que ahora para todos los cromosomas de la población se decide a nivel de gen, con probabilidad P_m , si se muta o no su valor, en cuyo caso simplemente se aplica la expresión (4.10).

La diferencia básica entre aplicar la mutación a nivel de gen o a nivel de cromosoma con una probabilidad P_m , estriba en el grado de perturbación que se desee introducir sobre el individuo. Si se mutan todos los genes de un cromosoma puede perderse la calidad de una solución. En el extremo opuesto, puede resultar más interesante recorrer todos los parámetros de todos y cada uno de los miembros

de la población y mutar genes aislados de cada uno de ellos, cuyo número variará en función de la longitud del cromosoma y del valor de P_m .

Por último, la estrategia de mutación uniforme [34], en caso de que se decida con probabilidad P_m mutar el cromosoma i -ésimo, selecciona aleatoriamente el parámetro con índice j a mutar y lo reinicia con un valor aleatorio que sigue una distribución uniforme, de acuerdo con (4.11).

$$g'_{hi,n} = \begin{cases} U[g_{n,\min}, g_{n,\max}] & , n = j \\ g_{hi,n} & , \text{si } n \neq j \end{cases} \quad (4.11)$$

4.3.3 Control de la presión sobre la convergencia

A diferencia de los GA de codificación binaria, donde sobre el esquema de la Figura 4.2 se utilizaba selección por torneo con dos individuos y elitismo para mantener generacionalmente al mejor cromosoma de la población, en el caso de los GA de codificación real se ha dado flexibilidad a ambos parámetros.

En lo que respecta a la selección por torneo y tal y como propone Goldberg en [18], el número de cromosomas que participan en un torneo para elegir a aquel que participará posteriormente en la reproducción influye directamente en la velocidad de convergencia del algoritmo. Para $N_c=2$, la presión que ejerce la selección sobre la convergencia es mínima, porque al competir únicamente dos individuos, los mejores cromosomas participarán en la reproducción un número de veces relativamente bajo que, dependiendo del problema, puede llegar a hacer que la optimización se torne excesivamente lenta. Por el contrario, cuanto mayor sea el tamaño de la subpoblación que participa en el torneo mayor número de veces se transmitirán los mejores individuos a la siguiente generación, acelerando así la convergencia. Obviamente, debe buscarse un balance adecuado para acelerar la optimización, pero sin provocar la convergencia prematura hacia una solución local. En [18] se recomiendan valores para N_c de entre el 2 y el 10% del tamaño de la población, y en problemas de transformación de campo se observó una mejoría notable en el rendimiento del método al utilizar valores de entre el 2 y el 4%.

En línea con lo anterior y con el objetivo de aumentar la presión sobre la convergencia sin afectar a la calidad de la solución final, puede actuarse sobre el número de los mejores cromosomas que se conservan generación a generación. Comúnmente, el elitismo preserva iteración a iteración el mejor individuo, pues la naturaleza estocástica de la selección o la aplicación de los operadores de cruce y mutación pueden hacer que esta solución se pierda. Si en lugar de un cromosoma se copian generacionalmente un reducido porcentaje de los mejores individuos de la

población (entre el 1 y el 3% en problemas de transformación de campo), se transmiten soluciones que pueden apuntar a diferentes regiones del espacio, permitiendo indirectamente acelerar la convergencia.

4.3.4 Diferencias entre codificación binaria y real

Las diferencias, ventajas e inconvenientes del tipo de codificación están relacionadas con tres aspectos fundamentales, cuales son la precisión de los resultados, el coste computacional y la complejidad del algoritmo.

Para problemas con parámetros en el dominio \mathbb{R} , la lógica hace pensar que al utilizar GA de codificación real puedan obtenerse resultados más precisos, con límites impuestos por la precisión de la máquina (16, 32 ó 64 bits). Por el contrario, en el caso de utilizar codificación binaria la precisión viene limitada por el número de bits utilizados para cuantificar el rango de variación de cada parámetro.

En cuanto al coste computacional, el GA real es supuestamente más rápido, tal y como se demuestra, entre otros, en [34]. Sin embargo, esta afirmación puede variar dependiendo del tipo de problema al que se aplique una u otra codificación. A modo de ejemplo, en aplicaciones de síntesis de agrupaciones los resultados mostrados por Haupt en [37] muestran la superioridad de los GA binarios, y en aplicaciones de transformación de campo los resultados de [38] siguen esta misma tendencia.

En problemas de transformación de campo mediante GA, en los que pueden llegarse a manejar cromosomas compuestos por varios centenares de parámetros, el potencial de la codificación binaria se atribuye a la naturaleza discreta del espacio de búsqueda, frente al espacio infinito asociado con la codificación real. La utilización de un número adecuado de bits reduce drásticamente el espacio de búsqueda y facilita la convergencia. En problemas con un número reducido de variables este efecto no es apreciable y por ello es más sencillo y eficaz utilizar la codificación real.

En lo que respecta a la complejidad del algoritmo, cada alfabeto tiene sus ventajas e inconvenientes. En el caso binario, la selección del número de bits, las operaciones de codificación y decodificación, la mayor longitud del cromosoma y la necesidad de utilizar más recursos para almacenar y manejar las variables, constituyen las principales limitaciones de este esquema [36]. Por el contrario, la codificación real parte de una estructura interna mucho más sencilla en la que se suprimen todas las limitaciones del esquema binario pero que, como contrapartida, utiliza estrategias para los operadores de cruce y mutación mucho más complejas.

4.4 Algoritmos micro-genéticos

Con independencia del alfabeto que se utilice para representar los parámetros del problema electromagnético a analizar, la optimización del rendimiento del algoritmo se centra en buscar alternativas a los esquemas clásicos, con el objetivo de reducir el coste computacional final.

La práctica habitual al aplicar GA a un cierto problema es utilizar una estrategia concreta para los operadores de selección, cruce y mutación, y proceder a afinar aspectos tales como las probabilidades de cruce y mutación, la función de fitness y el tamaño de la población. Sin embargo, el ajuste requiere lanzar múltiples realizaciones, que dada la naturaleza estocástica del algoritmo no siempre garantizan que la configuración elegida sea la más idónea para el problema en cuestión, salvo que se haga un estudio paramétrico pormenorizado. Dada la gran cantidad de parámetros que pueden llegar a condicionar el funcionamiento del método, si lo que se busca es mejorar significativamente el rendimiento global del algoritmo, deben buscarse alternativas más agresivas a la mera sintonización del esquema clásico. No obstante, el efecto obtenido al introducir cualquier modificación estará íntimamente ligado con la naturaleza del problema a tratar.

Mejorar el rendimiento del método implica, indirectamente, reducir el número de llamadas a la función de fitness, dado que en problemas complejos y tal y como ya se anticipó en secciones previas, el mayor porcentaje del tiempo de CPU se dedica a evaluar el potencial de cada solución. El número de evaluaciones del fitness es proporcional al tamaño de la población, de tal forma que deben buscarse soluciones que aboguen por manejar tamaños de población más pequeños que el GA clásico, sin que esto implique una pérdida de diversidad o de capacidad de exploración.

En [39], Haupt propone como alternativa a la configuración clásica de los GA combinar tamaños pequeños de población con valores altos de mutación, para así compensar con la mutación la pérdida de diversidad asociada con la reducción del número de individuos. Aunque los resultados obtenidos por Haupt avalan su propuesta, existen variantes mucho más extendidas en la literatura, de entre las cuales destacan los así denominados algoritmos micro-genéticos (μ GA).

En contraposición con lo expuesto en [39], en los μ GA una población de individuos se hace evolucionar generacionalmente en base a los mecanismos de selección y cruce, sin aplicar mutación a los cromosomas. El hecho de eliminar el operador de mutación implica que, inexorablemente, toda la población en su conjunto convergerá rápidamente hacia el mejor individuo de la población. Si se utilizan tamaños de población relativamente pequeños (de 20 a 50 individuos

típicamente), la convergencia prematura está asegurada. Básicamente, en los μ GA, cuando se detecta que la tasa de convergencia de la población excede un cierto umbral (alrededor del 95% normalmente), entendiendo como tal el grado de similitud entre todos los cromosomas, se reinicia aleatoriamente toda la población manteniendo únicamente la mejor solución obtenida hasta el momento. En el caso de utilizar codificación binaria, la tasa de convergencia se mide como la relación entre el número de bits en los que coinciden todos los cromosomas y la longitud total del cromosoma [27]. Para los GA de codificación real el concepto no está tan claro. En los μ GA de codificación real desarrollados en el marco del presente trabajo la tasa de convergencia se calcula a nivel de gen, suponiendo una cierta tolerancia para decidir si dos parámetros son o no idénticos.

El reinicio de la población manteniendo el mejor individuo se traduce sobre los estadísticos de la optimización en caídas bruscas en el fitness promedio, justificado por el hecho de que al incorporar nuevas soluciones éstas aportan diversidad al algoritmo, permitiendo explorar nuevas zonas del espacio de búsqueda.

En los últimos años los μ GA se han utilizado con éxito en aplicaciones muy dispares como alternativa a los GA clásicos. Así por ejemplo, en [32] y [40] se aplicaron μ GA de codificación binaria al diseño de absorbentes, en [41] se aplican los μ GA al análisis de la resistencia mecánica de placas PCB en su proceso de fabricación y en [42] son aplicados a la reconstrucción de imagen.

En comparación con los GA convencionales, los μ GA exhiben en términos globales una convergencia mucho más rápida, tal y como se demuestra en [43]. De igual modo, los μ GA de codificación binaria fueron utilizados con éxito en problemas de transformación de campo con un rendimiento muy superior al de los GA binarios clásicos [44], tal y como se demuestra en [45] y [46].

En problemas de transformación de campo con antenas de varias longitudes de onda, los μ GA de codificación real se mostraron inestables, muy difíciles de sintonizar y, en definitiva, con un rendimiento muy pobre en contraste con el de sus homónimos binarios. La mayor extensión del espacio de búsqueda, el criterio establecido para fijar la convergencia de la población y la longitud del cromosoma, justifican las limitaciones de los μ GA reales. De hecho, en [41] ya se anticipa que, comúnmente, los μ GA son poco prácticos cuando se intenta encontrar una solución global a un problema que tiene un número muy elevado de incógnitas.

En la Figura 4.3 se muestra el diagrama de bloques de los μ GA utilizados [47]. Se muestra un diagrama un tanto genérico, válido tanto para codificación binaria como codificación real, sin más diferencias que en lo que atañe a la propia codificación de las variables, innecesaria en el caso de utilizar codificación real. Para el caso binario se adaptó el algoritmo propuesto por Carroll en [27] y para la

codificación real se desarrolló íntegramente el algoritmo, como extensión al descrito en la sección anterior.

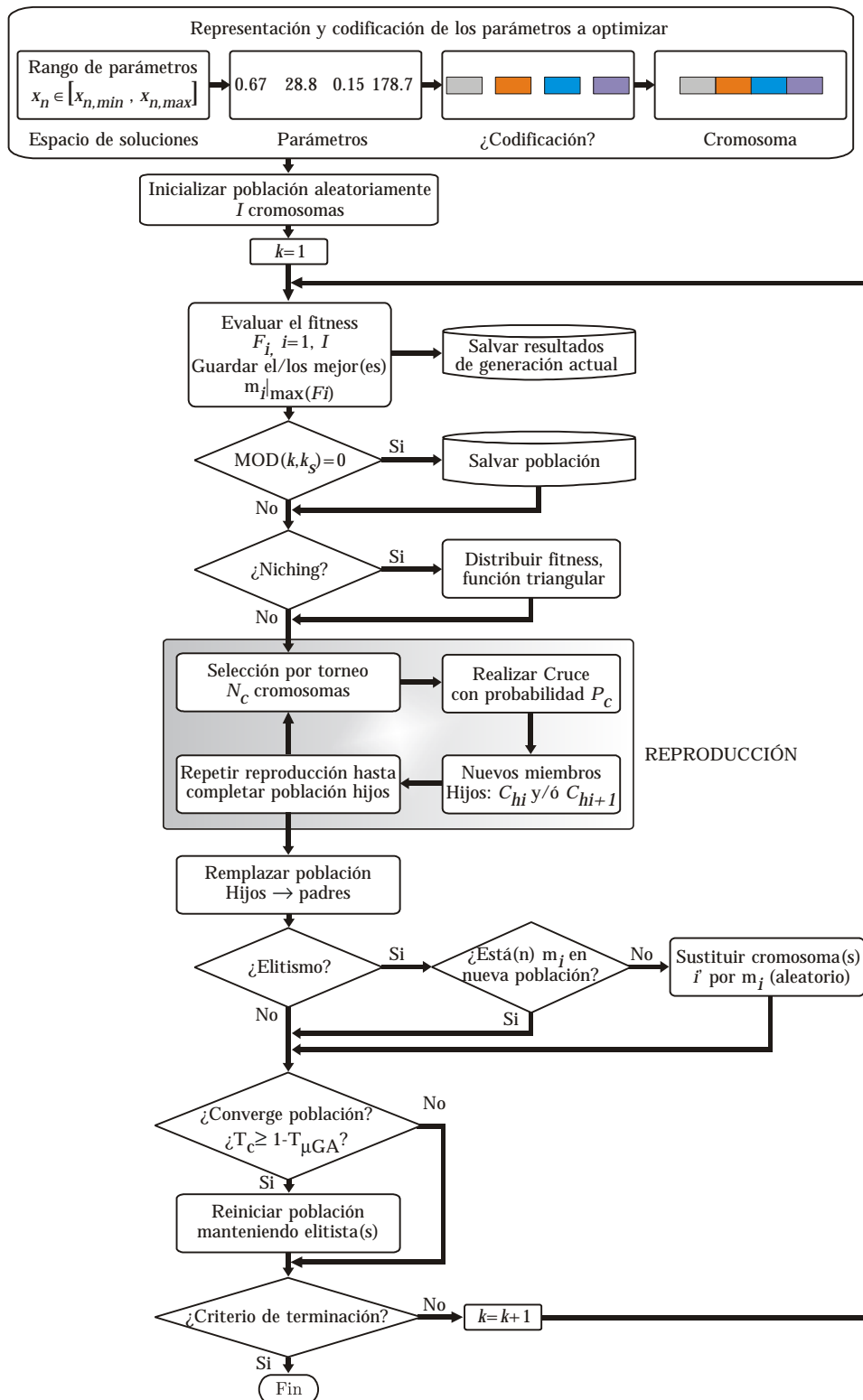


Figura 4.3. Diagrama de flujo del algoritmo micro-genético. La necesidad de codificar los parámetros y el valor para los términos N_c y m_i , dependerá de si se utiliza codificación binaria (código binario, $N_c=2$, 1 elitista) o real (mapeo directo, N_c y número de elitistas a criterio del usuario).

4.5 Algoritmos genéticos híbridos

La naturaleza estocástica de los GA, con una exploración exhaustiva del espacio de soluciones, hace que su convergencia sea mucho más lenta que la asociada con los métodos locales de optimización. Aún cuando el algoritmo genético se encuentra en la región de la solución global, el mecanismo interno del método fuerza a éste a seguir con el mismo dinamismo, salvo que se tomen medidas adicionales para acelerar la convergencia, entre las cuales, la más trivial pasa por reducir la probabilidad de mutación en la fase final de la optimización.

Con el objetivo de combinar exploración y velocidad de convergencia nacen los algoritmos genéticos híbridos (HGA). Básicamente, la idea que subyace bajo los HGA es combinar el potencial de los GA y de un segundo método de optimización, generalmente un método de búsqueda local. En la gran mayoría de los casos la optimización arranca con los GA, sobre los cuales recae la tarea de explorar el espacio de soluciones para encontrar una región que contenga con alta probabilidad a la solución global. Cuando la velocidad de convergencia de los GA se hace excesivamente lenta se detiene su ejecución y se lanza un método local, que a partir de la solución alcanzada por la técnica global desciende o asciende rápidamente hacia la solución final. El único problema añadido que introducen los HGA está relacionado con la selección del punto óptimo de inserción del método local. Si se lanza excesivamente pronto, puede ocurrir que el GA aún no haya llegado a una región adecuada, convergiendo el HGA a una solución de baja calidad. Por el contrario, si se deja evolucionar demasiado a los GA, se desaprovecha el potencial de los HGA. En definitiva, la principal dificultad de los HGA está relacionada con la selección del punto óptimo de inserción del método de búsqueda local.

En lo que respecta al potencial de los HGA, en [48] se demuestra la superioridad manifiesta de los HGA sobre los GA clásicos de codificación binaria y real, y sobre otros métodos de optimización local para una aplicación concreta. Los HGA propuestos por Haupt y otros en [48] y [49] combinan GA de codificación real con el método de Nelder Mead ya introducido en el capítulo previo. En esta misma dirección, otros autores combinan los GA de naturaleza real con un método local de descenso por gradiente para acelerar la convergencia en las últimas iteraciones del algoritmo [6].

La definición de algoritmo genético híbrido es mucho más extensa y contempla también otros múltiples esquemas que combinan la utilización de los GA con otras técnicas de optimización diversas, siempre y cuando esta unión redunde en una mejora respecto al caso de los GA aislados. Así por ejemplo, en [50] se aplican los GA junto con el recocido simulado (RS) a problemas de reconstrucción de imagen. Al igual que en los HGA convencionales, los GA se utilizan para realizar la

exploración inicial del espacio de soluciones y posteriormente se aplica el RS para refinar la solución. Otras variantes híbridas que combinan GA y RS se han aplicado con éxito en radar [51] y en síntesis de agrupaciones [52], [53]. En estos casos, la concepción del algoritmo no es la propia del HGA expuesta en párrafos anteriores. Así por ejemplo, Ares y otros en [52] y [53] utilizan los GA para reducir el número de elementos a excitar en agrupaciones planas, aplicando posteriormente RS para optimizar la excitación de dichos elementos.

Una alternativa más reciente es la propuesta por Rahmat-Samii y otros en [54], donde se combinan dos métodos estocásticos de optimización global, tales como los GA y la optimización con enjambre de partículas (PSO).

Con independencia del esquema que se utilice, en ningún caso deben confundirse los HGA con los algoritmos meméticos, aunque su estructura interna aparentemente sólo difiera en que, en estos últimos, el método local se aplica iteración a iteración.

En la Figura 4.4 se muestra el diagrama de bloques de los HGA utilizados en el presente trabajo. Atendiendo a los esquemas de los GA clásicos (Figura 4.2) y de los μ GA (Figura 4.3), los algoritmos genéticos híbridos propuestos pueden utilizar como referencia inicial soluciones anteriores obtenidas con dichos esquemas y almacenadas en fichero. En su defecto, se puede optar por ejecutar de nuevo el núcleo central de los GA durante K_1 iteraciones, para posteriormente aplicar el algoritmo de búsqueda local durante K_2 iteraciones.

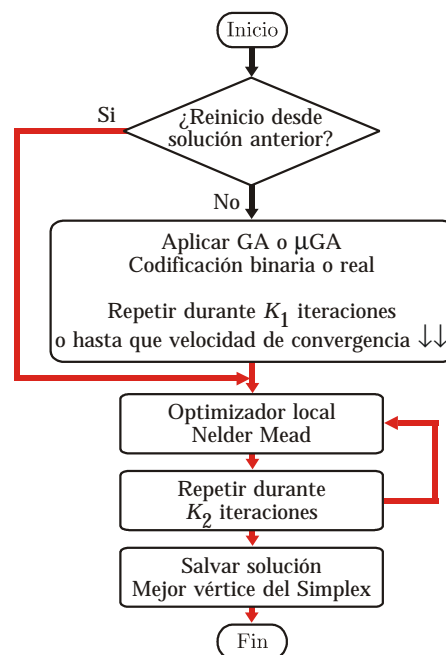


Figura 4.4. Diagrama de bloques de los algoritmos genéticos híbridos.

4.6 Cancelación de ecos en una cámara apantallada utilizando algoritmos genéticos

Aunque los esquemas de optimización propuestos se han orientado a la resolución de problemas de transformación de campo, paralelamente se han aplicado en otras líneas de investigación. En concreto, el método propuesto, sujeto a pequeñas modificaciones, fue utilizado en sus orígenes en aplicaciones dentro del campo de la Compatibilidad Electromagnética (CEM) y para el modelado de la radiación de antenas utilizando técnicas de bajo coste [55]-[57].

En materia de CEM, la medida de las emisiones radiadas por un cierto EBP es una de las tareas económicamente más costosa. De acuerdo con la normativa de CEM, por ejemplo la norma EN55022, se especifican los límites para las emisiones radiadas por un EBP a distancias de 10 y 30 m, siendo así preciso realizar dichas medidas en zonas de prueba abiertas, *Open Area Test Site* (OATS), o en el interior de cámaras semianecóicas de grandes dimensiones. Sin embargo, estas técnicas de medida, por su elevado coste, hacen recomendable buscar alternativas que ofrezcan la posibilidad de recuperar el campo lejano de un EBP arbitrario a partir de medidas en campo cercano.

En la literatura se han propuesto diferentes métodos dirigidos a abordar este problema. En [58] y [59] el diagrama de radiación en campo lejano se calcula a partir de la información de amplitud en campo cercano, utilizando posteriormente algoritmos de recuperación de fase. Otros autores proponen la recuperación del diagrama a partir de medidas en campo cercano, utilizando el método de los momentos. En este caso se requiere la información de fase, siendo preciso utilizar instrumentación más sofisticada y, por tanto, entornos de medida sujetos a una mayor inversión económica. Como alternativa, en [60]-[62] se modela la radiación de un EBP utilizando un conjunto de dipolos eléctricos y magnéticos cuyos parámetros son optimizados empleando un método basado en algoritmos genéticos.

En esta sección se presenta como alternativa un sistema de medida de bajo coste que ha sido aplicado a la caracterización de las emisiones radiadas por EBPs y a la recuperación del diagrama de radiación de antenas. El método se basa en encontrar aquel conjunto de dipolos cortos equivalentes, eléctricos y magnéticos, que mejor aproxima la radiación de la antena o del EBP. Por lo tanto, se mantienen los principios del método ya descrito en capítulos precedentes, con la diferencia de que ahora deben procesarse muestras de campo cercano con información de amplitud únicamente. Adicionalmente, las condiciones del entorno de medida varían, pasando de suponer muestras de campo cercano tomadas sobre un entorno anecóico a modelar la propagación en el interior de un recinto apantallado.

4.6.1 Modelado de la radiación de una fuente en cámara apantallada

Para validar el método objeto de estudio en la presente sección se utilizará como recinto de medida una cámara apantallada, diseñada y construida para tales propósitos. Básicamente, el recinto de medida está formado por un armazón exterior autosoportable, recubierto interiormente con planchas de aluminio de 1 mm de grosor que confieren al habitáculo un espacio útil interior de dimensiones $4.42 \times 2.92 \times 2$ m. El sistema de medida se completa con un sistema automatizado de posicionamiento lineal de sonda y con la instrumentación pertinente según el tipo de medida a realizar. En la Figura 4.5 se muestra un detalle del interior del recinto de medida, así como de las dos configuraciones de medida utilizadas, aplicadas respectivamente a CEM y a la caracterización de una antena bajo prueba (ABP). El esquema de la Figura 4.5(d) pudiera dar lugar a confusión por el hecho de utilizar un analizador vectorial de señal cuando las bases del método abogan por descartar la información de fase. La justificación es inmediata, atendiendo a la limitación del rango de frecuencias del analizador de espectros SSA1000A de Farnell.

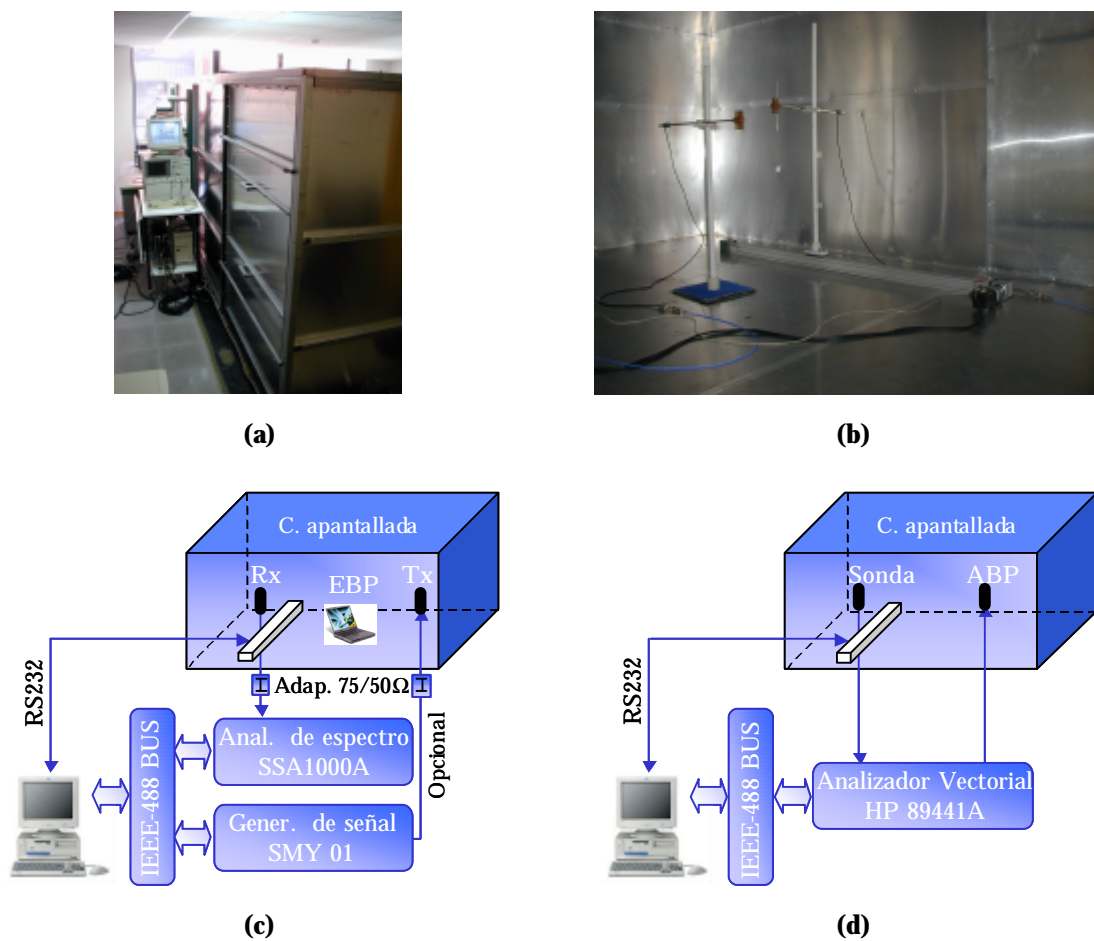


Figura 4.5. Detalles del sistema de medida. (a) Exterior de la cámara. (b) Detalle del interior de la cámara apantallada. (c) Diagrama de bloques. Aplicación a medidas de CEM. (d) Diagrama de bloques. Aplicación a la medida de antenas.

El método que se propone combina el teorema de equivalencia para modelar la fuente, con la teoría de imágenes y la óptica geométrica para caracterizar la radiación en el interior de la cámara apantallada. Haciendo uso del teorema de equivalencia, se utiliza un modelo para el EBP o la ABP basado en un conjunto de N corrientes eléctricas y magnéticas equivalentes dispuestas sobre la superficie de un volumen que contiene a la fuente. En este caso particular, las densidades de corriente se modelaron utilizando dipolos cortos distribuidos uniformemente sobre la superficie de un paralelepípedo, tal y como se muestra en la Figura 4.6.

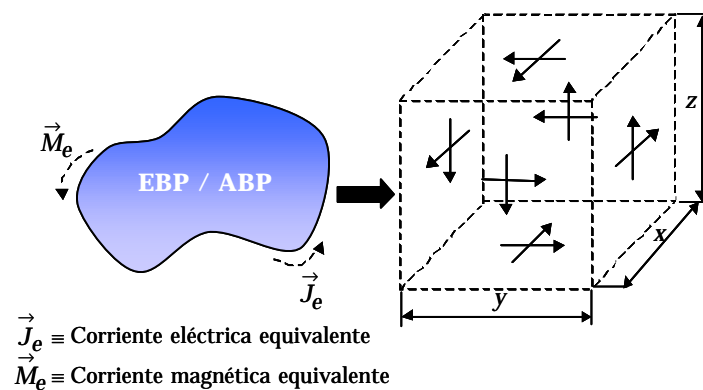


Figura 4.6. Modelado de la fuente de acuerdo con el teorema de equivalencia, utilizando dipolos cortos eléctricos y/o magnéticos con una distribución espacial preestablecida.

Una vez se ha seleccionado el modelo que reemplazará al equipo a medir, el siguiente paso es calcular los campos radiados por los dipolos en cualquier punto interior de la cámara apantallada. Teóricamente, las paredes de la cámara se consideran conductor perfecto, de forma que los campos radiados por los N dipolos pueden ser calculados aplicando teoría de imágenes y trazado de rayos, tal y como se presenta a modo de ejemplo en la Figura 4.7.

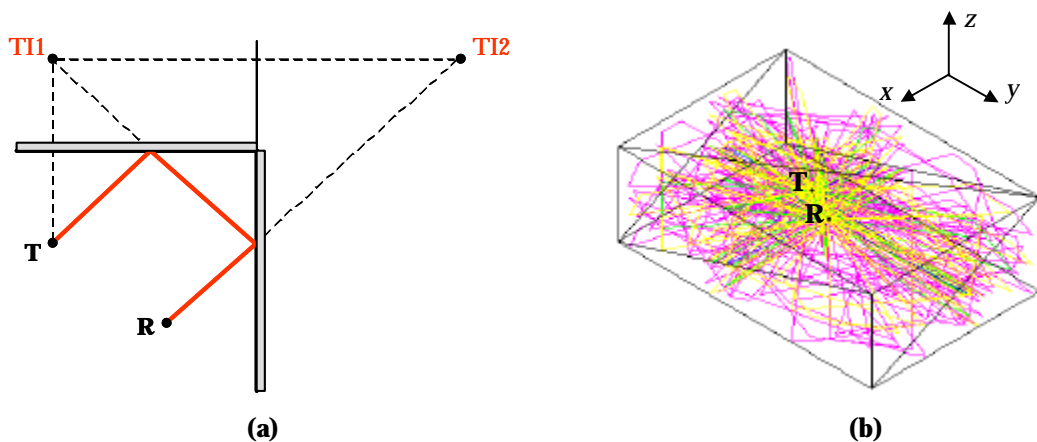


Figura 4.7. Propagación en la jaula de Faraday utilizando óptica geométrica. (a) Ejemplo gráfico del trazado de una segunda reflexión. (b) Campo radiado por un dipolo en un punto al considerar la contribución del rayo directo y de las reflexiones hasta el cuarto orden ($D+R+R^2+R^3+R^4$).

Atendiendo al trazado de rayos, cuanto mayor sea la frecuencia de trabajo menor efecto tendrán sobre la solución las contribuciones de orden superior, acelerándose ostensiblemente la simulación al descartarlas. Como contrapartida, al omitir efectos de propagación el método puede llegar a soluciones erróneas.

El software desarrollado ofrece la posibilidad de considerar como contribuciones a la propagación hasta las reflexiones de octavo orden. La elección adecuada del número de efectos a utilizar para modelar la propagación es crítica en cuanto a la precisión de la solución final y desde el punto de vista de la viabilidad del método, de acuerdo con el coste computacional que lleva asociado, tal y como se resume en la Tabla 4.1.

Efectos	Tiempo de CPU (seg/punto)
D	1.05×10^{-5}
D+R	1.42×10^{-4}
D+R+R ²	1.11×10^{-3}
D+R+R ² +R ³	8.72×10^{-3}
D+R+R ² +R ³ +R ⁴	7.74×10^{-2}
D+R+R ² +R ³ +R ⁴ +R ⁵	0.73
D+R+R ² +R ³ +R ⁴ +R ⁵ +R ⁶	7.25
D+R+R ² +R ³ +R ⁴ +R ⁵ +R ⁶ +R ⁷	71.17
D+R+R ² +R ³ +R ⁴ +R ⁵ +R ⁶ +R ⁷ +R ⁸	708.73

Tabla 4.1. Tiempos de simulación en función del número de efectos utilizados para caracterizar la propagación. Valores correspondientes al cálculo del campo radiado por un dipolo en un punto. (Procesador Intel PIII® a 800 MHz).

Seleccionado el modelo de dipolos para caracterizar la radiación de la fuente y el número de efectos para reproducir la propagación en el interior del recinto apantallado, el método se centra en optimizar los parámetros de cada dipolo del modelo equivalente, de forma que en conjunto radien lo más parecido posible al EBP o ABP a caracterizar; tomando como referencia para realizar el ajuste la información de campo cercano previamente calculada o medida en puntos discretos del entorno de la fuente.

El campo eléctrico radiado por un dipolo eléctrico o magnético en un punto espacial arbitrario es función de su vector de posición, orientación y excitación o momento dipolar [63]. Sin embargo, de acuerdo con el modelado de la fuente propuesto en la Figura 4.6, los N dipolos que forman el modelo equivalente se colocan en una posición fija $r=(x,y,z)$, con una orientación conocida (θ,ϕ) y con un tipo establecido a priori (dipolos eléctricos y/o magnéticos). En definitiva, los únicos parámetros a optimizar para conformar el diagrama de radiación del conjunto de dipolos son la amplitud y la fase del momento dipolar.

Inicialmente se sopesó la posibilidad de tratar de forma más genérica el problema, utilizando como en [60]-[62] un modelo de N dipolos distribuidos arbitrariamente en el interior del volumen que encierra al EBP, procediendo así a optimizar los siete parámetros que caracterizan a cada dipolo. La idea es identificar las corrientes sobre el EBP para dotar al método de una mayor versatilidad. El inconveniente radica en la incidencia adversa que sobre el coste computacional tiene el cálculo en cada iteración del campo radiado por cada dipolo del modelo en cada punto de campo cercano. Para justificar este efecto negativo, basta con analizar la expresión del campo radiado por el conjunto de los N dipolos en cada punto de interés, supuestos la mitad eléctricos y la otra mitad magnéticos, dada por

$$E = \sum_{n=1}^{N/2} [R_n]^{-1} [T_n]^{-1} E_{en} + \sum_{n=1}^{N/2} [R_n]^{-1} [T_n]^{-1} E_{mn} \quad (4.12)$$

donde $[R_n]$ y $[T_n]$ representan a las matrices de rotación y traslación utilizadas para expresar el campo en el sistema de coordenadas global en función del campo radiado por un dipolo eléctrico o magnético, E_{en} ó E_{mn} , situado en el origen y orientado según el eje z .

Si se deja libertad a los GA para optimizar los siete parámetros del dipolo, para conocer el campo radiado por el conjunto de dipolos en cada iteración se precisará evaluar la expresión (4.12) tantas veces como puntos de medida se consideren. Sin embargo, si se utiliza el modelo equivalente de la Figura 4.6, el tiempo de cómputo puede reducirse varios órdenes de magnitud, dado que en la expresión (4.12) el momento dipolar es una constante y el cálculo de (4.12) se reduce en este caso a un cálculo único inicial, que depara como resultado sendas matrices que contienen los niveles de campo en cada punto de medida, a falta de introducir el valor del momento dipolar objeto de la optimización.

Supogamos que se utiliza el conjunto de N dipolos para modelar la radiación de un EBP a partir de P muestras de amplitud de campo, E_p . De acuerdo con lo anteriormente expuesto, se puede definir un vector C a optimizar

$$C = (M_1, F_1, \dots, M_p, F_p, \dots, M_N, F_N) \quad (4.13)$$

donde, para el dipolo i , M_i y F_i representan la amplitud y fase del momento dipolar. Cada vector C se identifica con un cromosoma de la población y representa una posible solución potencial al problema, explorando un área específica dentro del espacio de soluciones. El campo radiado por los N dipolos en cualquiera de los P puntos de medida es una función del propio vector C , siendo posible definir una función de coste o función de fitness F , cuya maximización permite obtener el vector C que mejor aproxima a las P muestras de campo cercano.

$$F = \sum_{p=1}^P Cte - E_p - E_p(C) \quad (4.14)$$

$$F = \sum_{p=1}^P \frac{1}{1 + |E_p - E_p(C)|^2} \quad , \quad F \in (0, P) \quad (4.15)$$

Ambas funciones de fitness fueron utilizadas con éxito, pero por la naturaleza del problema se comprobó que la expresión (4.15) ofrece un rendimiento muy superior al de (4.14), relegando a esta última a un segundo plano. En definitiva, el problema se reduce a maximizar F en (4.15). Para tales propósitos se utilizan los GA de codificación binaria de la sección 4.2, con selección por torneo, cruce uniforme y mutación sigilosa [27].

4.6.2 Recuperación del diagrama de radiación de dos dipolos eléctricos

El rendimiento del método propuesto fue analizado con una gran diversidad de problemas teóricos, utilizando para realizar el ajuste muestras de campo, E_p , sintetizadas teóricamente sobre superficies planas alrededor de la fuente radiante. A modo de ejemplo, en esta sección se muestran los resultados obtenidos al recuperar el diagrama de radiación de dos dipolos eléctricos a una frecuencia de trabajo de 1.4 GHz, utilizando para ello un modelo equivalente formado por 24 dipolos, 12 eléctricos y 12 magnéticos, distribuidos de acuerdo con la geometría de la Figura 4.6, donde $x=y=z=\lambda/3$. El método utiliza como información de referencia para realizar el ajuste el módulo de las componentes de campo vertical y horizontal tangentes a cuatro superficies planas distribuidas alrededor de la ABP, calculadas teóricamente sobre puntos discretos equiespaciados $\lambda/2$. En la Figura 4.8 se ilustran de forma gráfica todas estas especificaciones y en la Tabla 4.2 se detallan los parámetros de la fuente a modelar.

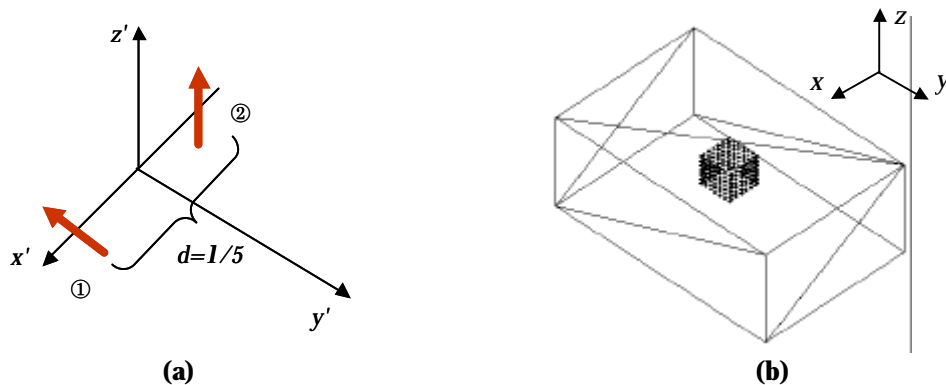


Figura 4.8. Configuración geométrica del problema. (a) ABP objeto de análisis. (b) Distribución geométrica de los 182 puntos de campo cercano con información de referencia.

Parámetro	Dipolo N° 1	Dipolo N° 2
Vector de posición, $r(m)$	(1.485,2.215,1.370)	(1.445,2.215,1.370)
Orientación, (θ,ϕ) (°)	(90,270)	(0,90)
Excitación, I (mA×m)	$0.15 \times e^{j0.0}$	$0.15 \times e^{j0.0}$

Tabla 4.2. Parámetros de la fuente a modelar.

Las muestras del campo radiado por la ABP utilizadas como referencia en el ajuste fueron calculadas sobre los puntos de la Figura 4.8(b), considerando sólo hasta los efectos de tercer orden ($D+R+R^2+R^3$). Sin embargo, durante la optimización del modelo equivalente se probaron diferentes órdenes de reflexión, con el objetivo de analizar la incidencia de nuevas contribuciones sobre el diagrama de radiación en campo lejano.

En la Figura 4.9 se muestran los resultados de la optimización cuando se consideran las mismas contribuciones al campo total que las del modelo teórico ($D+R+R^2+R^3$); presentando por separado el ajuste para las componentes vertical y horizontal en cada uno de los 182 puntos del mallado (364 muestras en total). Por simple inspección sobre la gráfica, se puede concluir que el modelo equivalente optimizado de la ABP reproduce fielmente el comportamiento de la misma en campo cercano, sobre los puntos del mallado.

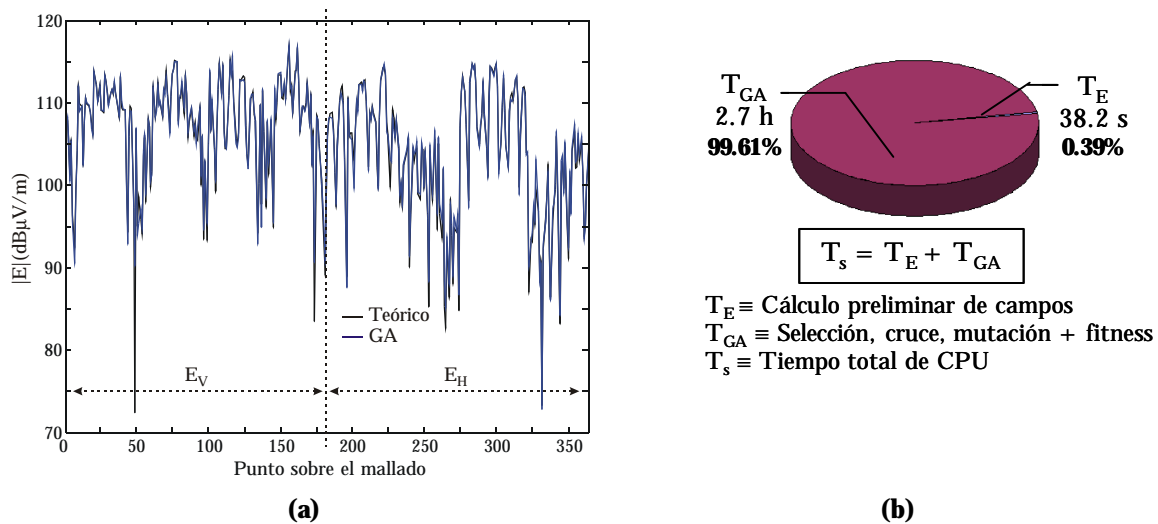


Figura 4.9. Resultados de la optimización. (a) Comparativa en campo próximo de los niveles de campo radiado por la ABP original tomados como referencia en la simulación, con la radiación del modelo equivalente de dipolos. (b) Distribución de los tiempos de simulación.

Los tiempos de simulación de la Figura 4.9(b) permiten resaltar la principal limitación del método. Al margen del cálculo inicial de campos, los tiempos de simulación dependen principalmente del proceso inherente a la evolución generacional de la población en los GA. A mayor número de dipolos, mayor longitud de los cromosomas y, en consecuencia, se precisa utilizar poblaciones de

mayor tamaño para mantener la diversidad y evitar así la convergencia prematura del método de optimización. El aumento de la población provoca el consiguiente aumento del término T_{GA} , de tal modo que la utilidad del método queda acotada por las dimensiones del EBP o ABP o, lo que es lo mismo, por el número de dipolos del modelo equivalente de la fuente.

El modelo equivalente de dipolos optimizado reemplazará desde este momento a la ABP. Para que esta afirmación tenga validez, el modelo equivalente debe reproducir con cierta fidelidad la radiación en campo lejano de la fuente. Con este propósito, en la Figura 4.10 se muestra el diagrama de radiación recuperado con el modelo equivalente de dipolos optimizado para un cierto corte. Se llevaron a cabo diversas simulaciones variando el número de efectos que intervienen en la propagación, para así analizar como influye en los resultados el despreciar componentes del multicamino al modelar la propagación en el recinto apantallado.

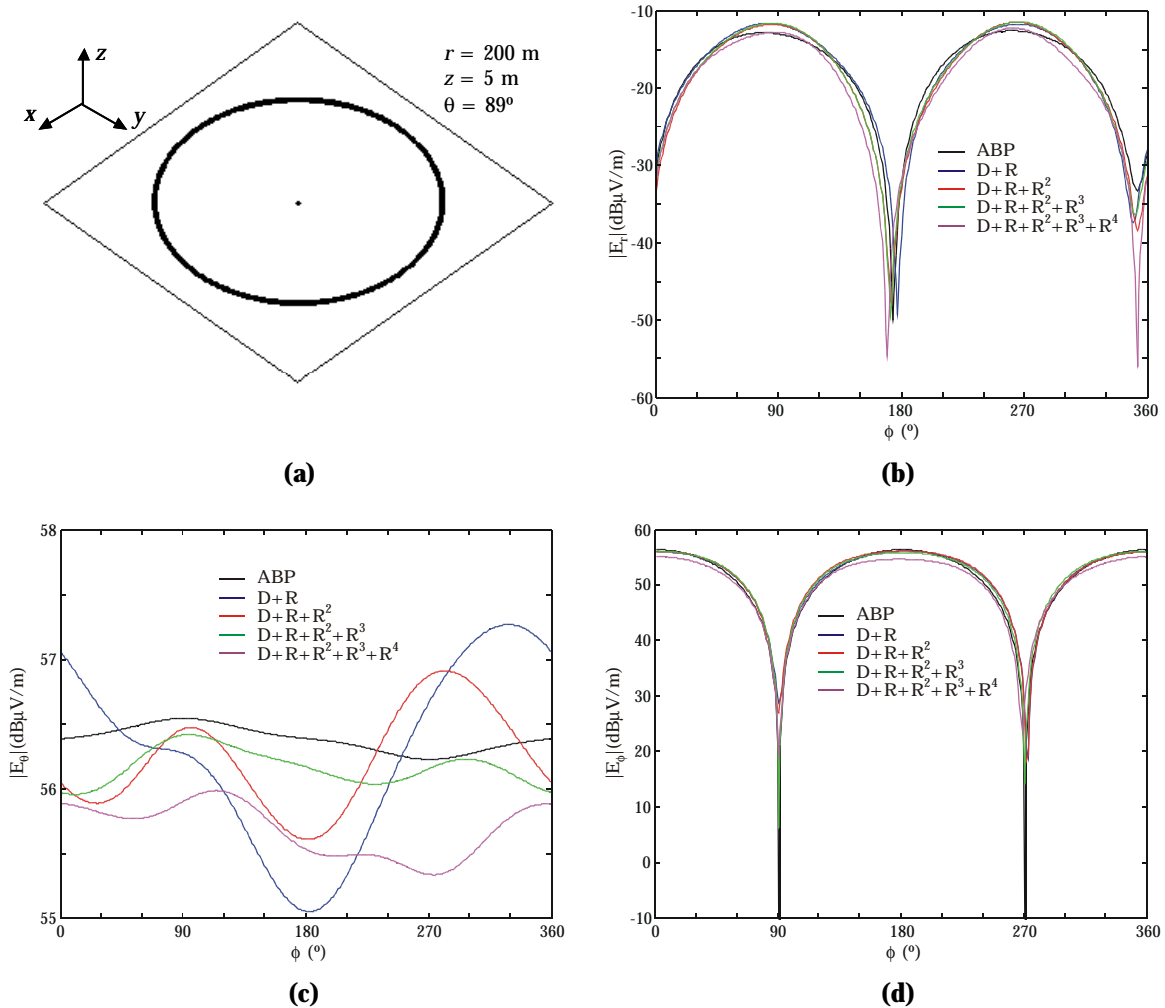


Figura 4.10. Componentes del diagrama de radiación del modelo equivalente recuperado con GA variando los efectos que intervienen en la propagación. (a) Corte de interés. (b) Amplitud de la componente E_r . (c) Amplitud de la componente E_θ . (d) Amplitud de la componente E_ϕ .

Atendiendo a las componentes del diagrama de radiación mostradas en la figura anterior, se puede concluir que la precisión del método, por estos y otros resultados, es bastante buena. En este momento se puede intuir la utilidad del método desde un punto de vista eminentemente práctico. Supóngase que se desea conocer el diagrama de radiación de una antena arbitraria o bien medir las emisiones radiadas por un equipo en materia de CEM. A partir de la información de campo cercano, el método propuesto debiera recuperar un modelo equivalente para la fuente a partir del cual obtener su diagrama de radiación. Con este propósito, a continuación se incluyen los resultados obtenidos en un caso práctico.

4.6.3 Recuperación del diagrama de radiación de una antena bicónica

Con el objetivo de analizar el potencial y las limitaciones de los GA para esta aplicación se intentó recuperar el diagrama de radiación de una antena bicónica de banda ancha (2-18 GHz) de Electrometrics[®]. Las medidas se realizaron en la cámara apantallada de acuerdo con la configuración de la Figura 4.5(b) y fuera de banda, a 1.4GHz. Se midió la información de amplitud de la componente vertical en puntos equiespaciados $\lambda/2$ sobre cuatro planos alrededor de la antena, separados 2λ de ésta, de acuerdo con la configuración expuesta en la Figura 4.11, y utilizando una segunda antena bicónica como sonda. Como equipo de medida se utilizó el analizador vectorial de señal HP89441A y se descartó la información de fase para analizar la capacidad que tiene el método propuesto para recuperarla.

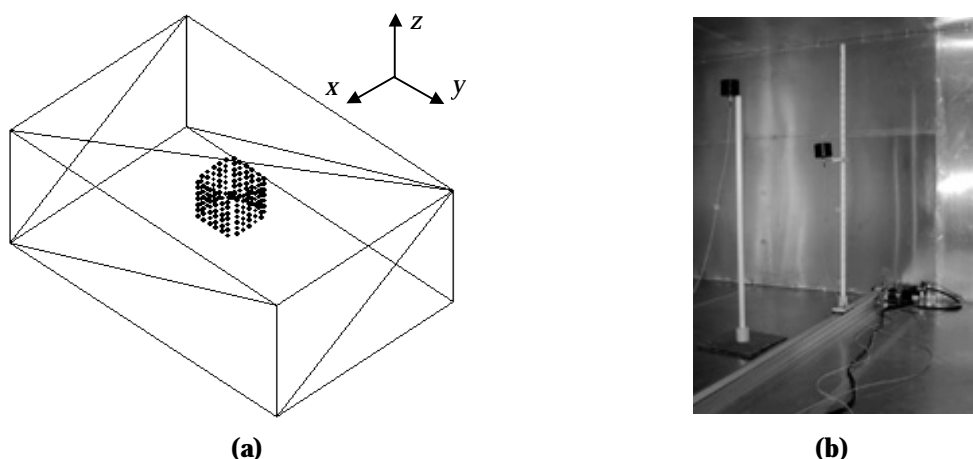


Figura 4.11. Configuración geométrica de la medida. (a) Distribución de los puntos de medida. (b) Detalle de la medida en el interior de la cámara apantallada.

Al igual que para el caso teórico, para caracterizar la radiación de la antena bicónica se supone un modelo equivalente formado por 12 dipolos eléctricos y otros 12 magnéticos, distribuidos de acuerdo con la geometría de la Figura 4.6, con $x=y=z=\lambda/3$. Para modelar la propagación en la cámara se consideran como límite

los efectos de cuarto orden ($D+R+R^2+R^3+R^4$). En la Figura 4.12 se muestran las componentes del diagrama de radiación reconstruido para el corte $\phi=0^\circ$.

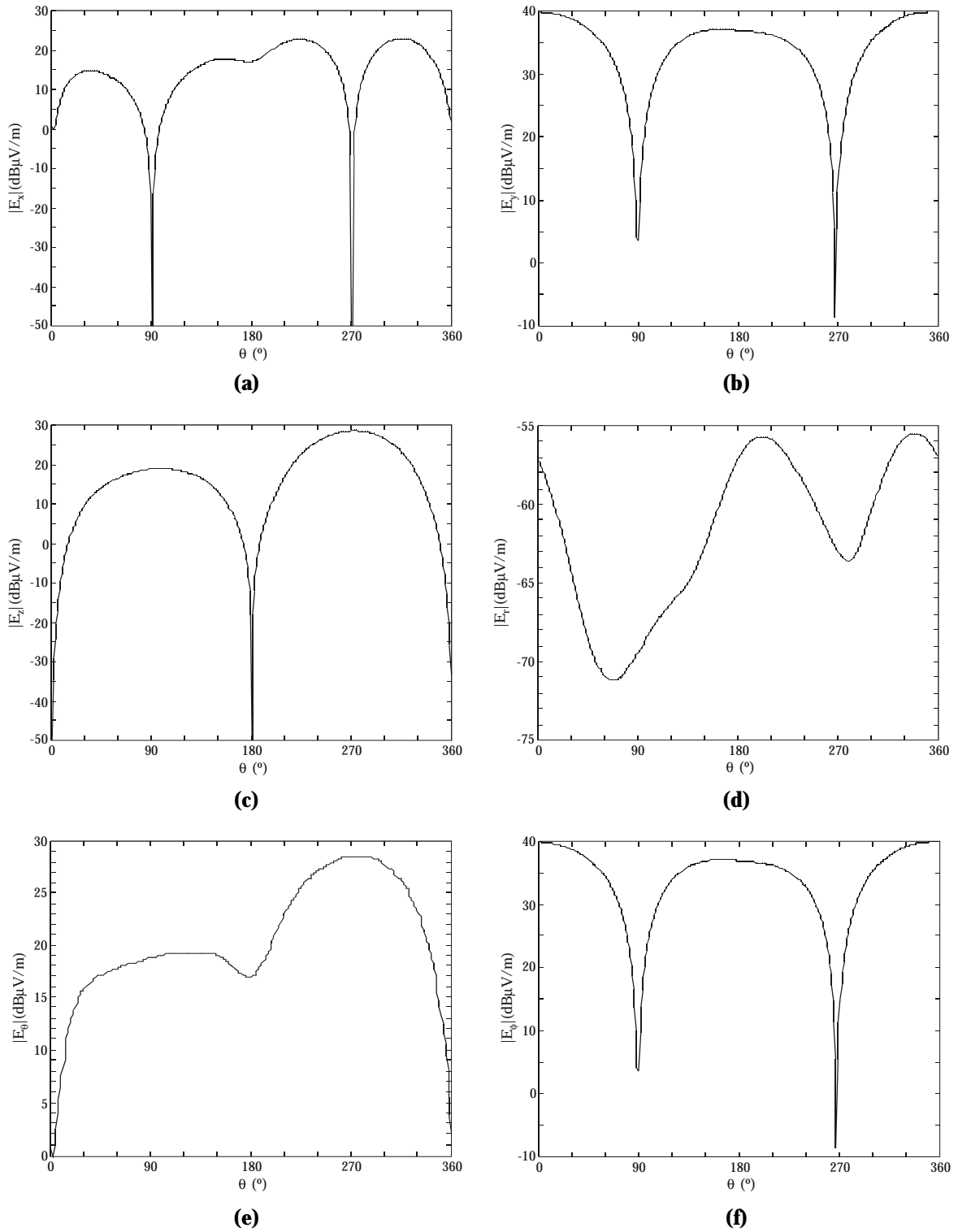


Figura 4.12. Componentes del diagrama de radiación para el corte $\phi=0^\circ$ recuperadas con el modelo equivalente de dipolos optimizado. (a), (b), (c) Módulo de las componentes cartesianas del campo eléctrico E_x , E_y y E_z . (d), (e), (f) Módulo de las componentes esféricas del campo eléctrico E_r , E_θ y E_ϕ .

En la Figura 4.12 se incluyen las componentes cartesianas con el objetivo de razonar las diferencias entre el diagrama esperado y el obtenido para el corte analizado. La componente vertical de campo, E_z , se aproxima con precisión a lo esperado para la antena bicónica. Sin embargo, las componentes E_x y E_y recuperadas toman valores desmesurados, que se plasman sobre las componentes E_θ y E_ϕ , haciéndolas divergir del resultado esperado. Tras realizar un análisis exhaustivo del problema, se pueden enumerar una serie de causas que justifican los resultados obtenidos:

- Ajuste con una componente. Sólo se utilizó la componente vertical de campo como información de referencia en la optimización del modelo equivalente de la fuente. Por ello, es lógico que recupere la componente E_z del diagrama de forma correcta, dando resultados erróneos para las otras dos componentes, donde el modelo carece de información de campo cercano para realizar el ajuste. Además, al no disponer el método de la información de fase, la recuperación de un modelo equivalente adecuado para la fuente original adquiere mayor complejidad.
- Modelo de la fuente. La antena bicónica se modeló utilizando un conjunto de 24 dipolos eléctricos y magnéticos. Al utilizar dipolos cortos el mallado con corrientes puntuales puede resultar insuficiente para caracterizar la radiación de la antena. En una primera aproximación, la solución pasa por incrementar el número de dipolos del modelo equivalente. Sin embargo, este hecho aumenta el coste computacional severamente.
- Propagación en la cámara apantallada. La cancelación de ecos en la cámara apantallada parte de la necesidad de identificar todas las componentes del multicamino que intervienen en la propagación, para así poder considerarlas al optimizar el modelo equivalente propuesto para la fuente. Dada la conductividad del aluminio, en el interior de la cámara pueden presentarse múltiples reflexiones que bajo la aproximación del trazado de rayos resultan muy difíciles de reproducir, salvo que se introduzcan órdenes elevados de reflexión, lo cual dispararía los tiempos de simulación. Adicionalmente, el software no coloca las contribuciones por orden de importancia, sino por orden de reflexión, de tal modo que en algunas situaciones, aunque una contribución debida a una quinta reflexión sea mayor que la debida a una cuarta reflexión, se deja fuera del análisis por sólo contemplar hasta los efectos de cuarto orden.
- Errores inherentes a la medida. En las medidas de campo cercano el posicionamiento de la antena receptora se realizó utilizando un posicionador lineal [64]. Este posicionador sólo permite controlar de forma automatizada el posicionamiento de la antena sobre el eje horizontal, siendo preciso colocar la antena manualmente para cada punto de medida discreto en el eje vertical. La manipulación de la antena sobre unos mástiles con escasa rigidez obliga a pensar

que se cometen errores que pueden llegar a ser de varios centímetros para determinadas alturas. Estos errores de posición, debido a la naturaleza del multicamino, pueden hacer, por ejemplo, que en puntos donde se esperaba un máximo se mida un mínimo de señal. Por otro lado, la proximidad entre antenas transmisora y receptora es tal que pudiera haber cierto acoplo mutuo entre ellas.

- Mástil de la antena receptora. Los mástiles de sujeción de las antenas, aún siendo de teflón se comportan como obstáculos, perturbando la medida. Su proximidad a la antena receptora embarcada en el escáner lineal hace que para ciertas posiciones de un plano dicho mástil se comporte como un obstáculo en la línea de visión directa entre las antenas transmisora y receptora.
- Cámara apantallada. La efectividad de apantallamiento de la cámara medida alcanza los 25-30 dB a 1GHz, aproximadamente. El peor rechazo al ruido ambiente exterior se da en la zona de la puerta de acceso, justificado por el sistema de cierre empleado, a pesar de utilizar juntas de apantallamiento en toda la periferia para mitigar este efecto. Por ello, las imperfecciones del recinto de medida pueden también perturbar con ruido a las medidas en campo cercano.

4.6.4 Conclusiones

A partir de un modelo equivalente basado en dipolos eléctricos y magnéticos, el método basado en GA optimiza la excitación de cada dipolo del modelo utilizando como referencia las muestras del campo radiado por la fuente en un recinto apantallado supuestamente ideal. Como resultado, se obtiene un modelo equivalente que reproduce con un cierto error de ajuste la radiación de la fuente original.

El comportamiento del método fue satisfactoriamente probado con gran diversidad de fuentes teóricas. Sin embargo, al realizar medidas sobre una ABP real en el interior de la cámara, una serie de incertidumbres ponen al descubierto las limitaciones del método. Los errores de posición al medir en campo cercano, el modelado de la fuente, el escaso número de contribuciones utilizadas para modelar la propagación y el desconocimiento de una de las componentes de campo condicionan la precisión de los resultados.

4.7 Síntesis de agrupaciones lineales de antenas utilizando GA de codificación real

En el transcurso de la última década, la aplicación de los GA a problemas muy diversos de síntesis de agrupaciones de antenas ha adquirido una relevancia notable, demostrando el potencial del método de optimización para abordar de forma sencilla y eficaz problemas complejos de diseño electromagnético. A modo de ejemplo, Ares y otros en [53], [65] y Boeringer y otros en [66], [67], muestran la utilidad de los GA en problemas de síntesis de agrupaciones de diversa índole.

Despreciando los acoplos entre elementos, el diagrama de radiación en campo lejano en una dirección θ de una agrupación situada en el eje z , se expresa como

$$PR(\mathbf{q}) = PE(\mathbf{q}) \cdot FA(\mathbf{q}) \quad (4.16)$$

donde $PE(\mathbf{q})$ es el patrón de cada elemento aislado y $FA(\mathbf{q})$ representa el factor de la agrupación o factor de array. Supuesta una agrupación lineal formada por N elementos alineados sobre el eje z , equiespaciados una distancia d y con una distribución de corriente en cada elemento con módulo a_n y fase \mathbf{a}_n , el factor de agrupación queda caracterizado por la expresión (4.17).

$$FA(\mathbf{q}) = \sum_{n=1}^N a_n \cdot e^{j(2p(n-1)(d/I)\cos(\mathbf{q}) + \mathbf{a}_n)} \quad (4.17)$$

En una primera aproximación se consideran fuentes isotrópicas, reduciendo el problema a optimizar mediante GA el factor de agrupación de (4.17) para que el conjunto de los N elementos radie de acuerdo con las especificaciones impuestas por una determinada máscara que condiciona aspectos tales como la dirección de apuntamiento, la directividad y el nivel de los lóbulos laterales del diagrama de radiación. En realidad y de acuerdo con (4.17), cada cromosoma de la población C , se compone del módulo y fase de cada uno de los elementos de la agrupación.

$$C = (a_1, \mathbf{a}_1, \dots, a_i, \mathbf{a}_i, \dots, a_N, \mathbf{a}_N) \quad (4.18)$$

Sobre el vector C a optimizar no se incluyen restricciones adicionales respecto a la distribución de corrientes, lo que puede provocar que se obtengan soluciones que aún respetando las restricciones impuestas por el patrón de radiación deseado, impliquen redes de alimentación difícilmente realizables en la práctica. Para mitigar este problema sería preciso introducir un control férreo de las soluciones con restricciones adicionales, ya bien sobre el módulo y la fase de las corrientes o sobre la propia función de fitness que se utilice [68]. Sin embargo, tal y como ya se

anticipó en el párrafo anterior, se toma como punto de partida la optimización del $FA(\mathbf{q})$, con el objetivo final de analizar el potencial de los GA de codificación real en aplicaciones alternativas a la transformación de campo [69]. En este sentido, una de las posibles líneas futuras de investigación pudiera ir encaminada a aplicar el método a problemas de diseño sensiblemente más realistas y complejos [67], [68].

Considerando como problema canónico una agrupación lineal formada por 15 elementos equiespaciados $\lambda/2$ sobre el eje z , se incluye en esta sección un estudio paramétrico de los GA de codificación real, analizando la influencia que tienen sobre los resultados aspectos tales como la función de fitness, las estrategias de los operadores de cruce y mutación o el tamaño de la población. A continuación, supuesta una agrupación de 30 elementos equiespaciados $\lambda/2$ en el eje z y una máscara más restrictiva, con cambio en la dirección de apuntamiento, inserción de nulo y reducción de lóbulos secundarios, se incluyen los resultados más relevantes que demuestran la utilidad del método de optimización. En la Figura 4.13 se muestran las máscaras utilizadas, con los límites impuestos al factor de array para las agrupaciones con 15 (Figura 4.13(a)) y 30 elementos (Figura 4.13(b)).

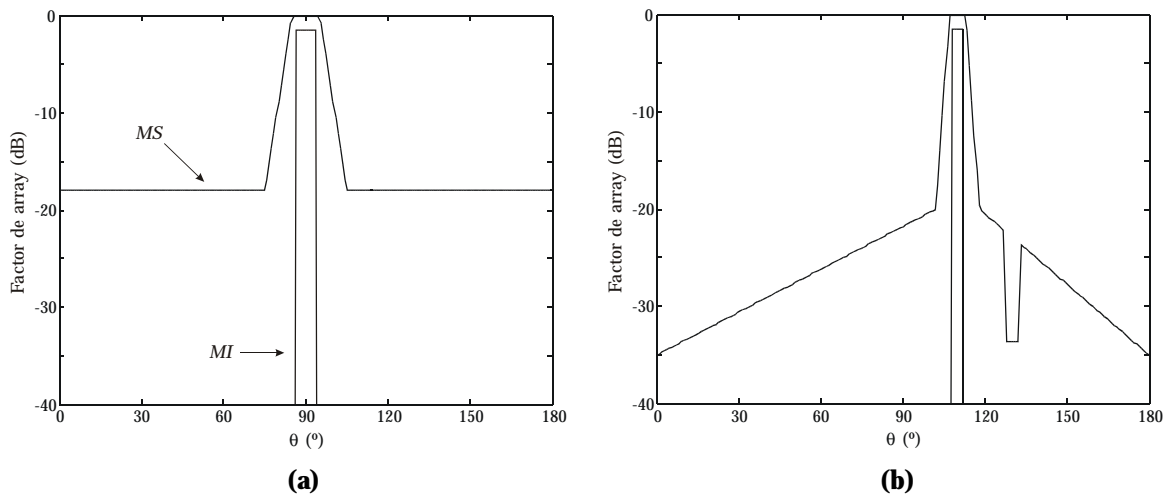


Figura 4.13. Máscaras con límites impuestos al factor de agrupación. *MS* y *MI* distinguen los límites superior e inferior, respectivamente. (a) Máscara utilizada para el análisis paramétrico. (b) Máscara con una inclinación de 20° en la dirección de apuntamiento, inserción de un nulo a 40° con la horizontal y lóbulos secundarios que decaen desde -20 a -35 dB.

4.7.1 Estudio paramétrico del algoritmo

La aplicación de los GA a un problema de diseño está supeditada al ajuste inicial de los parámetros del algoritmo para encontrar aquella configuración que ofrece la mejor relación entre precisión y coste computacional. Para la agrupación lineal formada por 15 elementos se analiza la influencia en el rendimiento de la función de fitness y de los operadores del algoritmo expuestos en 4.3.1 y 4.3.2.

El elevado número de parámetros que condicionan la configuración de los GA hace necesario establecer una configuración de partida para iniciar el estudio paramétrico. Múltiples realizaciones aisladas revelaron que la selección por torneo con dos individuos, cruce discreto con una P_c del 70%, mutación no uniforme ($m_{1_{nu}}$) con una P_m del 5%, dos hijos por cada cruce, aplicando elitismo para preservar el mejor individuo y una población de 60 individuos (el doble del número de incógnitas a optimizar), proporcionan la configuración a priori más eficiente. En lo que respecta al espacio de búsqueda, se permite un rango de variación de los parámetros dentro de los intervalos $a_n \in [0,1]$ y $\alpha_n \in [0,360]$ para el módulo y la fase de la distribución de corriente de cada elemento. Dada la naturaleza estocástica de los GA, en todos los casos se realizaron 15 simulaciones independientes con el fin de poder extraer conclusiones objetivas de los resultados de la parametrización.

La función de fitness representa el único nexo de unión entre el núcleo generacional inherente a los GA y el problema físico bajo análisis. Por este motivo, la función de fitness juega un papel determinante en el rendimiento del método de optimización, hasta tal punto que la expresión utilizada para medir la calidad de cada individuo de la población condiciona en último término el potencial del algoritmo, muy por encima de la influencia que pudieran tener sobre éste las estrategias de selección, cruce y mutación.

Para la síntesis de agrupaciones lineales se han utilizado tres expresiones para la función de coste a maximizar, (4.19) a (4.21), que introducen métricas distintas para considerar los errores en el ajuste. En (4.19) se realiza el ajuste a una única máscara pero la naturaleza del error cuadrático permite intuir que el factor de agrupación optimizado se ajustará entorno a ésta con un leve rizado. Como alternativa, en (4.20) se propone una variante de la expresión propuesta en [67], y en (4.21) se consideran las contribuciones al fitness en dB. En (4.19) a (4.21), MS y MI representan los límites superior e inferior a los que debe ajustarse el factor de array FA , en cada uno de los P puntos asociados con cada ángulo θ_p .

$$F_1 = \frac{1}{1 + \sqrt{\frac{1}{P} \sum_{p=1}^P \frac{|MS_p - |FA_p||^2}{MS_p}}} \quad (4.19)$$

$$F_2 = \frac{1}{1 + \sum_{p=1}^P \max(|FA_p| - MS_p, 0)^2 + \sum_{p=1}^P \max(MI_p - |FA_p|, 0)^2} \quad (4.20)$$

$$F_3 = \frac{1}{1 + \sum_{p=1}^P \min(|FA_p(dB)| - |MS_p(dB)|, 0)^2 + \sum_{p=1}^P \min(|MI_p(dB)| - |FA_p(dB)|, 0)^2} \quad (4.21)$$

A modo representativo, en la Figura 4.14 se muestran los resultados del análisis de la función de fitness para una simulación aislada, con un cierta semilla de arranque del generador de números aleatorios. Por simple inspección sobre la Figura 4.14(a), se concluye que la función de coste F_1 no es apropiada para el problema electromagnético bajo estudio, dado que ajusta los niveles de la máscara, pero su naturaleza le impide garantizar que el factor de agrupación quede contenido por debajo de ésta. Por el contrario, las funciones F_2 y F_3 , de acuerdo con los resultados de la Figura 4.14(b), obtienen soluciones satisfactorias con una tasa de éxito del 100%. La transición brusca que experimenta el fitness F_3 en la Figura 4.14(c) está relacionada con el hecho de manejar los errores en dB. Aunque ambas funciones de coste, F_2 y F_3 , pudieran ser aplicadas con éxito a la síntesis de agrupaciones lineales de acuerdo con los tiempos de cómputo de la Figura 4.14(d), la función F_3 ofrece el mejor rendimiento en términos globales. En definitiva, para el resto del análisis se utilizará únicamente, por sus prestaciones, la función F_3 de (4.21).

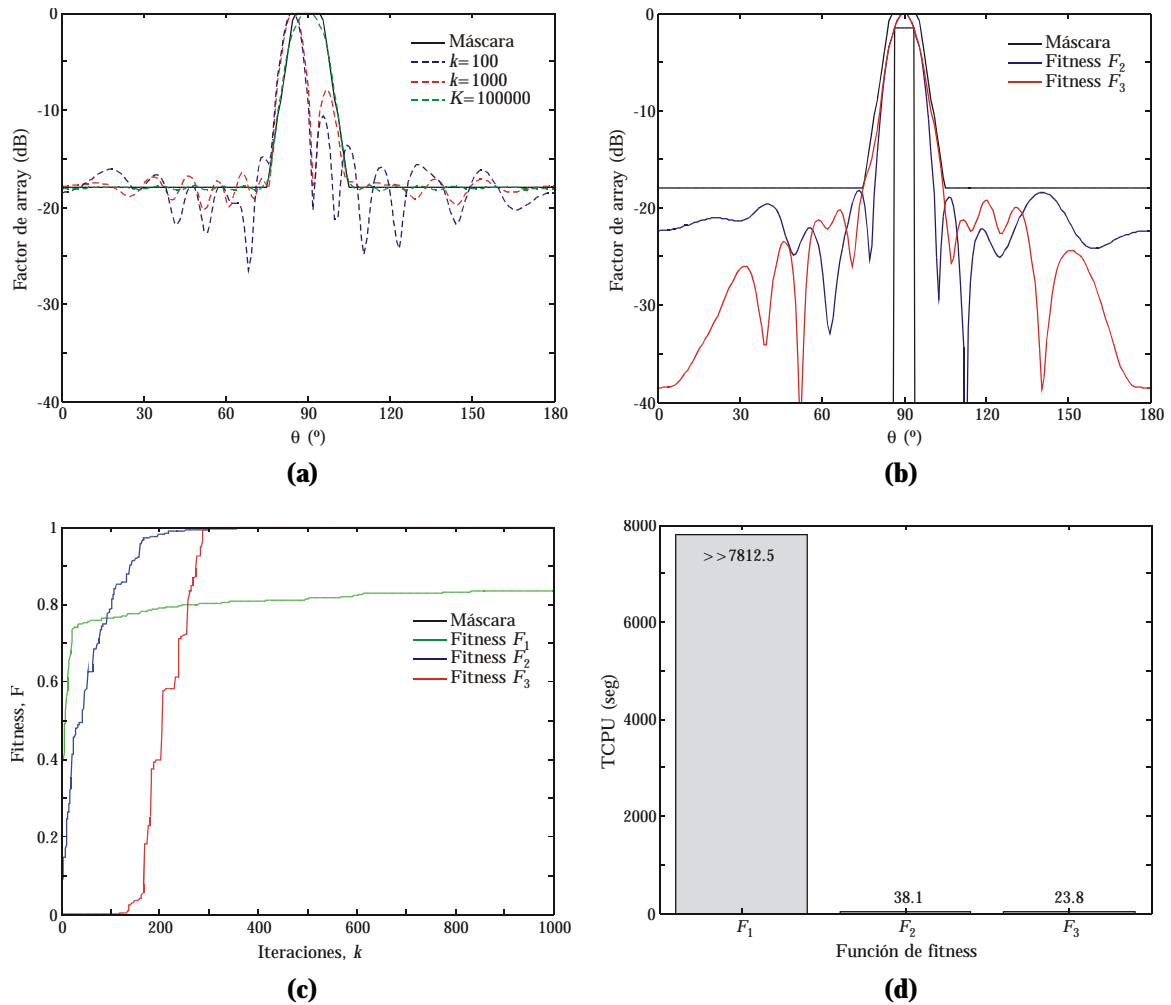


Figura 4.14. Comparativa de las funciones de fitness para una realización aislada. (a) Resultados del ajuste a una máscara única con la función F_1 . (b) Factor de array recuperado al utilizar las funciones F_2 y F_3 . (c) Evolución del fitness. (d) Tiempo de CPU. (Procesador Intel PIV® a 3 GHz).

Manteniendo invariables todos los parámetros de la configuración de partida a excepción de la estrategia del operador de cruce y utilizando la función de fitness F_3 , el siguiente paso de la parametrización se centra en el análisis de la influencia de la estrategia del citado operador de cruce en el rendimiento del algoritmo.

Para cada esquema se calcula el número medio de iteraciones necesario para alcanzar el fitness de valor unidad, \bar{K} , su desviación típica, s_K , el número medio de evaluaciones de la función de fitness y su desviación típica, \bar{F}_{ev} y s_F respectivamente, la tasa de éxito, TE, para reflejar que porcentaje de las 15 realizaciones alcanza la solución y el tiempo medio de cómputo, $\bar{T}CPU$. En la Tabla 4.3 se resumen los resultados obtenidos con cada una de las estrategias del operador de cruce.

Estrategia de cruce	\bar{K}	s_K	\bar{F}_{ev}	s_F	TE(%)	$\bar{T}CPU$ (seg)
Discreto	676.8	362.4	40668.0	21801.6	100	52.9
Continuo	2079.3	1423.7	124820.1	85484.2	100	162.4
Convexo/aritmético	1297.9	749.8	77932.3	45047.9	100	101.4
Heurístico	797.5	235.6	47908.0	14194.1	100	62.3
Discreto – 25 semillas	683.9	308.1	41097.6	18544.8	100	53.4
Heurístico – 25 semillas	863.2	414.0	51849.7	24900.1	100	67.4

Tabla 4.3. Estadística asociada con la estrategia del operador de cruce. (Intel PIV® a 3 GHz).

De acuerdo con los resultados obtenidos, el cruce discreto ofrece el mejor rendimiento. El valor del número medio de llamadas al fitness, \bar{F}_{ev} , y el coste computacional asociado justifican la selección del cruce discreto, con un rendimiento, en media, un 17% superior al del cruce heurístico. No obstante, los valores de las desviaciones típicas s_K y s_F , inferiores en el caso del cruce heurístico, pudieran hacer presagiar que el cruce heurístico ofrece en realidad un comportamiento más estable e independiente de la semilla de arranque. Para descartar esta hipótesis se aumentó de 15 a 25 el número de realizaciones con ambas estrategias. Los resultados que se muestran en la Tabla 4.3 con 25 realizaciones certifican el mejor comportamiento del cruce discreto. En línea con lo expuesto por Haupt en [39], se verifica que la naturaleza estocástica de los GA puede requerir seleccionar adecuadamente el número de realizaciones para poder enjuiciar objetivamente los resultados.

Aunque la estadística ofrece una visión certera del comportamiento del método de optimización, en la Figura 4.15 se muestra la evolución del fitness asociado con cada una de las realizaciones independientes para cada estrategia de cruce. Por simple inspección sobre la Figura 4.15, se pueden extraer conclusiones similares a las expuestas en relación con el análisis de los parámetros estadísticos. A

modo de resumen, los resultados de la Figura 4.15(e) verifican que el cruce discreto presenta un rendimiento muy superior al del resto de estrategias investigadas.

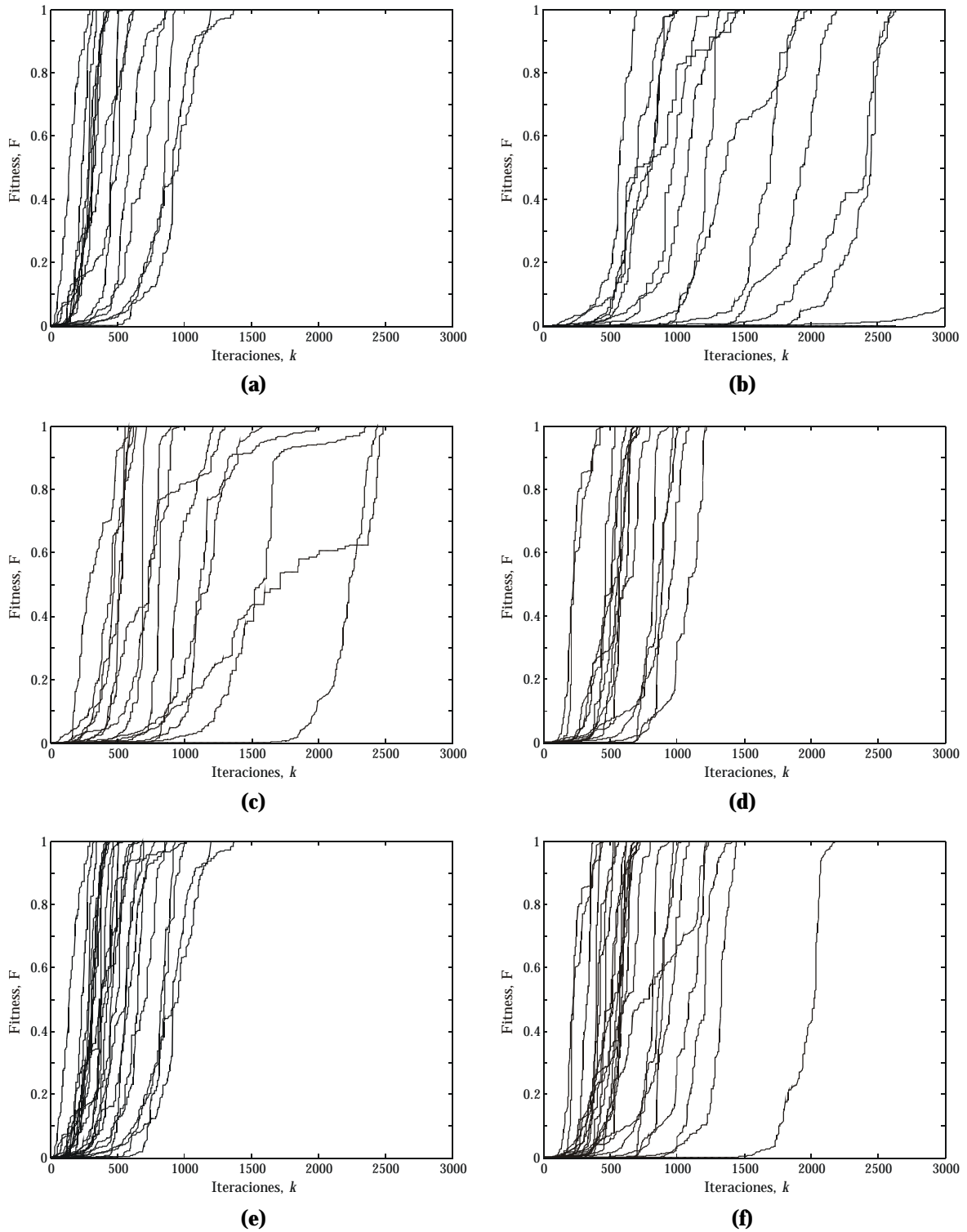


Figura 4.15. Comparativa de la evolución del fitness para las cuatro estrategias del operador de cruce. (a) Cruce discreto. (b) Cruce continuo. (c) Cruce convexo o aritmético. (d) Cruce heurístico. (e) Cruce discreto con 25 realizaciones. (f) Cruce heurístico con 25 realizaciones.

Seleccionado el cruce discreto, a continuación se hace extensivo el análisis a la selección de la estrategia óptima para el operador de mutación, manteniendo la misma configuración de partida. En la Tabla 4.4 se resumen los resultados del análisis estadístico de la estrategia de mutación. De estos resultados se desprende que la mutación límite no converge en ninguna de las realizaciones, no siendo apta para el problema de diseño bajo análisis. Lo mismo ocurre con las estrategias multi-no-uniforme $m1_{mnu}$ y $m2_{mnu}$, que aún convergiendo hacia una solución óptima lo hacen a una velocidad y con un coste computacional que hacen desaconsejable su uso. En el extremo opuesto, las estrategias no uniforme ($m1_{nu}$) y multi-no-uniforme ($m3_{mnu}$) ofrecen un rendimiento muy superior al del resto de estrategias analizadas.

Estrategia de mutación	\bar{K}	s_K	\bar{F}_{ev}	s_F	TE(%)	$\bar{T}CPU$ (seg)
Sigilosa (3%)	1814.5	692.7	108928.4	41621.7	100	141.7
Límite	>>100000	-	-	-	0	>>7812.5
No uniforme ($m1_{nu}$)	435.4	86.8	26184.3	5267.4	100	34.0
No uniforme ($m2_{nu}$)	993.9	725.5	59692.1	43592.0	100	77.6
Multi-no-uniforme ($m1_{mnu}$)	35213.0	18698.7	2112840.0	1121979.5	100	2751.0
Multi-no-uniforme ($m2_{mnu}$)	42290.4	22823.7	2537484.2	1369479.8	100	3303.9
Multi-no-uniforme ($m3_{mnu}$)	371.4	129.8	22344.0	7847.3	100	29.0
Uniforme	839.2	467.7	50412.6	28119.4	100	65.6

Tabla 4.4. Estadística asociada con la estrategia del operador de mutación. (Intel PIV® a 3 GHz).

Aunque la mutación multi-no-uniforme ($m3_{mnu}$) tiene asociado un coste computacional entorno a un 15% inferior al de la mutación no uniforme ($m1_{nu}$), la dispersión para esta última es muy inferior en términos de s_K y s_F , lo cual confiere al método una mayor estabilidad ante realizaciones aisladas. Esta menor dispersión se observa en la Figura 4.16(a) y justifica los resultados de la Figura 4.16(b).

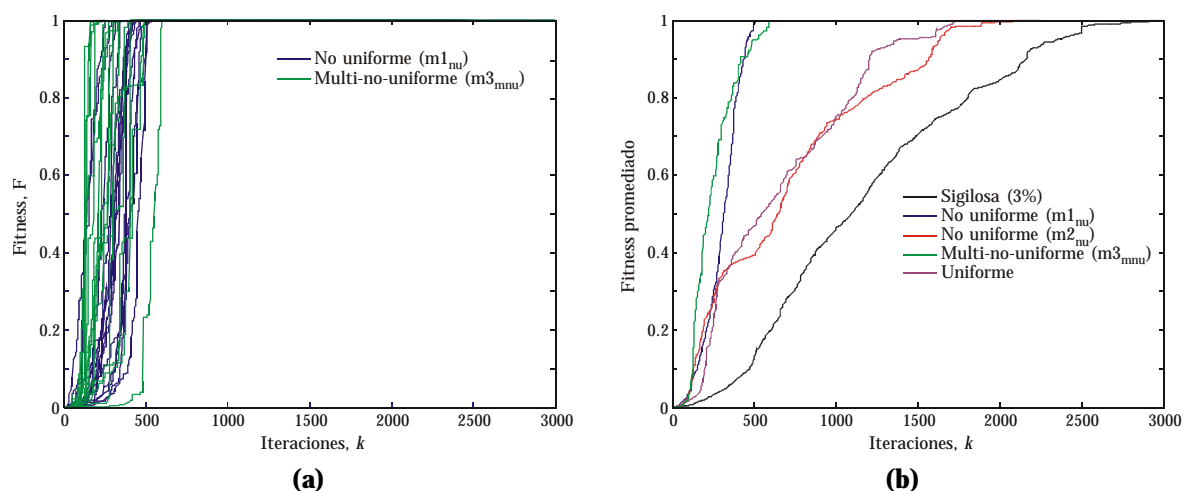


Figura 4.16. Comparativa de las estrategias de mutación más relevantes. (a) Dispersión de las realizaciones para las estrategias de mutación $m1_{nu}$ y $m3_{mnu}$. (b) Promediado del fitness.

El análisis de las estrategias para los operadores de cruce y mutación se realizó considerando unos valores preestablecidos para las probabilidades de cruce y mutación, P_c y P_m respectivamente. Aunque estos valores se seleccionaron como resultado de un análisis llevado a cabo de forma preliminar, se incluye a continuación un extracto con los resultados más relevantes de un estudio exhaustivo realizado para analizar la influencia de las tasas de cruce y mutación sobre el rendimiento final de los GA.

En la Tabla 4.5 se muestran los resultados obtenidos al combinar tres valores discretos de P_c y P_m . Atendiendo a los valores de \bar{F}_{ev} y $\bar{T}CPU$, se demuestra que una P_c del 70% en conjunto con una P_m del 5% ofrecen los mejores resultados.

Probabilidades		\bar{K}	s_K	\bar{F}_{ev}	s_F	TE(%)	$\bar{T}CPU$ (seg)
P_c (%)	P_m (%)						
70	1.5	2135.4	1339.8	128186.7	80448.3	100	166.8
70	3	1123.2	839.4	67453.3	50421.3	100	87.7
70	5	744.4	338.7	44726.7	20380.4	100	58.1
75	1.5	2830.2	1222.9	169873.3	73436.5	100	221.1
75	3	1835.3	814.6	110180.0	48939.0	100	143.4
75	5	975.9	564.3	58613.3	33919.2	100	76.2
80	1.5	2929.9	1689.5	175853.3	101432.2	100	228.9
80	3	1442.4	1043.5	86606.7	62668.4	100	112.7
80	5	831.0	513.7	49920.0	30883.5	100	65.0

Tabla 4.5. Influencia de las probabilidades de cruce y mutación. (Procesador Intel PIV® a 3 GHz).

La interpretación gráfica de los resultados puede hacerse sobre la Figura 4.17. Como era previsible, valores bajos de P_m ralentizan la convergencia y valores altos de P_c facilitan la exploración, pero pueden llegar a afectar negativamente a la velocidad de convergencia.

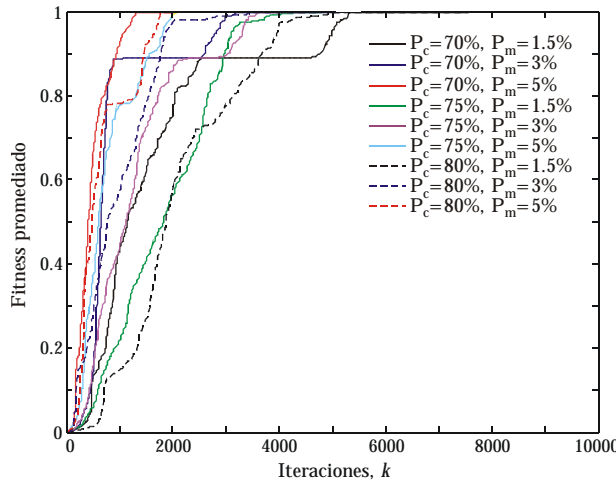


Figura 4.17. Fitness máximo promedioado iteración a iteración. Efecto conjunto de P_c y P_m .

Para completar el estudio paramétrico se precisa establecer una relación entre la dimensionalidad del problema y el tamaño de la población. Por prueba y error, realizaciones aisladas revelaron que para este tipo de problemas el tamaño óptimo de la población oscila entorno a cuatro veces el número de elementos de la agrupación. Para justificarlo, se incluye a continuación un extracto de los resultados obtenidos al variar el tamaño de la población entre 30 y 300 individuos con paso 30. Se investigó por separado como influye el tamaño de la población en el rendimiento de las estrategias de los operadores de cruce y mutación. Para medir el potencial de una solución se utilizaron términos tales como el número de iteraciones K necesario para alcanzar un fitness F_3 y el tiempo de cómputo asociado T .

Los resultados de la Tabla 4.6 muestran el potencial del cruce discreto, con un tamaño óptimo para la población de 60 individuos. Poblaciones mayores ofrecen mayor diversidad de búsqueda y minimizan el riesgo de convergencia prematura, aunque a costa de un mayor tiempo de cómputo, al precisar un mayor número de llamadas al fitness ($K \times I$) para explorar el espacio de soluciones. En la misma línea, los resultados de la Tabla 4.7 permiten afirmar que la mutación no uniforme ($m1_{nu}$) con una población de 60 individuos ofrece el mejor rendimiento. Aunque puedan existir realizaciones de la estrategia $m3_{mnu}$ que ofrezcan mejores resultados, tal y como se comentó en la Figura 4.16(a), su mayor variabilidad la hace desaconsejable.

Cruce	I=30			I=60			I=90		
	F_3	K	T(seg)	F_3	K	T(seg)	F_3	K	T(seg)
Discreto	1.0	1449	45.3	1.0	304	14.3	1.0	301	23.5
Continuo	1.0	2707	84.6	1.0	660	30.9	1.0	13493	1050
Convexo/aritmético	1.0	3054	95.4	1.0	822	38.5	1.0	651	50.9
Heurístico	1.0	2628	82.1	1.0	1398	65.5	1.0	920	71.9

Tabla 4.6. Análisis de la influencia de la población. Efecto de la estrategia de cruce para una realización aislada. Mutación no uniforme ($m1_{nu}$). $P_c=70\%$ y $P_m=5\%$.

Mutación	I=30			I=60			I=90		
	F_3	K	T(seg)	F_3	K	T(seg)	F_3	K	T(seg)
Sigilosa (3%)	1.0	36770	1149.1	1.0	1809	84.8	1.0	1868	145.9
Límite	0.0004	100000	3125.0	0.0009	100000	4687.4	0.3330	100000	7812.4
$m1_{nu}$	1.0	1449	45.3	1.0	304	14.2	1.0	301	23.5
$m2_{nu}$	1.0	8957	279.9	1.0	457	21.4	1.0	410	32.0
$m1_{mnu}$	0.9963	100000	3125.0	1.0	6963	326.4	1.0	17036	1330.9
$m2_{mnu}$	1.0	54153	1692.3	1.0	63135	2959.4	0.9118	100000	7812.4
$m3_{mnu}$	1.0	438	13.7	1.0	377	17.7	1.0	615	48.0
Uniforme	1.0	1990	62.2	1.0	1773	83.1	1.0	314	26.6

Tabla 4.7. Análisis de la influencia de la población. Efecto de la estrategia de mutación para una realización aislada. Cruce discreto. $P_c=70\%$ y $P_m=5\%$.

4.7.2 Resultados con restricción de lóbulos laterales e inserción de nulo

Como complemento al estudio paramétrico de los GA de codificación real, el método de optimización se aplicó a la síntesis de agrupaciones más complejas, con máscaras de radiación más exigentes. Para validar la utilidad del método de optimización en este tipo de problemas, se incluye en las siguientes líneas una muestra con algunos de los resultados más relevantes.

Sea una agrupación lineal formada por 30 elementos equiespaciados $\lambda/2$ en el eje z , cuyo factor de array debe acondicionarse a la máscara de la Figura 4.13(b). Tomando en consideración las conclusiones extraídas del análisis paramétrico se analizó la capacidad del método para optimizar la excitación de los elementos de la agrupación. Se utiliza selección por torneo, cruce discreto, mutación no uniforme ($m1_{nu}$), con $P_c=70\%$ y $P_m=5\%$, y elitismo. Como función de fitness se utiliza la expresión F_3 de (4.21) y un tamaño para la población de 120 individuos. Se llevaron a cabo cinco realizaciones independientes para analizar la variabilidad de las soluciones al aumentar las dimensiones del espacio de búsqueda.

En la Figura 4.18(a) se muestran cinco soluciones distintas que cumplen con las restricciones impuestas al factor de array. Cada una de las soluciones tiene asociada una cierta distribución de corriente para los elementos de la agrupación y, en realidad, depende directamente de la semilla de arranque del método de optimización, la cual influye directamente sobre la forma de atravesar el espacio de soluciones. Este hecho se pone de manifiesto en la Figura 4.18(b), donde la convergencia absoluta puede precisar entre 1037 y 6605 iteraciones para las 5 semillas utilizadas.

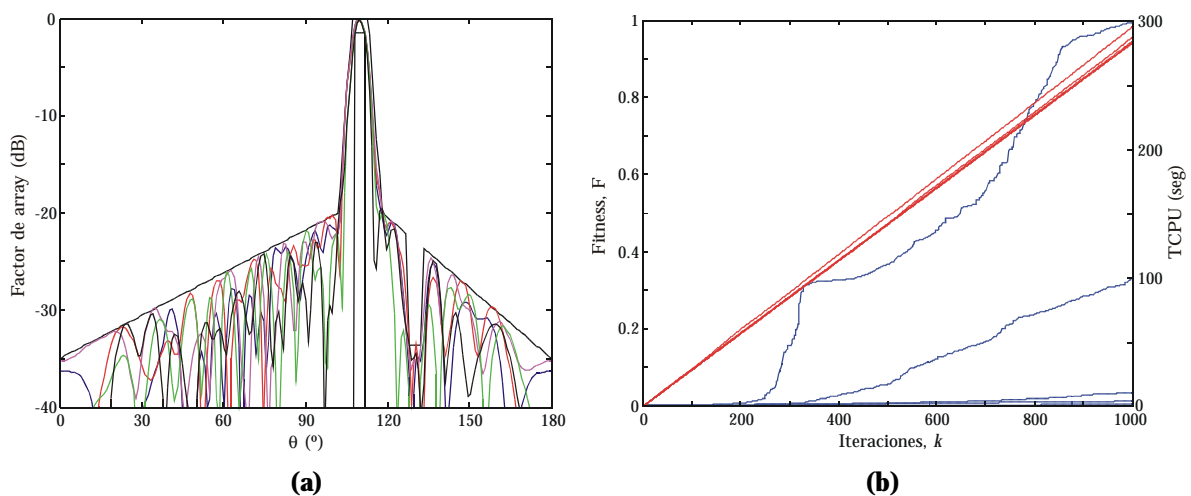


Figura 4.18. Ajuste del factor de array con cinco realizaciones independientes. (a) Soluciones obtenidas con cada semilla. (b) Evolución del fitness máximo y del tiempo de CPU para las distintas realizaciones. (Procesador Intel PIV[®] a 3 GHz).

Al aumentar la longitud del cromosoma lo hace del mismo modo el número de dimensiones del espacio de búsqueda. Así, cuanto mayor sea la dificultad del problema y aún aumentando la población, los individuos verán más fuertemente condicionada su evolución por la solución de partida.

Si bien las cinco soluciones anteriores son válidas, la distribución de corriente en los elementos de la agrupación variará ostensiblemente de una a otra, sin garantizar que éstas sean realizables en la práctica, tal y como demuestra la Figura 4.19. No obstante, como ya se anticipó anteriormente, este aspecto escapa a los objetivos del análisis y deja abierta una posible línea futura de investigación.

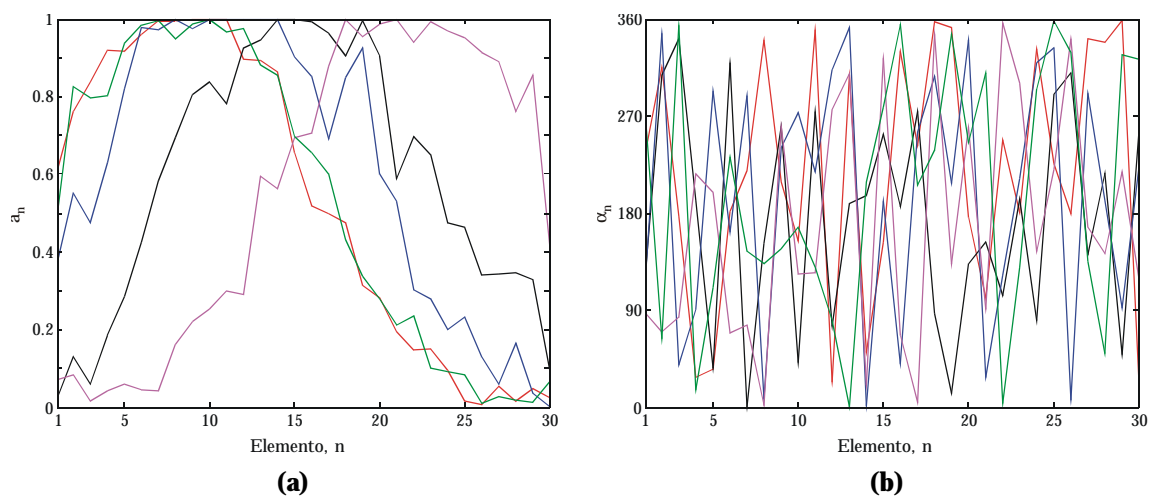


Figura 4.19. Distribución de corriente en los elementos de la agrupación lineal resultante de la optimización con GA. (a) Módulo. (b) Fase.

4.7.3 Conclusiones

Los GA de codificación real se erigen en un método de optimización global útil en problemas de síntesis de agrupaciones lineales de antenas. Los resultados del análisis previo utilizado para realizar la puesta a punto del algoritmo demuestran que los GA con selección por torneo, cruce discreto, mutación no uniforme ($m1_{nu}$), elitismo, con probabilidades P_c y P_m del 70 y del 5% respectivamente, y un tamaño de la población del orden del doble de la longitud del cromosoma, ofrecen el mejor rendimiento para esta aplicación. El método en sí precisará introducir restricciones adicionales sobre el fitness y sobre las propias distribuciones de corriente para poder ser aplicado en problemas de diseño reales.

Dado el reducido coste computacional de los GA reales no se han considerado en el estudio otras variantes como los GA binarios, los μ GA o los HGA, aún a sabiendas de que se podría obtener, según el esquema, una mejora significativa.

4.8 Transformación de campo cercano a campo lejano

Los diferentes esquemas basados en algoritmos genéticos desglosados con anterioridad en las secciones 4.2 a 4.5 dictan el curso que ha seguido la puesta a punto y mejora del rendimiento de los GA aplicados a la transformación de campo cercano a campo lejano (CC-CL) en el ámbito de esta tesis doctoral.

La principal limitación de los GA está relacionada con el amplio abanico de posibilidades que existen para configurar el método de optimización. Aspectos ya analizados en la sección 4.7.1 como son el tipo de función de fitness, la estrategia de los operadores de cruce y mutación, sus respectivas probabilidades P_c y P_m , el tamaño de la población, o simplemente la semilla de arranque del generador de números aleatorios, influyen de una forma determinante sobre el modo en el que se atraviesa el espacio de soluciones y, en consecuencia, sobre la precisión de la solución. Todo esto sin citar aspectos más específicos de cada esquema como son el número de bits por parámetro para los GA de codificación binaria, la tasa de reinicio de la población en los μ GA, o el punto de inserción del método de búsqueda local en el caso de los HGA. En definitiva, la puesta a punto de todos los esquemas basados en GA para el problema de transformación de campo requeriría procesar los resultados de miles de simulaciones, con el objetivo de extraer unas conclusiones objetivas en relación con el potencial de cada esquema.

En lugar de dedicar esta sección a realizar un profundo análisis paramétrico de cada una de las técnicas de optimización, se entiende más útil incluir una muestra de los múltiples resultados de transformación de campo obtenidos en realizaciones aisladas que, adecuadamente orientados, permitirán, por un lado, mostrar la flexibilidad del método ante diferentes ABPs y, por otro, dar una visión global de las prestaciones y limitaciones de los esquemas basados en GA utilizados en el análisis.

Se incluye un análisis preliminar que refleja la importancia de la selección de la función de fitness. Seleccionada la función de fitness, los siguientes resultados marcan el proceso que se ha seguido durante la puesta a punto del algoritmo de optimización para mejorar el rendimiento del método de transformación de campo. En primer lugar se analiza la flexibilidad del método frente a la geometría de muestreo en campo cercano. Para realizar este análisis se utilizan como referencia antenas de apertura de diferentes tamaños, con distintos tipos de iluminación. Para comprobar en último término la capacidad de cada esquema basado en GA se considera una antena de bocina piramidal. Puede anticiparse que todos los esquemas con codificación real, GA clásico, μ GA y HGA, exhiben un rendimiento muy inferior al de sus homónimos binarios.

4.8.1 Efecto de la función de fitness

A diferencia de la gran mayoría de problemas de optimización electromagnética, donde el número de incógnitas está limitado en el peor de los casos a unas decenas, en problemas de reconstrucción de la radiación de una fuente el número de parámetros a optimizar puede ser de varios centenares e incluso miles, en función de la frecuencia de trabajo y de las dimensiones de la ABP. Aunque múltiples autores abogan por la carencia de utilidad de los GA para abordar este tipo de problemas, la selección adecuada de la función de fitness y del esquema y parámetros del algoritmo de optimización demuestran la validez del método para problemas de tamaño eléctrico medio.

Sea C , como en (4.13), el vector que representa a cada cromosoma a optimizar,

$$C = (M_1, F_1, \dots, M_p, F_p, \dots, M_N, F_N) \quad (4.22)$$

donde ahora M_i y F_i representan el módulo y fase de cada uno de los parches que componen la densidad de corriente magnética equivalente (CME) o el momento dipolar, según se utilicen CME o dipolos para el modelo equivalente de la ABP, respectivamente. De entre las múltiples funciones de coste que se probaron con el objetivo de dar con la métrica más apropiada para pesar los errores residuales entre las muestras de campo cercano utilizadas como referencia y las componentes de campo radiado en los mismos puntos por cada elemento de corriente del modelo equivalente, las tres más representativas se exponen en (4.23) a (4.25).

$$F_1 = \sum_{p=1}^P \frac{1}{1 + |E_p - E_p(C)|^2}, \quad F_{1\max} = P \quad (4.23)$$

$$F_2 = \sum_{p=1}^P \frac{1}{1 + |E_{px} - E_{px}(C)|^2} + \frac{1}{1 + |E_{py} - E_{py}(C)|^2}, \quad F_{2\max} = 2P \quad (4.24)$$

$$F_3 = \sum_{p=1}^P |E_{px} - E_{px}(C)| + |E_{py} - E_{py}(C)|, \quad F_{3\min} = 0.0 \quad (4.25)$$

En (4.23)-(4.25) P representa el número de puntos de muestreo en campo cercano, E_p es el vector de campo eléctrico radiado por la ABP en cada punto de campo cercano utilizado como referencia en el ajuste, E_{px} y E_{py} son sus componentes complejas en el caso de muestreo sobre geometría plana, de acuerdo con la Figura A1.1, y $E_p(C)$ representa el vector de campo eléctrico radiado por un cierto cromosoma o solución temporal en cada punto p de campo cercano, siendo $E_{px}(C)$ y

$E_{py}(C)$ las componentes complejas del vector según x e y , respectivamente. La principal diferencia entre las tres funciones de fitness propuestas radica en la forma de considerar las contribuciones al error total. Mientras que con F_1 el error cuadrático se calcula a nivel de vector, las expresiones F_2 y F_3 actúan a nivel de componente. Adicionalmente, F_1 y F_2 afrontan el problema como un problema de maximización, mientras que F_3 tiene como objetivo la minimización del error residual.

Para analizar como afectan las expresiones (4.23) a (4.25) al rendimiento de los GA se incluyen a continuación, a modo representativo, los resultados teóricos obtenidos al modelar la radiación de una antena de apertura de dimensiones $1.5\lambda \times 1.5\lambda$ sobre un plano de masa, y con iluminación uniforme en x e y , de acuerdo con (4.26). Atendiendo a la geometría de muestreo plana de la Figura A1.1, se utiliza un modelo equivalente para la ABP formado por 98 dipolos eléctricos, la mitad orientados según x y la otra mitad según y ($N_x=N_y=7$), espaciados $\lambda/4$ sobre una superficie S_e que coincide con el tamaño de la apertura. Adicionalmente, las componentes tangenciales del campo cercano radiado por la ABP fueron calculadas teóricamente en $P=3721$ puntos equiespaciados $\lambda/3$ sobre un plano S_{cc} de dimensiones $20\lambda \times 20\lambda$, alejado $z_s=4\lambda$ de la apertura.

$$\mathbf{E}_{ABP} = E_o \mathbf{x} + E_o \mathbf{y}, \quad E_o = 0.5V/m \quad (4.26)$$

En lo que respecta al método de optimización, se restringe el análisis a los μ GA de codificación binaria. Se utiliza cruce uniforme, con una P_c del 50% (0.5), 9 bits para codificar cada uno de los 196 parámetros o genes de los que se compone el cromosoma, de acuerdo con (4.22), y una población de 500 individuos. Si bien es cierto que lo típico en los μ GA es utilizar poblaciones del orden de 20 a 50 cromosomas, este dato depende del tipo de problema y de la longitud del cromosoma. Utilizar una población de 500 individuos podría parecer desmesurado, pero si consideramos, atendiendo a (4.1), que con una longitud del cromosoma de 1764 bits y una longitud media de los genes de 9 bits la población recomendable es de 100.352 individuos, entonces se justifica la ganancia que introduce el algoritmo micro-genético. Para este problema en concreto, tamaños de población muy por debajo de 500 individuos ($I < 300$) exhiben una convergencia prematura hacia una solución de baja precisión [45].

En la Figura 4.20 se muestran los cortes $\phi=0^\circ$ y $\phi=90^\circ$ del diagrama de radiación de la antena de apertura reconstruido con los μ GA de codificación binaria. A la vista de los resultados pueden extraerse conclusiones muy diversas respecto al comportamiento de cada una de las funciones de fitness, objeto de estudio pormenorizado en los siguientes párrafos.

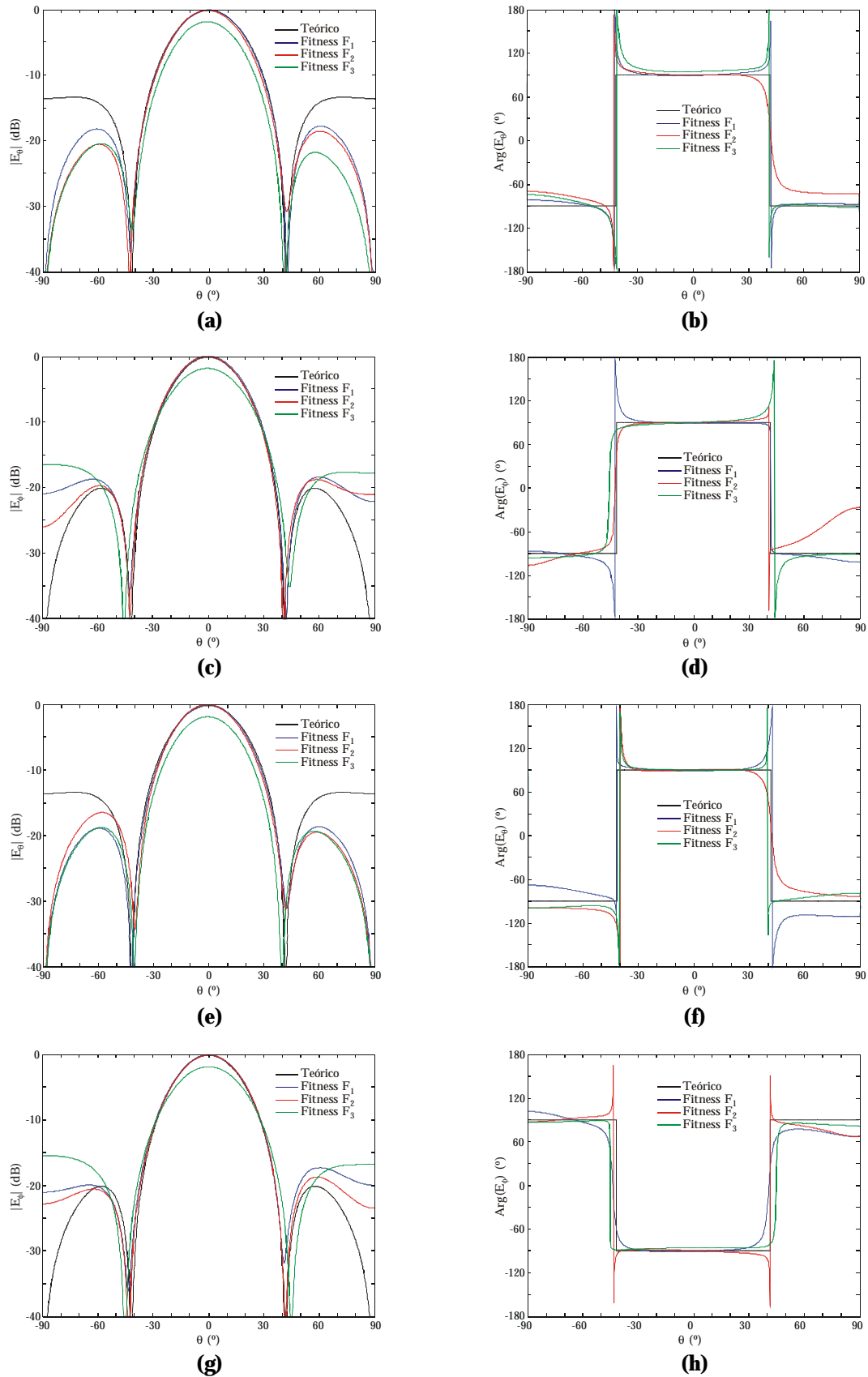


Figura 4.20. Comparativa del fitness para los cortes $\phi=0^\circ$ y $\phi=90^\circ$. (a) Módulo de la componente E_ϕ , $\phi=0^\circ$. (b) Fase de la componente E_ϕ , $\phi=0^\circ$. (c) Módulo de la componente E_ϕ , $\phi=0^\circ$. (d) Fase de la componente E_ϕ , $\phi=0^\circ$. (e) Módulo de la componente E_ϕ , $\phi=90^\circ$. (f) Fase de la componente E_ϕ , $\phi=90^\circ$. (g) Módulo de la componente E_ϕ , $\phi=90^\circ$. (h) Fase de la componente E_ϕ , $\phi=90^\circ$.

Como era previsible, la función de fitness F_3 presenta el peor rendimiento de las tres expresiones analizadas, justificado por la propia naturaleza de la función, que al componer el coste de cada cromosoma como suma de errores absolutos, da igual peso a todos los errores residuales con independencia de la posición sobre la geometría de muestreo. Como resultado, al realizar la transformación a campo lejano, el error de ajuste se encuentra uniformemente distribuido por todo el diagrama de radiación.

La naturaleza cuadrática de las funciones F_1 y F_2 hace que, porcentualmente, los errores asociados con niveles mayores de campo eléctrico incidan de forma más acusada sobre el valor final del fitness. Es decir, estas expresiones comienzan ajustando la radiación del modelo equivalente para que los errores asociados con los niveles de campo más altos sean mínimos, coincidiendo generalmente con la zona central del plano de muestreo. Paulatinamente, ambas expresiones centran el ajuste del algoritmo en niveles progresivamente más bajos, con un límite inferior que establece finalmente la resolución del algoritmo y que viene impuesto por aquellos valores cuyo ajuste preciso implicaría introducir errores en puntos con niveles superiores, lo cual, indirectamente, repercutiría en un empeoramiento del fitness. Este efecto presente en el ajuste en campo cercano de la radiación de la ABP se traslada a campo lejano. Así, en la Figura 4.20 puede observarse como el diagrama se recupera con cierta fidelidad para una región angular $|\theta| \leq 55^\circ$. Fuera de esta región, para niveles del orden de 25 dB por debajo del máximo de radiación, el método se muestra incapaz de reconstruir el diagrama de radiación.

Con el objetivo de analizar el ruido inherente al método, o dicho de otra forma, la resolución que puede alcanzarse, en la Figura 4.21 se muestran las componentes para los cortes principales del diagrama de radiación, $\phi=45^\circ$ (plano E) y $\phi=135^\circ$ (plano H). Atendiendo a los resultados, si se analizan las componentes cruzadas en ambos cortes para el rango donde se recupera con precisión el diagrama ($|\theta| \leq 55^\circ$), puede observarse como el algoritmo tiene la capacidad de resolver o discernir con precisión hasta niveles que están del orden de 30 dB por debajo del máximo. Esta limitación se hace extensible a otras múltiples antenas de apertura analizadas, con diferentes tamaños e iluminaciones.

En lo que respecta a la función de fitness a utilizar, debe decidirse entre F_1 o F_2 , las cuales, por otro lado, tienen un coste computacional similar. De acuerdo con los resultados mostrados en la Figura 4.20 para una realización aislada del algoritmo, el rendimiento que ofrecen ambas funciones es muy similar pero, sin embargo, atendiendo a los resultados obtenidos para los planos E y H de la Figura 4.21, puede concluirse que la expresión de F_1 en (4.23) es la que mejor rendimiento global ofrece. De hecho, el análisis se extendió a otras fuentes, llegando en todos los casos a la misma conclusión acerca de la función de fitness más apropiada. En lo sucesivo se utilizará la función F_1 en problemas de transformación de campo.

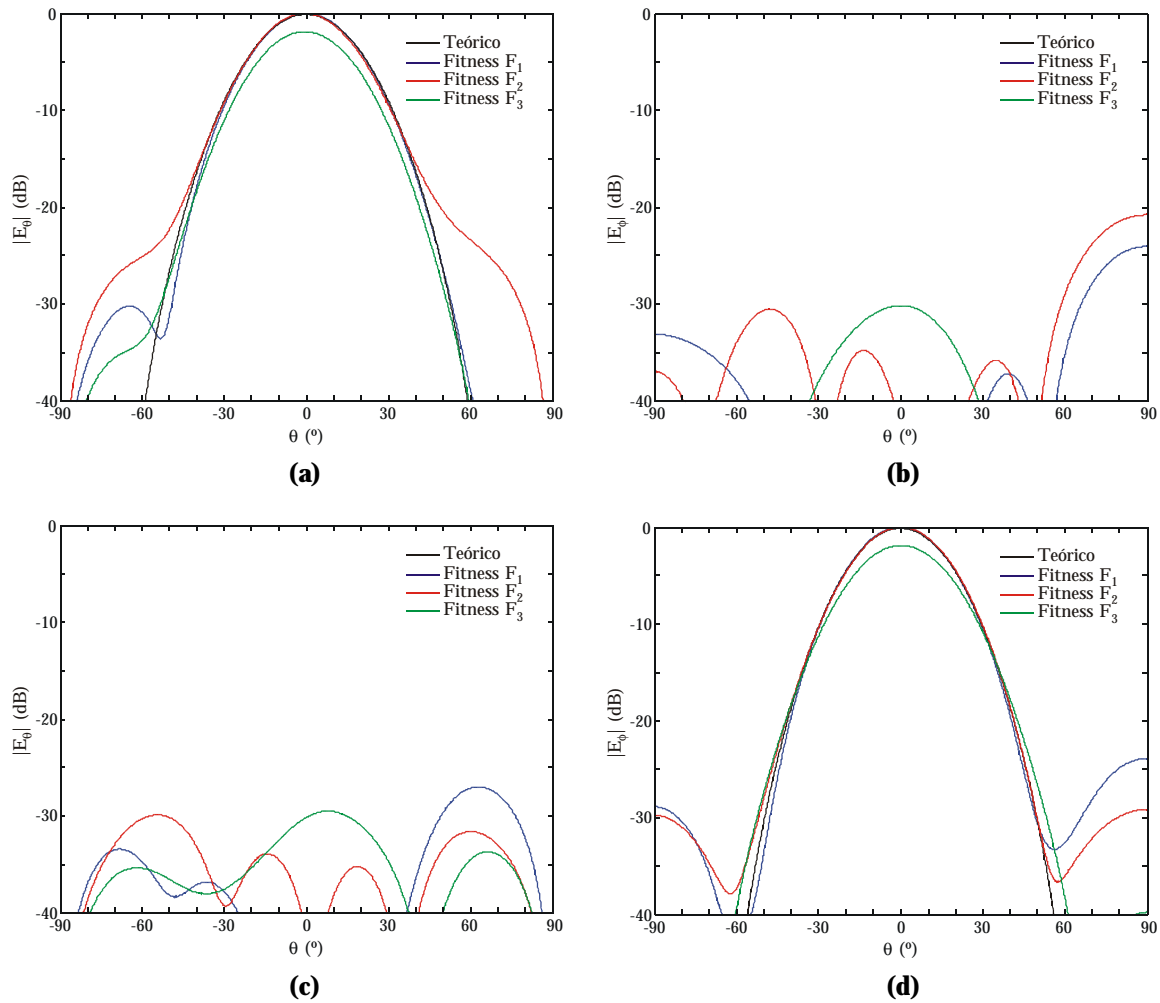


Figura 4.21. Cortes principales del diagrama de radiación de la apertura reconstruido con μ GA. (a) Corte $\phi=45^\circ$, módulo de la componente E_ϕ . (b) Corte $\phi=45^\circ$, módulo de la componente E_ϕ . (c) Corte $\phi=135^\circ$, módulo de la componente E_ϕ . (d) Corte $\phi=135^\circ$, módulo de la componente E_ϕ .

4.8.2 Influencia de la geometría de muestreo y del modelo equivalente

En las etapas iniciales de aplicación de los GA a problemas de transformación de campo, utilizando la configuración geométrica de la Figura A1.1 con muestreo sobre un plano y un modelo equivalente para la fuente basado en dipolos elementales, el método se mostró incapaz de reconstruir los lóbulos laterales de múltiples ABPs con niveles inferiores a 30 dB por debajo del máximo de radiación, en línea con lo expuesto en el apartado anterior. Con el objetivo final de superar esta limitación física del método, la investigación fue encaminada hacia la búsqueda de imperfecciones, más que en lo que respecta al propio algoritmo de optimización, en lo que atañe a la forma de especificar y abordar el problema.

Inicialmente se atribuyó la falta de precisión en la reconstrucción de los lóbulos laterales a la extensión del plano S_{cc} que contiene la información de

referencia. Dado que la región visible en el método clásico de la FFT depende de la extensión del plano de muestreo, se pensó en ampliar las dimensiones del plano S_{cc} , aún a sabiendas de que el método propuesto es independiente, a priori, de la geometría de medida. Se utilizaron superficies de diferentes tamaños, con una separación z_s y un muestreo interno (Δ_x, Δ_y) variables, sin apreciar mejora significativa alguna.

Si en lugar de actuar sobre las muestras de referencia se analiza la radiación del modelo equivalente, pueden extraerse conclusiones definitivas al respecto. El campo radiado en un punto p de campo cercano por un dipolo aislado tiene componentes E_x , E_y y E_z . Sin embargo, en el ajuste sólo intervienen las componentes tangenciales al plano E_x y E_y . En realidad, no se está ajustando por completo la radiación del conjunto de dipolos que conforman el modelo equivalente. Al recuperar el diagrama de radiación en campo lejano, el efecto de E_z se traslada a E_θ , lo cual justifica, por ejemplo, el porqué del pésimo ajuste obtenido para esta componente en ambos cortes de la Figura 4.20. Para mitigar este efecto sin renunciar al muestreo sobre geometría plana, se propone como alternativa distribuir las muestras sobre cinco planos, atendiendo a la geometría de la Figura A1.2. En este caso, las muestras que utilizan los GA como referencia en la optimización llevan información, dos a dos y según el plano, de las componentes E_x , E_y y E_z .

Otra posible mejora está ligada con el modelo equivalente de fuente. Si para el modelo equivalente de fuente propuesto en la Figura A1.2(b), en lugar de utilizar dipolos eléctricos y/o magnéticos, en definitiva, corrientes puntuales, se utilizan CME, o lo que es lo mismo, pulsos de corriente en 2D, entonces, en función de la frecuencia de trabajo, de la discretización de corrientes y de la distancia al plano de medida, la mejora que se consigue puede resultar significativa.

Por último, y aunque en menor medida, los errores de ajuste también dependen de la representación numérica en punto flotante de los datos, tanto en el caso de codificación real como en el de codificación binaria. El cálculo del campo radiado por cada elemento de corriente en cada punto de campo cercano parece no depender del grado de precisión de las variables, pero si se hace extensible a todo el modelo equivalente y a los P puntos del mado, puede llegar a introducir errores muy pequeños que se arrastrarán generacionalmente. De hecho, al pasar a nivel de código fuente de la representación numérica inicial con simple precisión a doble precisión, se han observado diferencias apreciables.

En definitiva, la extensión de la geometría de muestreo en campo cercano a cinco planos, la utilización de CME como alternativa al modelado mediante dipolos cortos y la representación numérica interna con doble precisión, resumen grosso modo la evolución de la puesta a punto del método para hacerlo aplicable al modelado de ABPs más complejas.

Con el objetivo de validar las conclusiones expuestas anteriormente, a continuación se muestran los resultados de transformación de campo obtenidos al modelar la radiación de una antena de apertura de $3\lambda \times 3\lambda$, con una distribución de campo en la apertura dada por (4.26). Para la ABP se considera un modelo equivalente compuesto por 338 densidades de corriente o dipolos, según la aproximación que se utilice, espaciados $\lambda/4$ sobre una S_e de $3\lambda \times 3\lambda$, de tal forma que $N_x = N_y = 13$. Para la ABP propuesta se analizan los efectos de la geometría de muestreo y del modelo equivalente de fuente.

En lo que respecta a las geometrías de muestreo del apéndice 1, se consideran muestras sobre uno y cinco planos. Para el muestreo en un plano, las componentes tangenciales de campo de la ABP fueron previamente calculadas de forma teórica en $P=3721$ puntos equiespaciados $\Delta_x = \Delta_y = \lambda/2$ en un plano S_{cc} de dimensiones $30\lambda \times 30\lambda$, alejado $z_s = 5\lambda$ de la apertura. Para la geometría de campo cercano con cinco planos de la Figura A1.2(c) se consideran $L=16\lambda$ y $\Delta_s = \lambda/4$, con un total de $P=3169$ puntos espaciados $\lambda/2$.

Como método de optimización para realizar el análisis se utilizan los μ GA de codificación binaria. Se utiliza cruce uniforme, con una P_c del 70% (0.7), un único hijo por cada par de padres que compiten en la reproducción, y 10 y 8 bits para codificar la amplitud y la fase de las corrientes equivalentes, M_i y F_i en (4.22), respectivamente. En todos los casos se considera una población de 700 individuos y se analiza por separado la influencia de la geometría de campo cercano y del modelo equivalente de la ABP.

En primer lugar se analiza la influencia de la geometría de muestreo en campo cercano, utilizando dipolos cortos eléctricos para el modelo equivalente de la fuente [46]. En la Figura 4.22 se muestran las componentes de campo normalizadas respecto al máximo para los cortes principales del diagrama de radiación, $\phi=45^\circ$ (plano E) y $\phi=135^\circ$ (plano H). Para una realización aislada y para cada uno de los cortes se muestran la amplitud y la fase de la componente principal y el módulo, que no deja de ser ruido, de la componente cruzada. En una primera aproximación, podría concluirse que la aportación extra de las muestras de campo cercano distribuidas sobre cinco planos es inapreciable. Sin embargo, si se analiza componente a componente el resultado, la mejora, aunque pareciera mínima, es significativa. Así por ejemplo, el nivel de las componentes cruzadas en ambos cortes, que marca en cierta medida la capacidad de resolver del método, es ligeramente inferior para la geometría de muestreo en cinco planos. Adicionalmente, el ajuste y la tendencia del módulo y fase de las componentes principales en cada uno de los cortes, E_θ y E_ϕ para $\phi=45^\circ$ y $\phi=135^\circ$, permite concluir, en términos globales, que existe una leve mejora en la reconstrucción del diagrama. A esto debe añadirse el hecho de utilizar 3169 muestras en lugar de las 3721 para el caso de un único plano, redundando en un menor coste computacional por iteración.

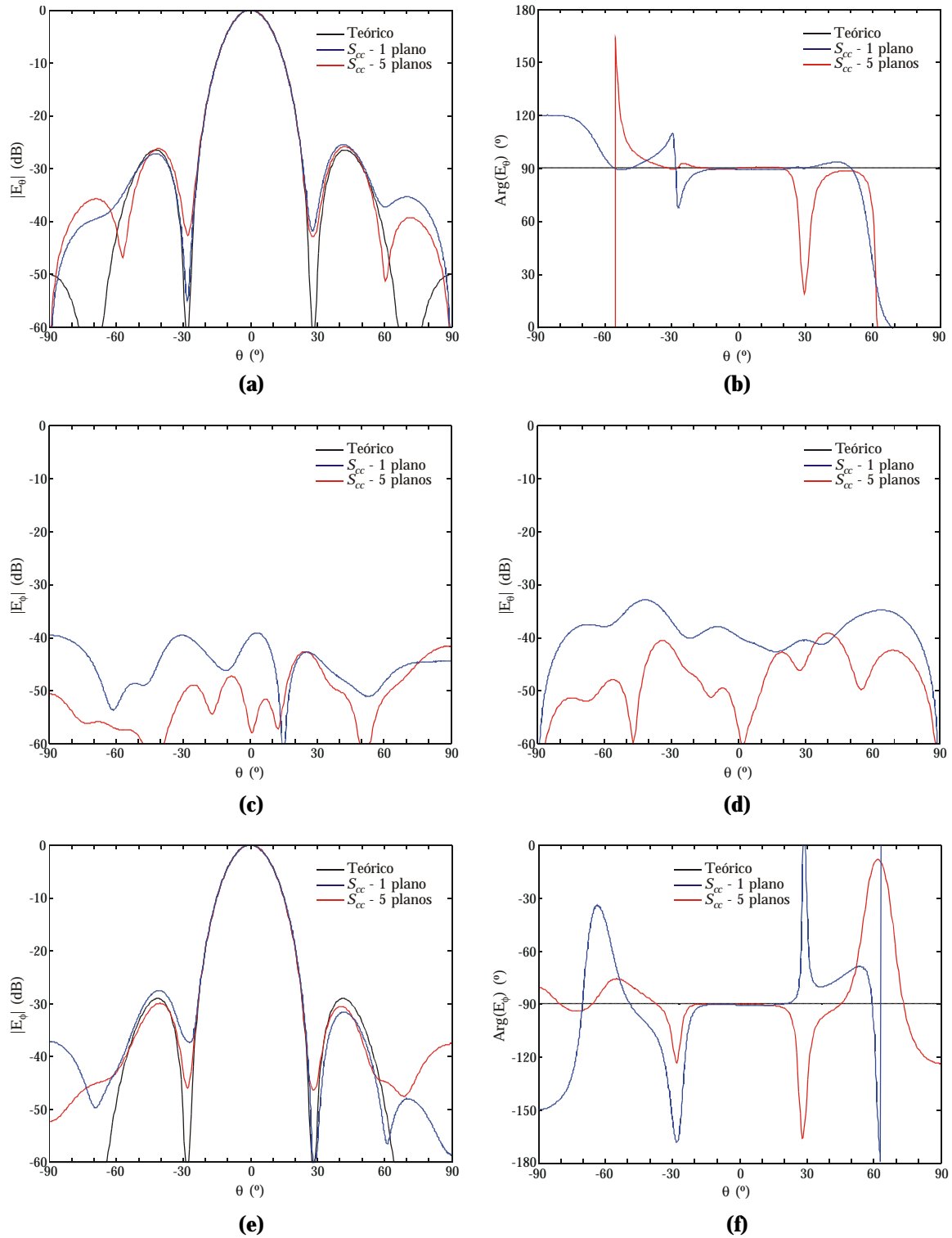


Figura 4.22. Efecto de la geometría de muestreo. (a) Corte $\phi=45^\circ$, módulo de la componente E_0 . (b) Corte $\phi=45^\circ$, fase de la componente E_0 . (c) Corte $\phi=45^\circ$, módulo de la componente cruzada E_ϕ . (d) Corte $\phi=135^\circ$, módulo de la componente cruzada E_ϕ . (e) Corte $\phi=135^\circ$, módulo de la componente E_0 . (f) Corte $\phi=135^\circ$, fase de la componente E_0 .

Como extensión a los resultados de la Figura 4.22, en la Figura 4.23 se muestra la amplitud normalizada de las dos componentes principales de campo, en este caso para los cortes $\phi=0^\circ$ y $\phi=90^\circ$.

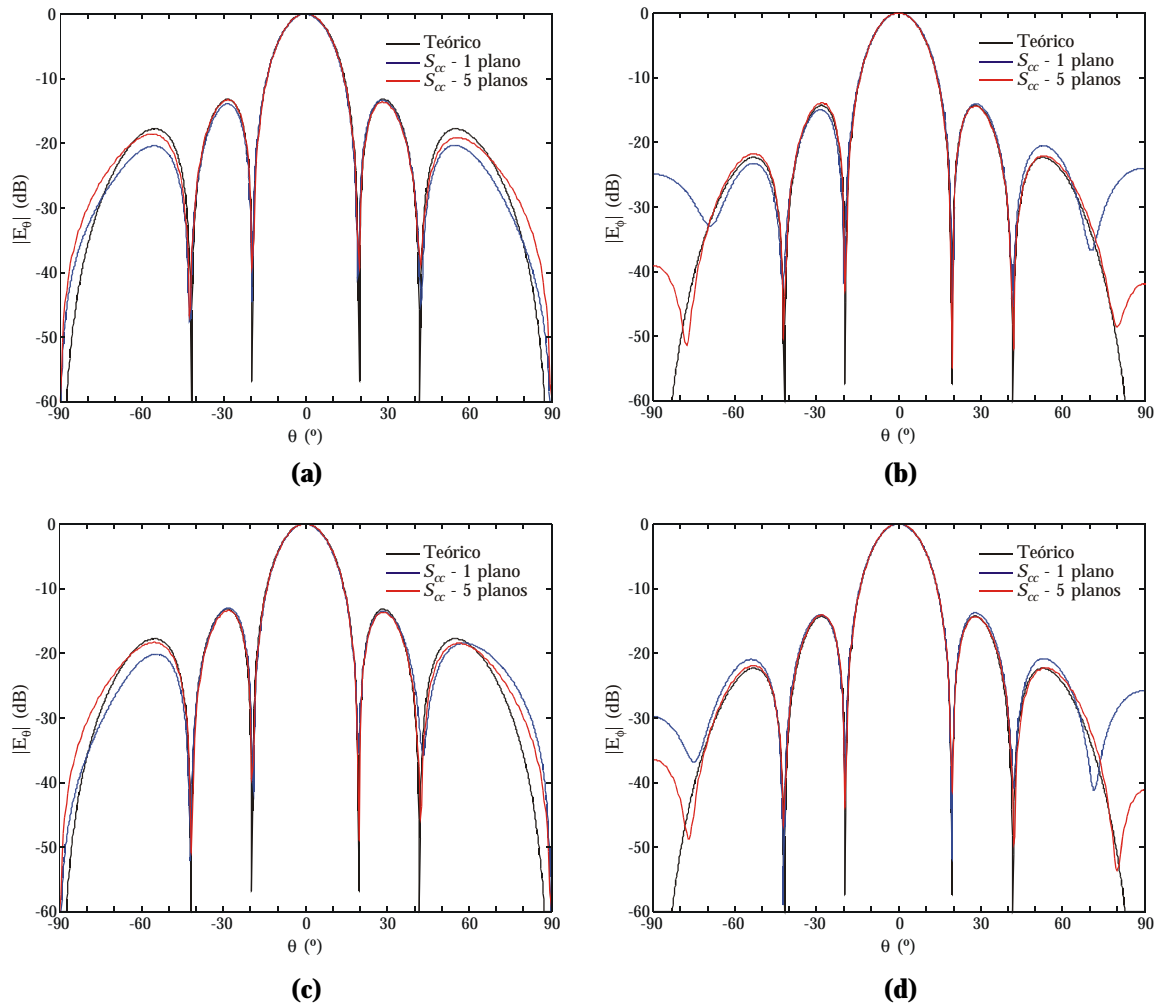


Figura 4.23. Componentes principales del diagrama de radiación para los cortes $\phi=0^\circ$ y $\phi=90^\circ$. (a) Corte $\phi=0^\circ$, módulo de la componente E_θ . (b) Corte $\phi=0^\circ$, módulo de la componente E_θ . (c) Corte $\phi=90^\circ$, módulo de la componente E_θ . (d) Corte $\phi=90^\circ$, módulo de la componente E_θ .

Los resultados de la Figura 4.23 permiten justificar, de forma aún más clara, como afecta la distribución de las muestras en campo cercano a la precisión de los resultados obtenidos en campo lejano. Para las cuatro componentes de campo lejano, la geometría de muestreo con cinco planos de la Figura A1.2(c) ofrece resultados mucho mejores que aquellos obtenidos con muestras de referencia de campo cercano distribuidas sobre un único plano. Por ésta y otras múltiples ABPs analizadas, se puede concluir que esta mejora se mantiene, y en muchos casos se acentúa aún más cuando se modelan antenas de mayores dimensiones.

A continuación se analiza como influye el modelo equivalente de la fuente en la capacidad del método para reconstruir la radiación de la antena de apertura. Se mantiene la misma configuración en lo que respecta al modelo equivalente y al algoritmo de optimización, considerando únicamente la geometría de muestreo en cinco planos. El objetivo se centra en comparar el potencial del método al utilizar dipolos y CME para representar la radiación de la ABP [70].

En la Figura 4.24 se muestran las componentes de campo normalizadas respecto al máximo para uno de los cortes principales del diagrama de radiación, $\phi=45^\circ$ (plano E). Atendiendo al módulo de la componente E_θ en la Figura 4.24(a), puede comprobarse la mejora obtenida al modelar la antena con pulsos de corriente. Tal y como ya se anticipó con anterioridad, para niveles del orden de 25 a 30 dB por debajo del valor máximo, el modelo equivalente con dipolos se muestra incapaz de recuperar con cierta fidelidad la radiación de la fuente. Sin embargo, al utilizar un modelo más preciso con CME, este umbral que dicta la resolución máxima del método basado en GA cae por debajo de los 45 dB, lo cual también repercute positivamente en la recuperación de la fase de la componente. Adicionalmente, el hecho de utilizar geometría de muestreo con campo cercano en cinco planos justifica que la componente cruzada en la Figura 4.24(c) esté más de 40 dB por debajo de la principal, incluso con el modelo equivalente con dipolos. La mejora obtenida al utilizar CME se acentúa aún más si se analizan los resultados obtenidos para el otro corte, mostrados en la Figura 4.25.

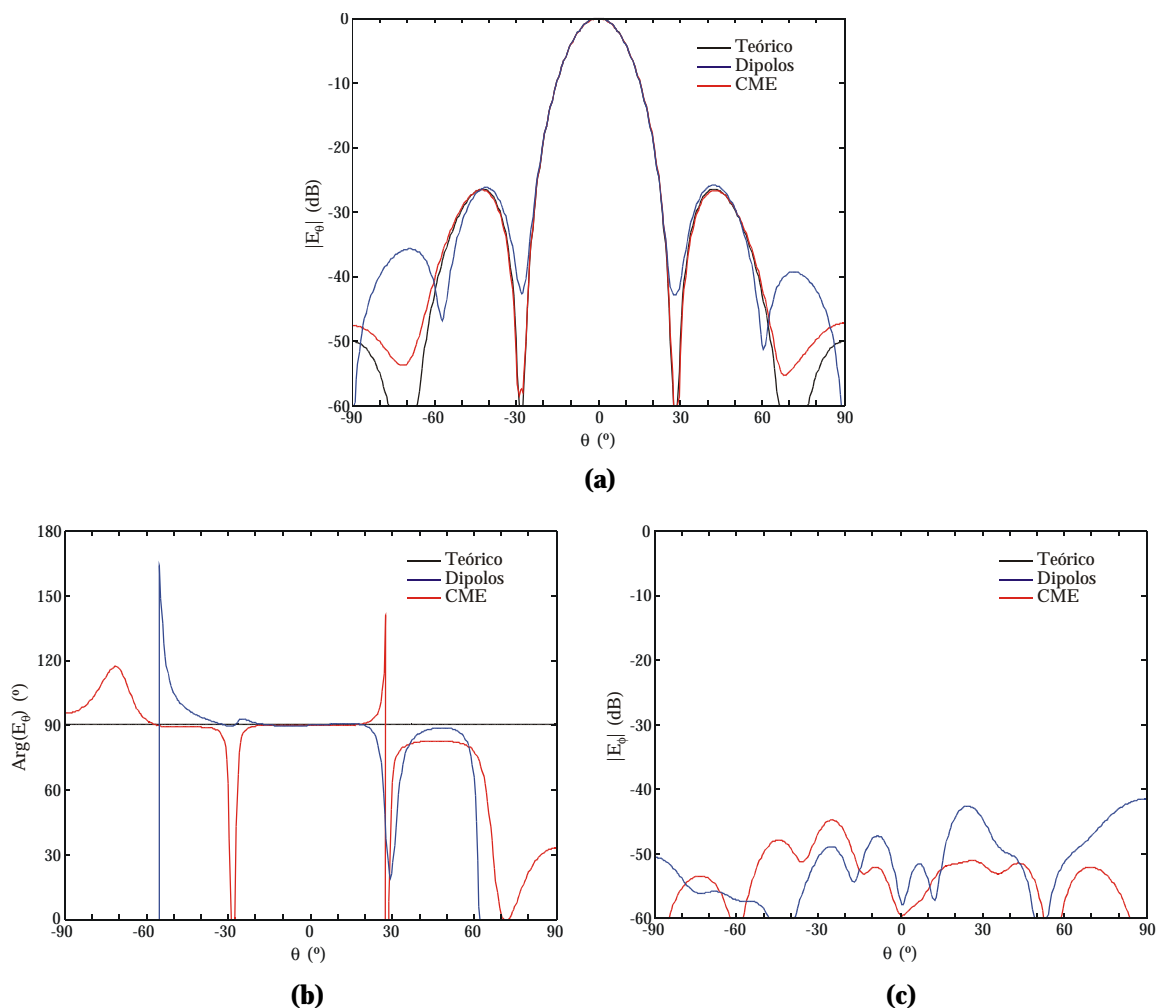


Figura 4.24. Influencia del modelo equivalente de fuente. Resultados de la reconstrucción para el corte $\phi=45^\circ$. (a) Módulo de la componente E_θ . (b) Fase de la componente E_θ . (c) Módulo de la componente cruzada E_ϕ .

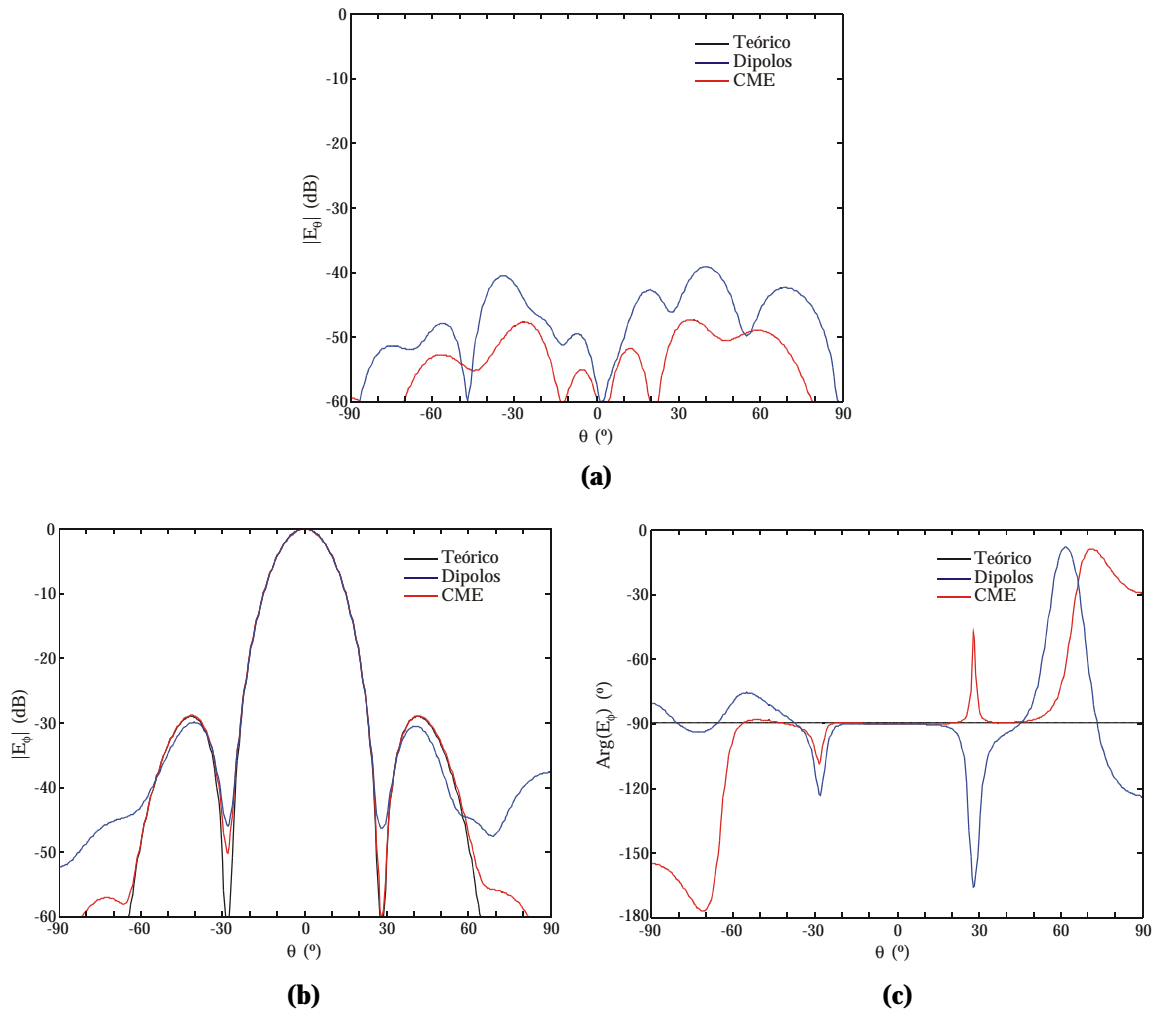


Figura 4.25. Influencia del modelo equivalente de fuente. Resultados de la reconstrucción para el corte $\phi=135^\circ$. (a) Módulo de la componente cruzada E_ϕ . (b) Módulo de la componente E_ϕ . (c) Fase de la componente E_ϕ .

A modo de resumen, el modelado de la fuente utilizando CME y muestras en campo cercano uniformemente distribuidas en cinco planos, de acuerdo con la configuración geométrica de la Figura A1.2, establece la configuración óptima para el método de transformación de campo propuesto.

Una vez se han superado las limitaciones iniciales del método de transformación de campo, a continuación se propone dar un paso más en lo relativo a la geometría de muestreo, con el objetivo de verificar la independencia que tiene el método de la distribución espacial de la información de campo cercano y, a su vez, comparar el potencial de este método con el del método clásico basado en la aplicación de la FFT.

Para realizar el estudio se utiliza como ABP la misma antena de bocina piramidal ya utilizada en la sección 3.4 para analizar el rendimiento del método local basado en simplex y del RS. A modo de recordatorio, citar que las dimensiones

de la apertura de la bocina y de la guía de onda, $a_1 \times b_1$ y $a \times b$ respectivamente, así como los ángulos de apertura y_e y y_h , toman valores $a_1 = 5.5\lambda$, $b_1 = 2.75\lambda$, $a = \lambda/2$, $b = \lambda/4$, $y_e = 12.9^\circ$ y $y_h = 24.6^\circ$ [63]. También se mantiene el modelo equivalente para la fuente, formado por 255 parches de corriente para representar a la componente M_x de las CME en S_e , dado que la M_y es nula y se omite su optimización. En definitiva, el vector C a optimizar de (4.22) se compone de un total de 510 incógnitas.

Como geometrías de muestreo se utilizan las tres configuraciones expuestas en el apéndice 1. A las geometrías de muestreo en uno y cinco planos se añade una tercera geometría mostrada en la Figura A1.3(b), en la que el campo cercano se sintetiza en puntos aleatorios confinados en el interior de un sector semiesférico. Para el caso de muestras distribuidas sobre un único plano, las componentes tangenciales de campo eléctrico E_x y E_y se calcularon de forma teórica en $P = 3721$ puntos, espaciados $\Delta_x = \Delta_y = \lambda/2$ en un plano S_{cc} de dimensiones $30\lambda \times 30\lambda$, situado a $z_s = 6\lambda$ de la apertura de la antena de bocina piramidal. Para la geometría de campo cercano con cinco planos se considera $L = 16\lambda$, $\Delta_s = \lambda/4$ y un muestreo interno a cada plano con paso $\lambda/2$, con un total de $P = 3169$ puntos con información de campo cercano para proceder al ajuste. Por último, para la distribución aleatoria se utilizan como referencia en la optimización las componentes de campo E_x y E_y previamente sintetizadas en $P = 3169$ puntos, distribuidos de forma aleatoria y siguiendo una distribución uniforme, en el interior de un sector semiesférico con radios interior y exterior $r_1 = 5\lambda$ y $r_2 = 10\lambda$, respectivamente [71].

De los esquemas basados en GA se utiliza únicamente el μ GA de codificación binaria para realizar el estudio comparativo. De nuevo, se emplea como configuración más idónea para los μ GA aquella que utiliza cruce uniforme con una P_c del 70% (0.7), un único hijo por cada par de padres que compiten en la reproducción, una población de 600 individuos para el caso de muestreo en un plano y de 750 para las dos geometrías restantes, y una codificación con 11 y 8 bits para representar la amplitud y la fase de la componente M_x , respectivamente. Obviamente, la transformación CC-CL utilizando el método clásico de la FFT sólo fue aplicada a la geometría de muestreo en un plano [72].

A modo de comparativa, en la Figura 4.26 se muestran los resultados de campo lejano obtenidos con los μ GA y con el método clásico de la FFT. Se presentan las componentes principales de campo normalizadas respecto al máximo para los dos cortes principales del diagrama. De los resultados obtenidos puede concluirse que el método de transformación CC-CL objeto de esta investigación alcanza soluciones con una precisión aceptable con independencia de la geometría de muestreo en campo cercano aunque, de nuevo, se cumple que el mejor rendimiento se obtiene cuando las muestras están distribuidas sobre cinco planos.

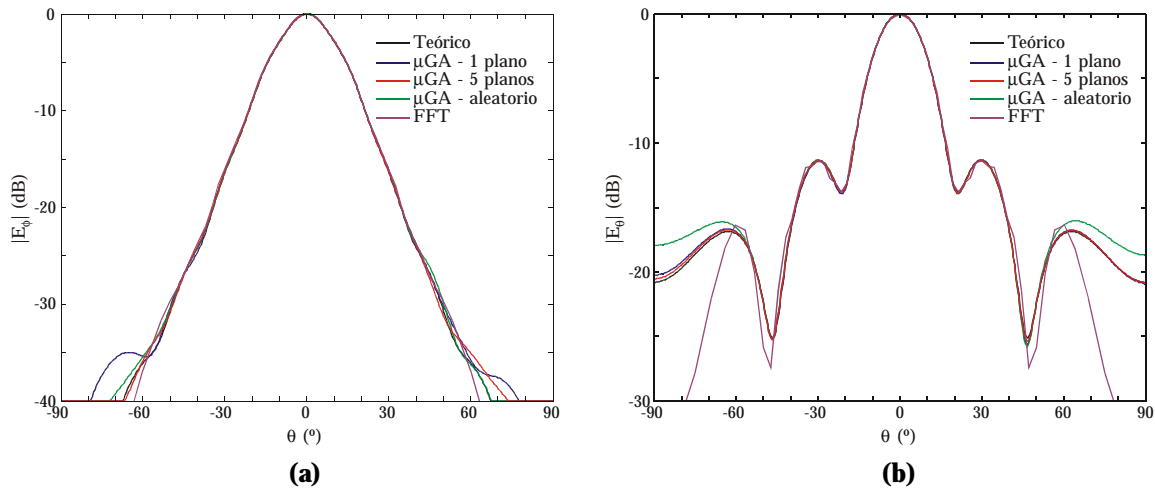


Figura 4.26. Influencia de la geometría de muestreo y comparativa con el método clásico de la FFT. (a) Corte $\phi=0^\circ$ (plano H), módulo de la componente E_ϕ . (b) Corte $\phi=90^\circ$ (plano E), módulo de la componente E_ϕ .

En contraste con los resultados obtenidos con los μ GA, el método clásico de la FFT ofrece un ajuste mucho peor, como ya ocurriera en [73] al modelar una ABP mucho más sencilla. Principalmente, el reducido tamaño del plano de muestreo explica el ajuste tan pobre que se consigue para valores angulares $|\theta| \geq 60^\circ$. De hecho, el tamaño del plano utilizado sólo le permite al método basado en la FFT recuperar con precisión el campo lejano para valores angulares $|\theta_E| \leq 63.9^\circ$ y $|\theta_H| \leq 66.3^\circ$, para los planos E y H respectivamente. Estos límites están directamente relacionados con la condición de radiación en el dominio del espectro de ondas planas [74].

Con el objetivo de mitigar esta restricción asociada con el método clásico de la FFT, se repite el estudio ampliando el tamaño del plano con información de campo cercano. En la Figura 4.27 se muestran los resultados obtenidos para los dos cortes principales del diagrama, utilizando para el caso de la FFT muestras de campo cercano calculadas previamente en puntos equiespaciados $\Delta_x = \Delta_y = \lambda/2$ sobre un plano S_{cc} de dimensiones $80\lambda \times 80\lambda$, situado en $z_s = 6\lambda$. La precisión en los resultados revela una mejora significativa, aunque aún está bastante lejos de la que se consigue con el método objeto de estudio.

En términos generales, se puede afirmar que el método de transformación CC-CL basado en la FFT requiere manejar un número de muestras del orden de siete veces superior al del método basado en GA, a lo cual deben añadirse, entre otras, las restricciones en cuanto a la extensión del plano de medida y a la separación entre muestras. Por el contrario, en términos de eficiencia computacional el método de la FFT es muy superior, con unos tiempos que no superan la decena de segundos en el peor de los casos, según el número de muestras del plano de medida. Sin embargo, la naturaleza estocástica de los GA promueve la búsqueda exhaustiva al atravesar el espacio de soluciones, requiriendo, según la ABP, desde unos minutos hasta varias horas.

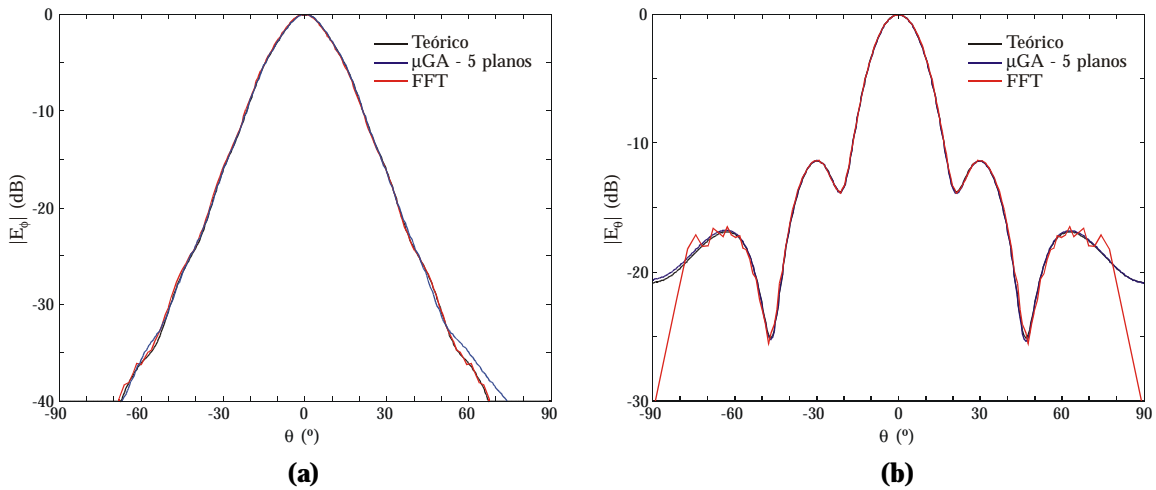


Figura 4.27. Resultados de campo lejano para la bocina piramidal al considerar un plano S_{cc} mucho mayor para aplicar la FFT. (a) Corte $\phi=0^\circ$ (plano H), módulo de la componente E_ϕ . (b) Corte $\phi=90^\circ$ (plano E), módulo de la componente E_θ .

Hasta el momento se ha evaluado la influencia de la geometría de muestreo en función de la precisión alcanzada en campo lejano, dejando a un lado el análisis del rendimiento del algoritmo de optimización en cada uno de los casos. Para la antena de bocina piramidal utilizada durante el estudio, en la Figura 4.28 se muestra la evolución de la optimización para cada una de las tres geometrías de muestreo utilizadas.

De la Figura 4.28(a) se pueden sacar varias conclusiones que merecen ser comentadas. En primer lugar, podría considerarse erróneamente que se requieren más de 8 horas de simulación para obtener una solución de campo lejano satisfactoria. Sin embargo, por simple inspección sobre la evolución del diagrama reconstruido, tal y como se muestra en la Figura 4.28(b), se obtienen soluciones aceptables transcurridas 300 iteraciones del algoritmo, que para el caso de muestreo sobre geometría en un plano se traduce sobre la Figura 4.28(a) en menos de 200.000 evaluaciones del fitness ($300 \times 600 = 180.000$) y, en definitiva, en un tiempo de cómputo de poco más de 3 horas.

Por otra parte, la velocidad de convergencia de la geometría de muestreo en un único plano es computacionalmente más eficiente que el resto, aunque a costa de una menor precisión de ajuste de los lóbulos laterales. No obstante, dependiendo de la precisión que se desee y de las limitaciones de diseño que introduzca la ABP a analizar, deberá buscarse un compromiso entre calidad y ahorro computacional. La experiencia acumulada hace recomendable el uso de la geometría de muestreo en cinco planos.

Como puede observarse en la Figura 4.28(b), se cumple que el fitness de (4.23) ajusta en las primeras iteraciones las mayores contribuciones de campo cercano, mejorando en iteraciones sucesivas el ajuste de los lóbulos laterales.

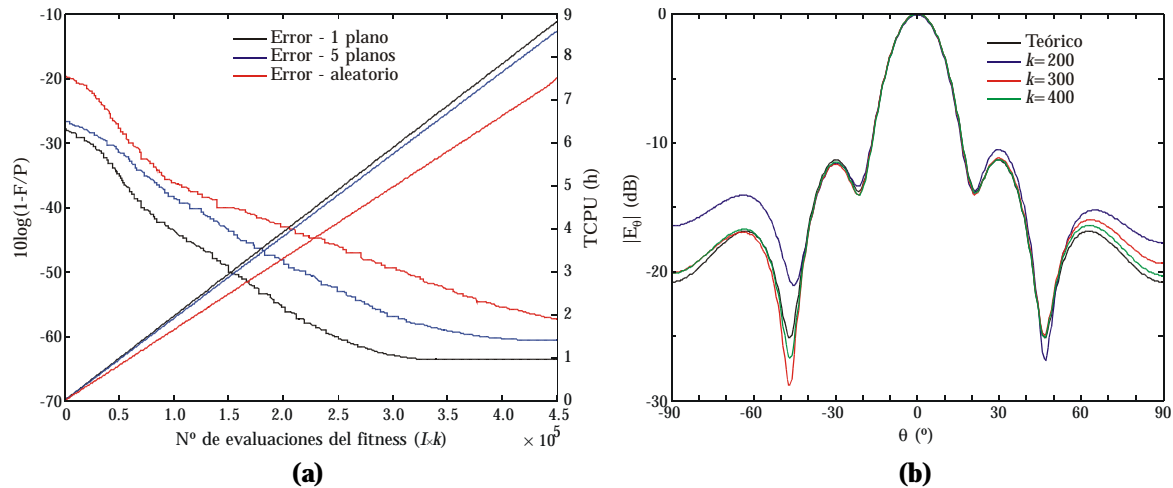


Figura 4.28. Progreso evolutivo de la optimización. (a) Fitness normalizado y tiempo de CPU (Procesador Intel PIV[®] a 3 GHz). (b) Relación entre el número de iteraciones y su significado en términos de precisión en campo lejano para el caso de la geometría de muestreo en un plano.

Por último, la geometría de muestreo con distribución aleatoria de la información muestra el peor comportamiento. Este empeoramiento se debe al efecto combinado de la función de fitness y de la distribución de probabilidad utilizada para calcular los puntos de muestreo. Es decir, tal y como ya se explicó con anterioridad, la función de fitness de (4.23) da más peso en el ajuste a los niveles más altos de señal, coincidiendo normalmente con la dirección $\theta=0^\circ$. Al disponer de menos muestras en la zona central, la caída del error residual normalizado es mucho más lenta, pues a medida que se intentan ajustar niveles de campo menores crece la dificultad para hacerlo. Si en lugar de una distribución uniforme se emplea por ejemplo una distribución normal, con la mayor concentración de los puntos entorno a $\theta=0^\circ$, la rapidez de convergencia inicial sería mucho mayor, aunque a cambio se descuida el ajuste de los lóbulos laterales, tal y como se muestra en la Figura 4.29.

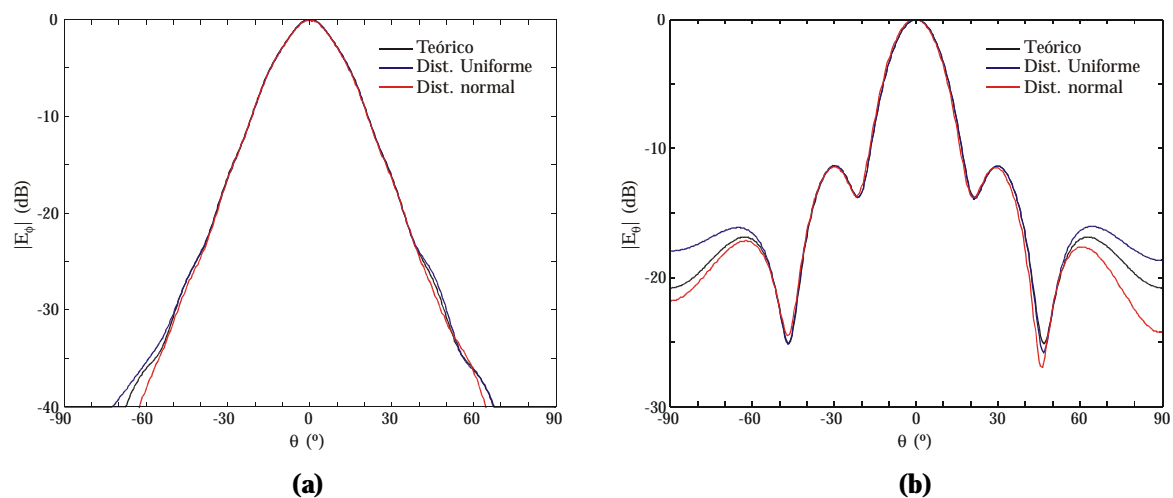


Figura 4.29. Efecto de la distribución aleatoria de las muestras. (a) Corte $\phi=0^\circ$ (plano H), módulo de la componente E_ϕ . (b) Corte $\phi=90^\circ$ (plano E), módulo de la componente E_ϕ .

4.8.3 Apertura con excitación analítica

El método de transformación de campo basado en GA se ha aplicado con éxito al modelado teórico de la radiación, entre otras, de antenas de apertura de diferentes tamaños y con múltiples iluminaciones de campo, utilizando desde una distribución de campo uniforme en una o en ambas direcciones y distribuciones de campo según el modo TE_{10} , hasta distribuciones de corriente puramente analíticas. En esta sección se intenta analizar la capacidad del método para sintetizar la radiación de una apertura de $5\lambda \times 5\lambda$ con las distribuciones de corriente analíticas que se resumen en la Tabla 4.8 [44], donde x' e y' representan las coordenadas del vector de posición de cada elemento de corriente, supuesta la apertura en $z=0$, de acuerdo con la configuración geométrica mostrada en la Figura A1.1. Las CME de #1 y #2 son una modificación de las expuestas en [75] y [76], respectivamente.

Caso	CME	Amplitud	Fase
#1	M_x	$0.0025 + x'^2 + y'^2$	0.0
	M_y	$\frac{0.25}{0.25 + x'^2 + y'^2}$	$P \sqrt{x'^2 + y'^2}$
#2	M_x	$e^{-128(x'^2 + y'^2)}$	0.0
	M_y	0.0	0.0

Tabla 4.8. Distribuciones de corriente analíticas.

En ambos casos, las componentes tangenciales de campo eléctrico utilizadas para realizar el ajuste, E_x y E_y , fueron calculadas teóricamente en un único plano, de acuerdo con la geometría de muestreo de la Figura A1.1. El plano S_{cc} tiene unas dimensiones de $40\lambda \times 40\lambda$, está alejado de la apertura $z_s=5\lambda$, y las muestras están espaciadas $\Delta_x=\Delta_y=\lambda/2$, con un total de $P=6561$ puntos de referencia.

En la optimización se utiliza un modelo equivalente para representar a las densidades de corriente M_x y M_y sobre S_e , formado por 121 ($N_x=11$, $N_y=11$) y 225 ($N_x=15$, $N_y=15$) parches de corriente para los casos #1 y #2, respectivamente. En #2, el hecho de que M_y sea nula permite reducir a la mitad el número de incógnitas a optimizar. En definitiva, para #1 y #2 cada cromosoma a optimizar estará integrado por 484 y 450 variables o genes, respectivamente. En lo que respecta al método de optimización, se analizan únicamente los resultados obtenidos con el μ GA de codificación binaria ya descrito anteriormente, utilizando cruce uniforme con una P_c del 70% (0.7), un único hijo por cada par de padres, una población de 700 individuos para el caso #1 y de 750 para el caso #2, y una codificación con 11 y 8 bits para representar la amplitud y la fase de las CME.

En la Figura 4.30 se muestran los resultados de campo lejano obtenidos para la distribución analítica #1.

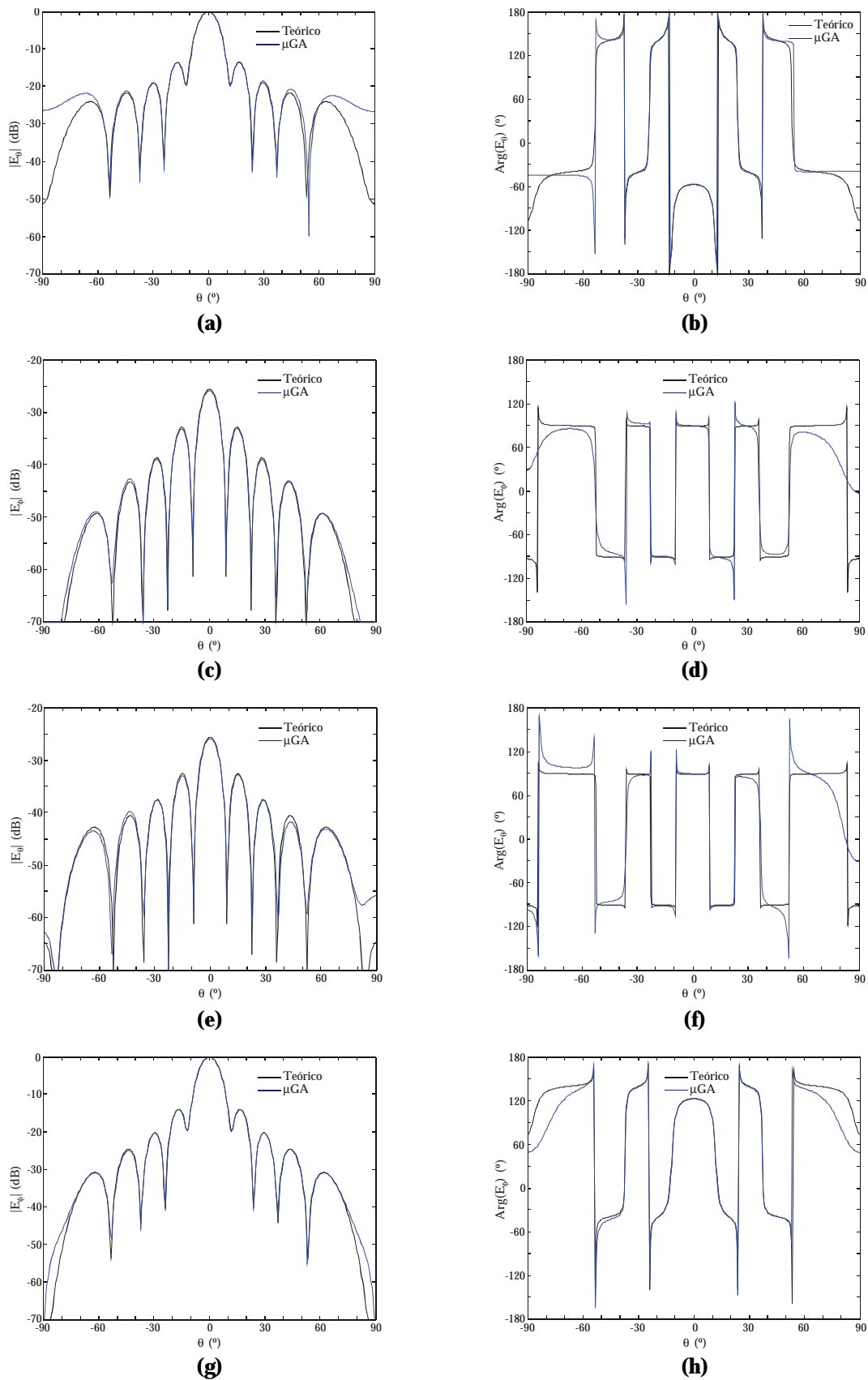


Figura 4.30. Resultados para los cortes $\phi=0^\circ$ y $\phi=90^\circ$. Caso #1. (a) Módulo de la componente E_θ , $\phi=0^\circ$. (b) Fase de la componente E_θ , $\phi=0^\circ$. (c) Módulo de la componente E_θ , $\phi=0^\circ$. (d) Fase de la componente E_θ , $\phi=0^\circ$. (e) Módulo de la componente E_θ , $\phi=90^\circ$. (f) Fase de la componente E_θ , $\phi=90^\circ$. (g) Módulo de la componente E_θ , $\phi=90^\circ$. (h) Fase de la componente E_θ , $\phi=90^\circ$.

Los resultados obtenidos para la distribución #1 demuestran el potencial del método de transformación y del propio algoritmo de optimización. Únicamente aparecen pequeños errores de ajuste para direcciones angulares alejadas del máximo de radiación, con niveles muy por debajo del máximo. Donde más se acusa este efecto es en la componente E_θ , que volviendo al razonamiento esgrimido en la sección anterior, apunta al hecho de utilizar un único plano para distribuir la información de campo cercano. Con este mismo razonamiento, los resultados de campo lejano obtenidos para la distribución #2 que se muestran en la Figura 4.31 revelan la precisión del ajuste, limitada para ángulos $|\theta| \leq 60$ fundamentalmente por el hecho de utilizar únicamente las componentes E_x y E_y en el ajuste, aunque para estas direcciones angulares los niveles ya están más de 30dB por debajo del máximo.

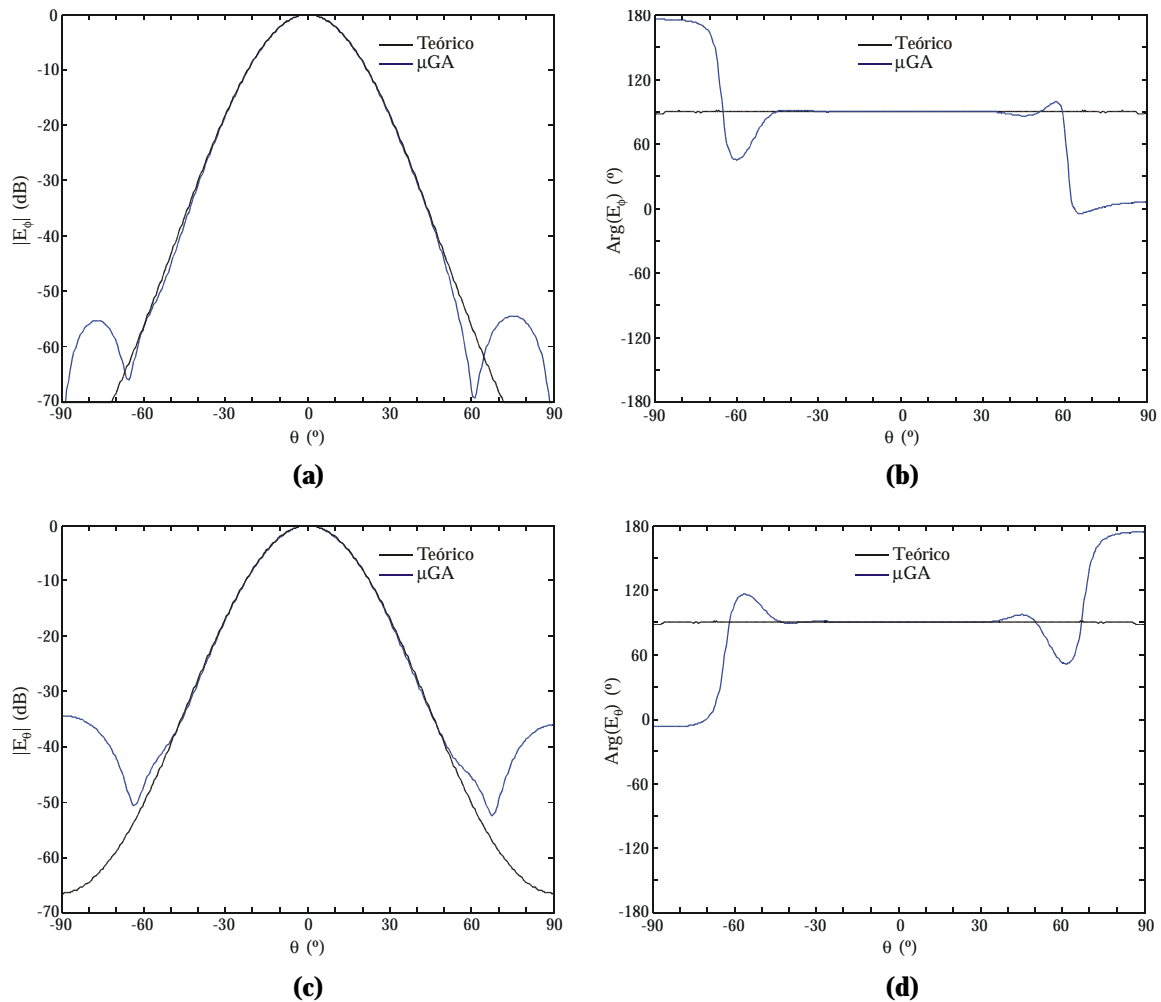


Figura 4.31. Componentes principales del diagrama de radiación para los cortes $\phi=0^\circ$ y $\phi=90^\circ$. Caso #2. (a) Módulo de la componente E_θ , $\phi=0^\circ$. (b) Fase de la componente E_θ , $\phi=0^\circ$. (c) Módulo de la componente E_θ , $\phi=90^\circ$. (d) Fase de la componente E_θ , $\phi=90^\circ$.

Por último y con el objetivo de analizar la capacidad de los μ GA para reconstruir las fuentes, en la Figura 4.32 se muestran las componentes de las CME optimizadas para el caso #1, y en la Figura 4.33 las CME asociadas con el caso #2.

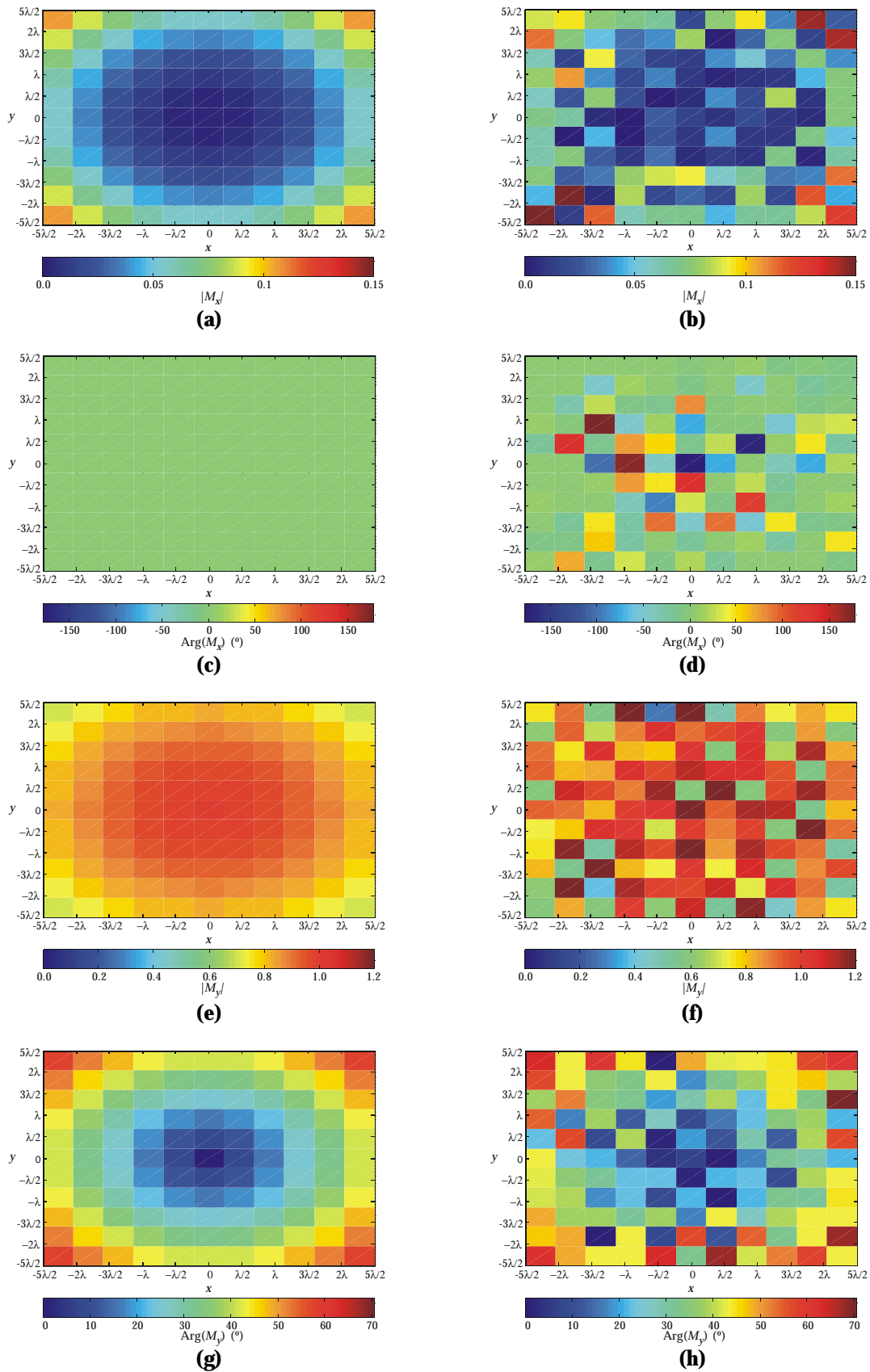


Figura 4.32. Componentes teóricas y optimizadas de la densidad de corriente magnética en la apertura para la distribución #1. (a) Amplitud de M_x teórica. (b) Amplitud de M_x optimizada. (c) Fase de M_x teórica. (d) Fase de M_x optimizada. (e) Amplitud de M_y teórica. (f) Amplitud de M_y optimizada. (g) Fase de M_y , teórica. (h) Fase de M_y , optimizada.

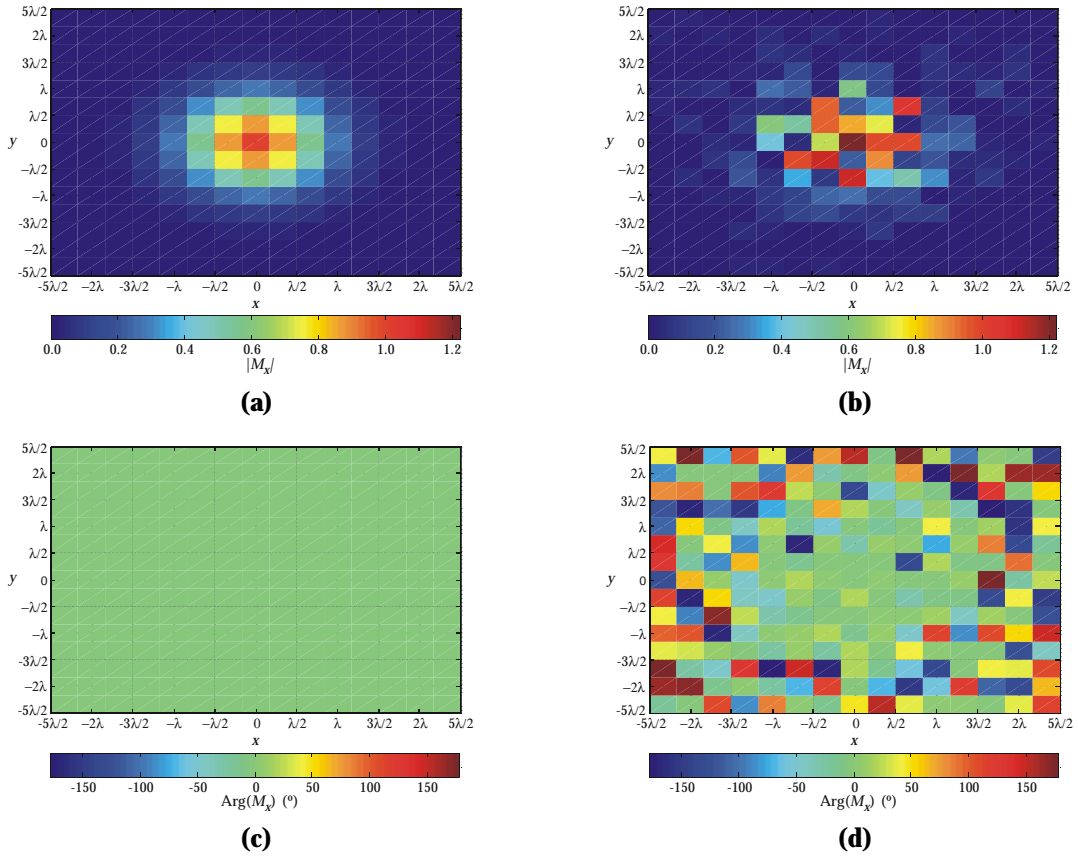


Figura 4.33. Componentes teóricas y optimizadas de la densidad de corriente magnética en la apertura para la distribución #2. (a) Amplitud de M_x teórica. (b) Amplitud de M_x optimizada. (c) Fase de M_x teórica. (d) Fase de M_x optimizada.

A la vista de los resultados obtenidos para ambas densidades de corriente, podemos afirmar que el μ GA intenta aproximar la distribución de las corrientes sobre la apertura, pero se encuentra con la limitación que le imponen, entre otros, la cuantificación binaria, la función de fitness y la propia longitud del cromosoma. Utilizando como referencia los resultados de la Figura 4.32, se procede a justificar como repercuten algunos de estos aspectos en la excitación final de cada elemento de corriente.

Por un lado, el número de bits marca la resolución de los parámetros durante la optimización. Como es sabido, la función de fitness se ve recompensada al ajustar los niveles mas altos de campo cercano, de tal forma que, por ejemplo, al ajustar la amplitud de la componente M_y de la Figura 4.32(e), errores de cuantificación en el ajuste inicial de los parches centrales se traduce en que si el algoritmo da un valor mayor a uno de estos parches, los del alrededor deberá excitarlos con un valor inferior para compensar este efecto y mantener las contribuciones al fitness, obteniendo al final un mosaico como el de la Figura 4.32(f). No obstante, esta es la componente más difícil de ajustar, dado que el rango dinámico en el que se mueve la amplitud de la componente teórica M_y es muy pequeño y hace aún más pronunciado este efecto.

Aunque se ha resaltado el límite impuesto por la cuantificación binaria, el problema va más allá, dado que el utilizar GA con codificación real puede llegar a mitigar este efecto pero no a resolverlo, pues se trata de una limitación inherente a la naturaleza estocástica de los GA. Los GA se muestran incapaces de reproducir las excitaciones al manejar generacionalmente un espacio de búsqueda tan grande, donde existen múltiples soluciones para las CME que conducen a campos radiados muy parecidos. De hecho, los GA no son apropiados para la reconstrucción de fuentes, ni se utilizaron realmente en este trabajo con este fin.

4.8.4 Comparación de los diferentes esquemas de GA

La totalidad de los resultados de transformación de campo presentados hasta el momento sólo han dejado entrever el potencial y las limitaciones de los algoritmos micro-genéticos. En esta sección se incluye un estudio comparativo de los diferentes esquemas basados en GA propuestos en 4.2 a 4.5, que permite justificar la elección de los μ GA de codificación binaria como uno de los esquemas que mejor rendimiento ofrece en problemas de transformación de campo.

Para llevar a cabo el estudio comparativo se utiliza como ABP la antena de bocina piramidal ya propuesta con anterioridad en 4.8.2, donde a modo de recordatorio, $a_1=5.5\lambda$, $b_1=2.75\lambda$, $a=\lambda/2$, $b=\lambda/4$, $y_e=12.9^\circ$ y $y_h=24.6^\circ$. Se utiliza el mismo modelo equivalente para representar a la componente M_x de las CME, formado por 255 parches. Para componer las muestras de referencia se considera únicamente la geometría de muestreo en cinco planos de la Figura A1.2(c), con $L=16\lambda$, $\Delta_s=\lambda/4$ y una separación entre muestras de valor $\lambda/2$, para un total de $P=3169$ puntos de campo cercano. En cada punto se calculan teóricamente las componentes de campo eléctrico tangenciales a cada uno de los cinco planos.

En lo que respecta a los esquemas basados en GA utilizados para optimizar las CME, en la Tabla 4.9 se resumen los siete esquemas utilizados con sus características más relevantes. La configuración propuesta para cada uno de estos esquemas es el resultado de realizar múltiples pruebas preliminares para encontrar los valores óptimos en cada caso.

Como puede advertirse, de entre todas las posibilidades faltaría un esquema por analizar, cual sería la versión híbrida que combina los algoritmos micro-genéticos de codificación real con el método de búsqueda local. Sin embargo, esta combinación se descartó por el hecho de que los μ GA de codificación real se mostraron incapaces de optimizar las CME en ninguna de las más de un centenar de realizaciones llevadas a cabo durante su puesta a punto.

Esquema	Descripción	Parámetros
GA binario	GA clásico de codificación binaria (Figura 4.2)	Cruce uniforme, mutación sigilosa, elitismo, $N_c=2$, $I=1000$, $P_c=70\%$, $P_m=3\%$ ($f_c=2\%$), 11 y 8 bits para la amplitud y fase de las CME
GA real	GA clásico de codificación real (Figura 4.2 sin codif.)	Cruce convexo, mutación sigilosa, 5 elitistas, $N_c=20$, $I=400$, $P_c=70\%$, $P_m=5\%$ ($f_c=3\%$)
μ GA binario	μ GA de codificación binaria (Figura 4.3)	Cruce uniforme, elitismo, $N_c=2$, $I=750$, $P_c=70\%$, $T_{\mu GA}=5\%$, 11 y 8 bits para la amplitud y fase de las CME
μ GA real	μ GA de codificación real (Figura 4.3)	Cruce convexo, 1 elitista, $N_c=8$, $I=60$, $P_c=70\%$, $T_{\mu GA}=6\%$
HGA binario	GA clásico de cod. binaria + Nelder Mead (Figura 4.4)	Esquema "GA binario" durante $K_1=250$ iterac. + Nelder Mead durante $K_2=200.000$ iterac.
H μ GA binario	μ GA de cod. binaria + Nelder Mead (Figura 4.4)	Esquema " μ GA binario" durante $K_1=250$ iterac. + Nelder Mead durante $K_2=251.000$ iterac.
HGA real	GA clásico de cod. real + Nelder Mead (Figura 4.4)	Esquema "GA real" durante $K_1=1000$ iterac. + Nelder Mead durante $K_2=200.000$ iterac.

Tabla 4.9. Especificaciones de los siete esquemas basados en GA utilizados en la comparativa.

Para la antena de bocina piramidal propuesta y para una realización aislada, en la Figura 4.34 se muestra la relación entre precisión de ajuste y rendimiento para cada una de las configuraciones de la Tabla 4.9. La naturaleza estocástica de los GA pudiera hacer pensar que nuevas realizaciones con semillas de arranque distintas para el generador de números aleatorios pudieran alterar la tendencia y el rendimiento de alguno de los esquemas de optimización propuestos. Sin embargo, aunque se presenta una única muestra representativa de cada esquema, se comprobó que la tendencia se mantenía con independencia de la semilla de arranque, con ésta y con otras ABPs analizadas.

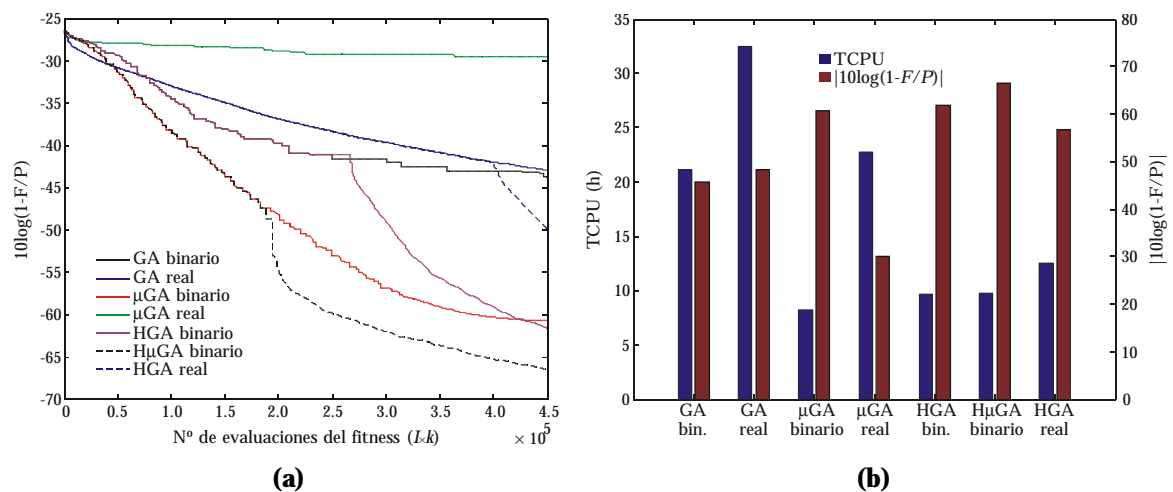


Figura 4.34. Comparación de los distintos esquemas de GA utilizados. (a) Evolución de la optimización en función del número de llamadas a la función de fitness. (b) Relación entre el mínimo error residual alcanzado y el tiempo de CPU. (Procesador Intel PIV® a 3 GHz).

Los resultados de la Figura 4.34(a) muestran, en términos generales, una superioridad manifiesta de los esquemas con codificación binaria sobre aquellos que utilizan codificación real. Por un lado se puede afirmar, por este y otros resultados obtenidos, que los μ GA reales carecen de utilidad para aplicaciones de transformación CC-CL con cromosomas de más de 50 incógnitas, aunque para antenas muy pequeñas puedan llegar a exhibir puntualmente un rendimiento muy superior al de los GA clásicos de codificación real [77].

Por otra parte, merecen ser destacadas las limitaciones de los esquemas clásicos de los GA, tanto con codificación binaria como real, con un rendimiento muy pobre y a la vez una evolución muy similar. Como alternativa a los esquemas clásicos, los μ GA y los HGA de codificación binaria son los esquemas más eficientes. La caída brusca que experimenta el error residual al utilizar los HGA coincide con la transición entre el final de la ejecución de los GA y el lanzamiento del método de Nelder Mead. El punto de inserción del OL afecta a la velocidad de convergencia y a la calidad de la solución alcanzada.

La relación entre la precisión de ajuste de las CME y el coste computacional asociado con cada esquema se muestra en la Figura 4.34(b). De acuerdo con estos resultados, si se establece una clasificación para los distintos esquemas de optimización investigados, los H μ GA, μ GA y HGA, todos ellos con codificación binaria de los parámetros, son por este orden los métodos más indicados a utilizar en problemas de transformación CC-CL. Atendiendo a los tiempos de CPU y tomando como referencia los H μ GA, hay que hacer constar que aunque el algoritmo necesite 9.8h para alcanzar un error residual mínimo de -66.5, en términos de campo lejano se observó que para valores del error normalizado por debajo de -53.0, lo cual equivale a 3.8h de CPU, no se obtienen mejoras apreciables sobre el diagrama de radiación.

Por último y con el objetivo de establecer la relación entre el error mínimo de ajuste de las CME en la Figura 4.34(a) y la precisión real sobre el diagrama de radiación de la antena, en la Figura 4.35 se muestran los dos cortes principales del diagrama de radiación de la ABP, considerando únicamente los esquemas de optimización más relevantes.

Apenas si existen diferencias apreciables entre las soluciones de campo lejano recuperadas con cualesquiera de los cuatro esquemas propuestos, aunque en términos de error en el ajuste de campo cercano si existen diferencias notables, con valores de -60.7, -61.8, -66.5 y -50.0 para los μ GA, HGA y H μ GA binarios, y el HGA real, respectivamente. De hecho, para el HGA de codificación real este salto tan grande en el error de optimización sólo se refleja levemente en la amplitud y fase de la componente E_ϕ . Sin embargo, el coste computacional de éste esquema hace desaconsejable su uso.

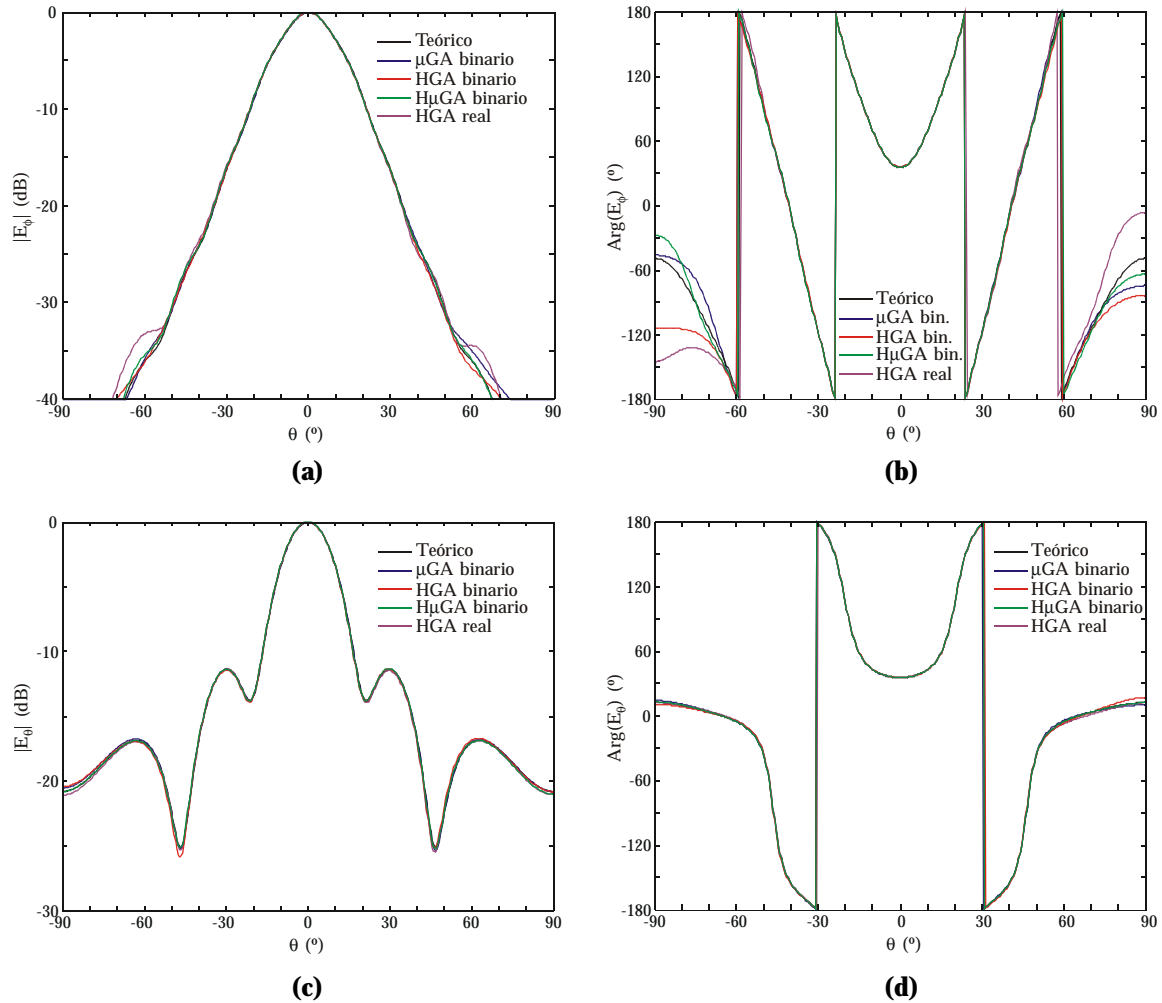


Figura 4.35. Componentes principales del diagrama de radiación reconstruido con diferentes esquemas de GA. (a) Corte $\phi=0^\circ$, módulo de la componente E_ϕ . (b) Corte $\phi=0^\circ$, fase de la componente E_ϕ . (c) Corte $\phi=90^\circ$, módulo de la componente E_θ . (d) Corte $\phi=90^\circ$, fase de la componente E_θ .

Para concluir el estudio comparativo interesa analizar como afecta el punto de inserción del método local en los HGA, y en el caso de la codificación real también resulta interesante analizar la presión que ejercen sobre la convergencia el número de individuos que participan en la selección por torneo (N_c), y el número de los mejores individuos que se conservan generacionalmente.

En lo que respecta a los HGA, en la Figura 4.36 se muestran los GA clásicos de codificación real de la Tabla 4.9, con el OL lanzado en varios puntos espaciados 500 iteraciones. Para $K_1=500, 1000$ y 1500 , el método local se dejó evolucionar durante 200.000 iteraciones y para el resto de casos sólo se corrió el OL durante 95.000 iteraciones. Evidentemente, tal y como refleja la Figura 4.36(b), a medida que se retarda el punto de inserción del OL el coste computacional crece, debido a que se deja evolucionar durante más iteraciones a los GA, los cuales promueven una búsqueda más exhaustiva dentro del espacio de soluciones. Ahora bien, esto no quiere decir que deba lanzarse el OL cuanto antes, porque podría darse el caso de

que el método local de optimización convergiera hacia una solución local si el GA aún no ha explorado convenientemente el espacio de soluciones y no se encuentra en la región óptima. Para $K_1=1000$, el balance entre el error de ajuste y el coste computacional se entiende como el más apropiado. Para este caso concreto, en la Figura 4.36 se incluye la componente fundamental para los cortes principales del diagrama, pudiendo observar la importante ganancia que introduce el método de optimización local y, en definitiva, el HGA sobre el GA clásico.

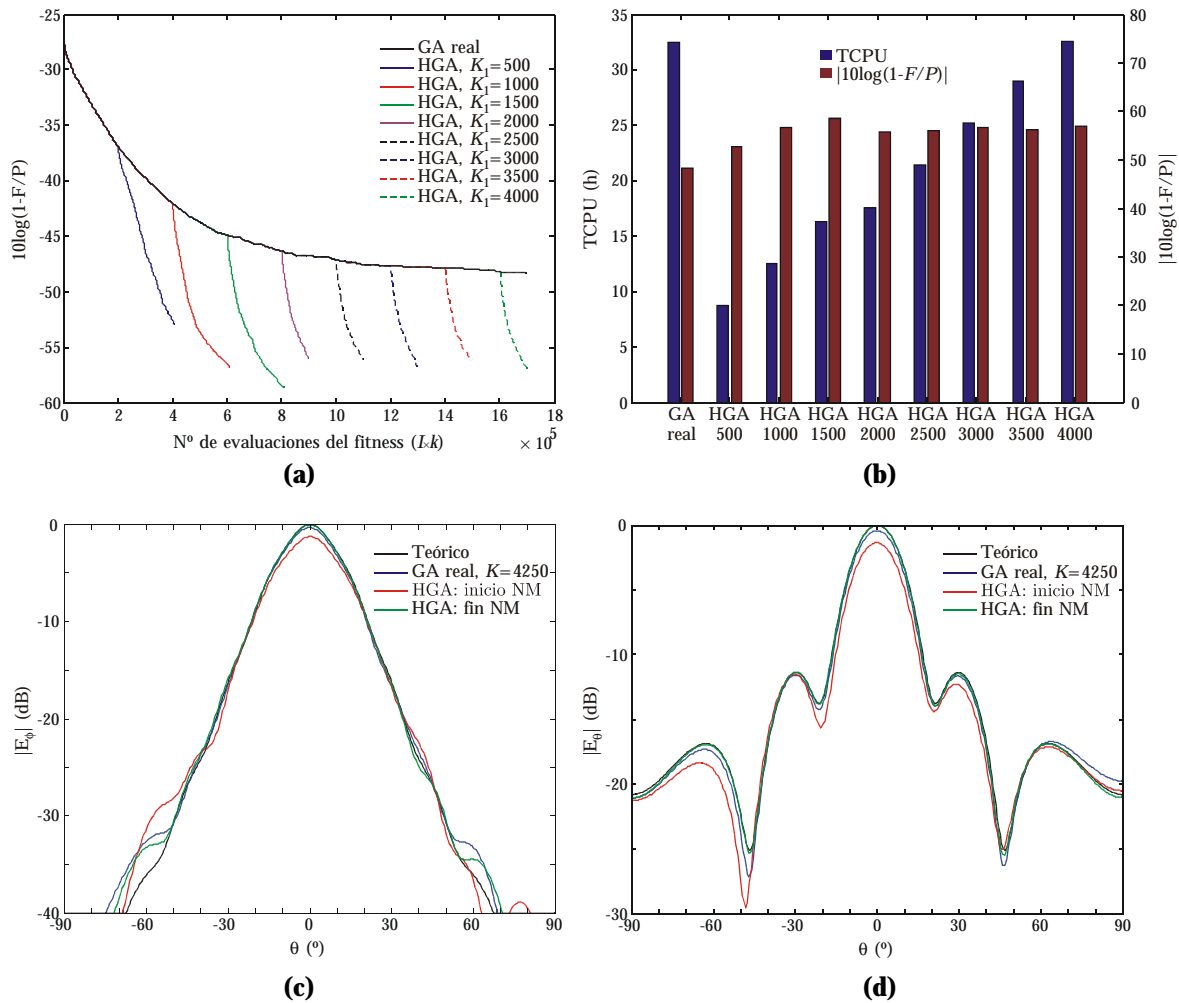


Figura 4.36. Efecto del punto de inserción del método de optimización local en los HGA de codificación real. (a) Evolución del error en función del punto de inserción. (b) Relación entre el error de ajuste y el coste computacional, (Procesador Intel PIV[®] a 3 GHz). (c) Efecto en campo lejano, Corte $\phi=0^\circ$, módulo de la componente E_ϕ . (d) Corte $\phi=90^\circ$, módulo de la componente E_ϕ .

Por otra parte, el número de cromosomas que compiten en el proceso de selección por participar en el ciclo de reproducción, así como el número de elitistas, introducen sendos mecanismos de control indirecto de la convergencia, tal y como ya se explicó en 4.3.3. Para el caso del GA clásico de codificación real de la Tabla 4.9, con la única diferencia respecto a aquél de utilizar $I=600$ cromosomas en lugar de 400, en la Figura 4.37 se ilustran los efectos de ambos mecanismos.

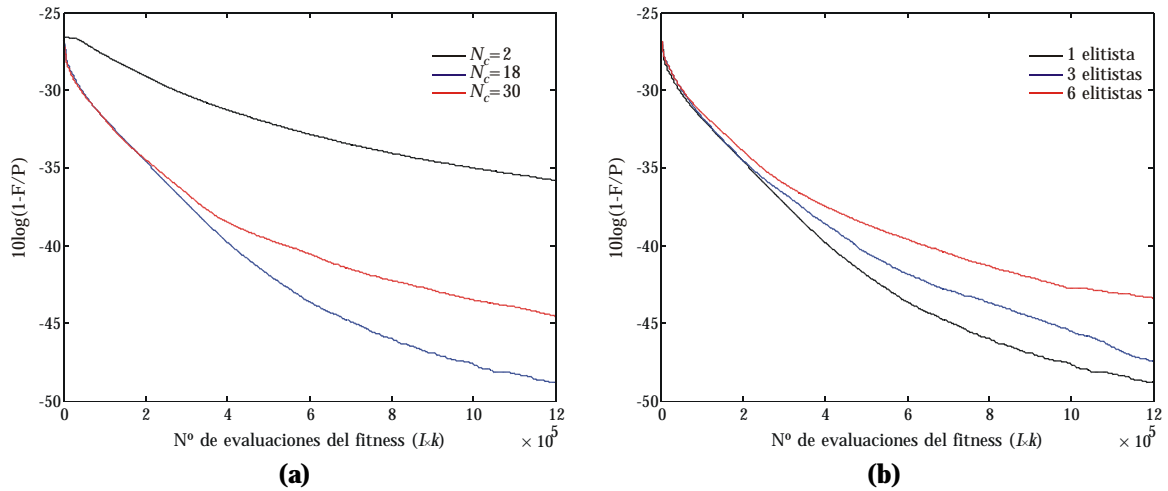


Figura 4.37. Mecanismos adicionales de control de la convergencia. (a) Efecto del tamaño de la subpoblación que compite en cada torneo. Se aplica elitismo con un elitista. (b) Influencia de los mejores individuos replicados generacionalmente, $N_c=18$.

Obviamente, al aumentar el número de individuos que compiten en el torneo, los mejores cromosomas tendrán más oportunidades de transmitir información genética a sucesivas generaciones, acelerando así la convergencia. Sin embargo, tal y como puede observarse en la Figura 4.37(a), para torneos con un número excesivo de individuos, $N_c=30$ (5% de la población), se transmitirá iteración a iteración tanta información genética de los mismos individuos que si éstos están asociados con soluciones engañosas, pueden provocar la convergencia prematura del algoritmo hacia una solución local.

Supuesto el tamaño óptimo del torneo para este caso concreto de $N_c=18$ (3% de la población), en la Figura 4.37(b) se analiza el efecto conjunto con el elitismo, al hacer variable el número de los mejores individuos que deben preservarse generacionalmente. Como puede observarse, la presión que se ejerce con la tasa N_c es tan alta que, si además se premia a las mejores soluciones, entonces la convergencia prematura está asegurada. Es decir, combinando $N_c=18$ con más de un elitista favorece la propagación de soluciones aún muy poco depuradas.

Por último, debe mencionarse que aunque los diagramas de los diferentes esquemas basados en GA estaban dotados de la posibilidad de utilizar *niching*, esta opción nunca contribuyó positivamente al ajuste de las muestras en campo cercano, con independencia de la ABP bajo análisis. De hecho, Oei y otros en [78] exponen que la combinación de la selección por torneo y del *niching* puede dar lugar a un algoritmo inestable, dado que lo que crea el *niching* distribuyendo el fitness se destruye con la selección por torneo.

4.9 Conclusiones

Con el objetivo de aplicar nuevos métodos de optimización global a la resolución de problemas electromagnéticos, en este capítulo se ha presentado un análisis profundo de las prestaciones y utilidad de diferentes esquemas basados en algoritmos genéticos. Aunque los GA clásicos han sido utilizados con éxito durante la última década en muy diversas aplicaciones, la necesidad de mejorar el rendimiento de este método de naturaleza estocástica ha hecho surgir y evolucionar, entre otros, a los μ GA y a los HGA.

Al margen de aplicaciones puntuales de los GA clásicos de codificación binaria y real al modelado de fuente en aplicaciones CEM y a la síntesis de agrupaciones lineales respectivamente, el estudio del potencial y de las limitaciones de los diferentes esquemas basados en GA se centra en el problema de transformación CC-CL. Para esta aplicación en concreto, se ha mostrado la evolución que ha seguido la puesta a punto del método de transformación de campo, llegando a la conclusión de que la geometría de muestreo con muestras de campo cercano distribuidas en cinco planos, con un modelo equivalente para la fuente formado por pulsos 2D de amplitud constante, se erige en la mejor configuración para afrontar el problema.

En lo que respecta a los esquemas de optimización basados en GA, los resultados obtenidos para múltiples ABPs analizadas son concluyentes al respecto. Si bien múltiples autores defienden la utilidad y mayor sencillez de los GA de codificación real, la experiencia nos permite afirmar que en espacios multidimensionales con varios centenares de incógnitas éstos se muestran bastante más ineficaces que sus homónimos binarios. Por otra parte, esquemas alternativos a los GA clásicos más sofisticados, como son los algoritmos micro-genéticos o los algoritmos genéticos híbridos, ambos de codificación binaria, ofrecen un rendimiento muy superior. La principal limitación de los GA es el tiempo de cómputo asociado con la propia filosofía de búsqueda del algoritmo. Por este hecho, aún cuando se combine con un método de optimización local, la utilidad de estos algoritmos está limitada al análisis de antenas de tamaño medio.

Entre la comunidad electromagnética, la práctica habitual al aplicar GA a un problema específico es utilizar una estrategia concreta para selección, cruce y mutación, y proceder a afinar aspectos tales como las probabilidades de cruce y mutación, la función de fitness y el tamaño de la población. Sin embargo, y aunque no se incluyen resultados al respecto, para todos y cada uno de los esquemas investigados se realizó una rigurosa parametrización, de la cual se extrajo la configuración óptima que se ha utilizado con cada esquema y en cada problema de interés.

La principal limitación que se ha encontrado al aplicar los GA al modelado electromagnético tiene que ver con la complejidad de la puesta a punto del algoritmo, dado el elevado número de parámetros que intervienen y condicionan el funcionamiento del mismo, todos a su vez interrelacionados entre sí. Si bien es cierto que los GA pueden ofrecer resultados aceptables con diversos tipos de estrategias para los operadores de cruce y mutación, y con diferentes tamaños de población y probabilidades de cruce y mutación, cuando lo que se pretende es aunar precisión y rendimiento para un problema electromagnético en concreto, encontrar una configuración óptima puede requerir una inversión en tiempo desproporcionada.

Por todos estos motivos, las líneas futuras de investigación debieran ir encaminadas a lo que ya comienza a dejarse entrever como una configuración adaptativa de los GA [67]. Los esquemas adaptativos permitirían resolver algunos de los inconvenientes de los GA, entre los cuales destacan el aumento de la velocidad de convergencia, la eliminación de la necesidad de sintonizar los parámetros del algoritmo y, por último, la posible generalización del uso del mismo núcleo de los GA con independencia del tipo de problema bajo análisis. No obstante, no queda claro que todo el código fuente que hay detrás de estas mejoras no introduzca un nuevo límite en términos de coste computacional.

4.10 Bibliografía

- [1] D.E. Goldberg, "Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning", Addison-Wesley, New York, 1989.
- [2] J. Kennedy, R.C. Eberhart, "Swarm intelligence", Morgan Kaufmann Publishers, San Francisco, 2001.
- [3] J.M. Johnson, Y. Rahmat-Samii, "Genetic algorithms in engineering electromagnetics", *IEEE Antennas and Propagation Magazine*, Vol. 39, No. 4, August 1997, pp. 7-25.
- [4] R. Haupt, "Comparison between genetic and gradient-based optimization algorithms for solving electromagnetics problems", *IEEE Transactions on Magnetism*, Vol. 31, No. 3, May 1995, pp. 1932-1935.
- [5] Y. Rahmat-Samii, E. Michielssen, "Electromagnetic optimization by genetic algorithms", John Wiley & Sons, New York, 1999.
- [6] J.R. Regué, M. Ribó, J.M. Garrell, "Radiated emissions conversion from anechoic environment to OATS using a hybrid genetic algorithm-gradient method", *Proceedings of the IEEE International Symposium on Electromagnetic Compatibility*, Montreal (Canada), August 2001, Vol. 1, pp. 325-329.
- [7] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Near to far-field transformation for antenna

- measurements using a GA based method”, *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Texas (USA), June 2002, Vol. 1, pp. 734-737.
- [8] J.R. Pérez, J. Basterrechea, “A theoretical comparison between three planar near to far-field transformation methods for antenna measurements”, *Proceedings of the XXVII General Assembly of the URSI*, Maastricht (The Netherlands), August 2002, Cd-rom.
- [9] V. Petridis, S. Kazarlis, A. Papaikonomou, “A genetic algorithm for training recurrent neural networks”, *Proceedings of the International Joint Conference on Neural Networks*, Nagoya (Japan), October 1993, Vol. 3, pp. 2706-2709.
- [10] J.M. Johnson, Y. Rahmat-Samii, “Genetic algorithm optimization of wireless communication networks”, *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, California (USA), June 1995, Vol. 4, pp. 1964-1967.
- [11] M.M.S. Al-Sawafi, J.A. Jervase, “A micro-genetic algorithm-based CDMA multi-user detector”, *Proceedings of the Conference on Communication Networks and Services Research*, Fredericton (Canada), May 2004, pp. 175-180.
- [12] R. Drechsler, B. Becker, N. Drechsler, “Genetic algorithm for minimisation of fixed polarity reed-muller expressions”, *IEE Proceedings – Computers and Digital Techniques*, Vol. 147, No. 5, September 2000, pp. 349-353.
- [13] N. Chaiyaratana, A.M.S. Zalzala, “Recent developments in evolutionary and genetic algorithms: theory and applications”, *Proceedings of the IEE International Conference on Genetic Algorithms in Engineering Systems: Innovations and Applications*, Glasgow (United Kingdom), September 1997, pp. 270-277.
- [14] J. Tippayachai, W. Ongsakul, I. Ngamroo, “Parallel micro genetic algorithm for constrained economic dispatch”, *IEEE Transactions on Power Systems*, Vol. 17, No. 3, August 2002, pp. 790-797.
- [15] Z. Feizhou, Y. Dongkai, C. Xiuwan, “Intelligent scheduling of public traffic vehicles based on hybrid genetic algorithm”, *Proceedings of the IEEE Intelligent Transportation Systems*, Shanghai (China), October 2003, Vol. 2, pp. 1674-1678.
- [16] S.E. Haupt, R.L. Haupt, “Optimizing complex systems”, *Proceedings of the IEEE Aerospace Conference*, Aspen (USA), March 1998, Vol. 4, pp. 241-247.
- [17] C. A. Coello, D.A. Van Veldhuizen, G.B. Lamont, “Evolutionary algorithms for solving multi-objective problems”, Kluwer Academic Publishers, New York, 2002.
- [18] J. Horn, N. Nafpliotis, D.E. Goldberg, “A niched pareto genetic algorithm for multiobjective optimization”, *Proceedings of the IEEE Conference on Evolutionary Computation*, Orlando (USA), June 1994, Vol. 1, pp. 82-87.
- [19] C.M. Fonseca, P.J. Fleming, “Multiobjective genetic algorithms made easy: selection, sharing and mating restriction”, *Proceedings of the IEE International*

- Conference on Genetic Algorithms in Engineering Systems: Innovations and Applications*, London (England), September 1995, pp. 45-52.
- [20] D.S. Weile, E. Michielssen, D.E. Goldberg, “Genetic algorithm design of pareto optimal broadband microwave absorbers”, *IEEE Transactions on Electromagnetic Compatibility*, Vol. 38, No. 3, August 1996, pp. 518-525.
- [21] R.L. Haupt, “An introduction to genetic algorithms for electromagnetics”, *IEEE Antennas and Propagation Magazine*, Vol. 37, No. 2, April 1995, pp. 7-15.
- [22] D.S. Weile, E. Michielssen, “Genetic algorithm optimization applied to electromagnetics: A review”, *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*, Vol. 45, No. 3, March 1997, pp. 343-353.
- [23] H.B. Kamepalli, “The optimal basics for GAs”, *IEEE Potentials*, Vol. 20, No. 2, April-May 2001, pp. 25-27.
- [24] <http://cs.felk.cvut.cz/~xobitko/ga/>
- [25] <http://www.aic.nrl.navy.mil/galist/>
- [26] D.E. Goldberg, “A meditation on the application of genetic algorithms”, *Technical Report No. 98003*, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, February 1998. (<http://www-illigal.ge.uiuc.edu>).
- [27] D.L. Carroll, “Fortran genetic algorithm (GA) driver”, CU Aerospace. (<http://cuaerospace.com/carroll/ga.html>).
- [28] P. Ilavarasan, E.J. Rothwell, K-M. Chen, D.P. Nyquist, “Natural resonance extraction from multiple data sets using a genetic algorithm”, *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*, Vol. 43, No. 8, August 1995, pp. 900-904.
- [29] J.M. Johnson, Y. Rahmat-Samii, “Genetic algorithm optimization and its application to antenna design”, *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Seattle (USA), June 1994, Vol. 1, pp. 326-329.
- [30] R.L. Haupt, “Genetic algorithm design of antenna arrays”, *Proceedings of the IEEE Aerospace Applications Conference*, Aspen (USA), February 1996, Vol. 1, pp. 103-109.
- [31] A. Boag, A. Boag, E. Michielssen, R. Mittra, “Design of electrically loaded wire antennas using genetic algorithms”, *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*, Vol. 44, No. 5, May 1996, pp. 687-695.
- [32] S. Chakravarty, R. Mittra, N. Rhodes, “On the application of the microgenetic algorithm to the design of broad-band microwave absorbers comprising frequency-selective surfaces embedded in multilayered dielectric media”, *IEEE Transactions on Microwave Theory and Techniques*, Vol. 49, No. 6, June 2001, pp. 1050-1059.
- [33] D. Marcano, F. Durán, “Synthesis of antenna arrays using genetic algorithms”, *IEEE Antennas and Propagation Magazine*, Vol. 42, No. 3, June 2000, pp. 12-20.

- [34] C.R. Houck, J.A. Joines, M.G. Kay, "A genetic algorithm for function optimization: a matlab implementation", *Technical Report NCSU-IE-TR-95-09*, North Carolina State University. October 1995.
- [35] D. Dumitrescu, B. Lazzerini, L.C. Jain, A. Dumitrescu, "Evolutionary Computation", CRC Press LLC, Florida, 2000.
- [36] R.L. Haupt, S.E. Haupt, "Practical genetic algorithms", John Wiley & Sons, New York, 1998.
- [37] R.L. Haupt, S.E. Haupt, "Continuous parameter vs. Binary Genetic Algorithms", *Proceedings of the 13th Annual Review of Progress in Applied Computational Electromagnetics*, Monterey (USA), March 1997.
- [38] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Near to far-field transformation using GA based optimization: real versus binary encoding schemes", *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Monterey (USA), June 2004, Vol. 1, pp. 1122-1125.
- [39] R.L. Haupt, S.E. Haupt, "Optimum population size and mutation rate for a simple real genetic algorithm that optimizes array factors", *Applied Computational Electromagnetics Society Journal*, Vol. 15, No. 2, July 2000, pp. 94-102.
- [40] R. Mittra, S. Chakravarty, J. Yeo, "Application of micro-genetic algorithm (MGA) to a class of electromagnetic analysis and synthesis problems", *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Texas (USA), June 2002, Vol. 1, pp. 306-309.
- [41] Z.L. Yang, G.R. Liu, "A modified micro genetic algorithm with intergenerational projection and inverse identification of material properties of a printed circuit board", *Proceedings of the 4th International Conference on Inverse Problems in Engineering*, Rio de Janeiro (Brazil), May 2002.
- [42] T. Huang, A.S. Mohan, "Microwave imaging of perfect electrically conducting cylinder by micro-genetic algorithm", *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Monterey (USA), June 2004, Vol. 1, pp. 221-224.
- [43] D.L. Carroll, "Genetic algorithms and optimizing chemical oxygen-iodine lasers", *Developments in theoretical and applied mechanics*, Vol. XVIII, University of Alabama, 1996, pp. 411-424.
- [44] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Antenna far-fields from planar acquisition using micro-genetic algorithms", *Electronics Letters*, Vol. 39, No. 13, June 2003, pp. 948-949.
- [45] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Comparison of different GAs strategies for near to far-field transformation", *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Ohio (USA), June 2003, Vol. 2, pp. 64-67.
- [46] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Analysis of different GA strategies applied to antenna far-fields reconstruction from planar acquisition", *Microwave and Optical Technology Letters*, Vol. 39, No. 5, December 2003, pp. 422-426.

- [47] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Application of a micro-genetic algorithm to planar near-field antenna measurements", *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Ohio (USA), June 2003, Vol. 2, pp. 68-71.
- [48] R.L. Haupt, Y.C. Chung, "Optimizing backscattering from arrays of perfectly conducting strips", *IEEE Antennas and Propagation Magazine*, Vol. 45, No. 5, October 2003, pp. 26-33.
- [49] Y.C. Chung, R.L. Haupt, "Log-Period dipole array optimization", *Proceedings of the IEEE Aerospace Conference*, Montana (USA), March 2000, Vol. 4, pp. 449-455.
- [50] Y-W. Chen, T. Enokura, Z. Nakao, "A hybrid GA/SA approach to blind deconvolution", *Proceedings of the International Conference on Knowledge-Based Intelligent Electronic Systems*, Adelaide (Australia), April 1998, Vol. 3, pp. 144-149.
- [51] B. Jackson, J. Norgard, "A hybrid genetic algorithm for generating optimal synthetic aperture radar target servicing strategies", *Proceedings of the IEEE Aerospace Conference*, Montana (USA), March 2001, Vol. 2, pp. 709-718.
- [52] F. Ares, E. Villanueva, J.A. Rodríguez, S.R. Rengarajan, "Application of Genetic algorithms in the design and optimization of array patterns", *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Montreal (Canada), July 1997, Vol. 3, pp. 1684-1687.
- [53] F.J. Ares, J.A. Rodríguez, E. Villanueva, S.R. Rengarajan, "Genetic algorithms in the design and optimization of antenna array patterns", *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*, Vol. 47, No. 3, March 1999, pp. 506-510.
- [54] J. Robinson, S. Sinton, Y. Rahmat-Samii, "Particle swarm, genetic algorithm, and their hybrids: optimization of a profiled corrugated horn antenna", *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Texas (USA), June 2002, Vol. 1, pp. 314-317.
- [55] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Cancelación de ecos en una cámara apantallada utilizando algoritmos genéticos: su aplicación a medidas de compatibilidad electromagnética", *XV Symposium Nacional de la URSI*, Zaragoza, Septiembre 2000, pp. 649-650.
- [56] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Prediction of DUT radiation from near-field measurements in a screened room using GAs", *Proceedings of the IEEE International Symposium on Electromagnetic Compatibility*, Montreal (Canada), August 2001, Vol. 1, pp. 383-388.
- [57] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Genetic algorithms for predicting antenna radiation patterns from near-field measurements in a screened room", *Proceedings of the 31st European Microwave Conference*, London (England), September 2001, Vol. 2, pp. 273-276.
- [58] O.M. Bucci, G. D'Elia, G. Leone, R. Pierri, "Far-field pattern determination from the near-field amplitude on two surfaces", *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*, Vol. 38, No. 11, November 1990, pp. 1772-1779.

- [59] T. Isernia, G. Leone, R. Pierri, "Radiation pattern evaluation from near-field intensities on planes", *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*, Vol. 44, No. 5, May 1996, pp. 701-710.
- [60] J.R. Regué, M. Ribó, J.M. Garrell, S. Sorroche, J. Ayuso, "A genetic algorithm based method for predicting far-field radiated emissions from near-field measurements", *Proceedings of the IEEE International Symposium on Electromagnetic Compatibility*, Washington (USA), August 2000, Vol. 1, pp. 147-151.
- [61] J.R. Regué, M. Ribó, J.M. Garrell, D. Badia, F.J. Pajares, "Extracción de estructuras radiantes equivalentes de equipos electrónicos mediante algoritmos genéticos", *XV Symposium Nacional de la URSI*, Zaragoza, Septiembre 2000, pp. 651-652.
- [62] J.R. Regué, M. Ribó, J.M. Garrell, A. Martín, "A genetic algorithm based method for source identification and far-field radiated emissions prediction from near-field measurements for PCB characterization", *IEEE Transactions on Electromagnetic Compatibility*, Vol. 43, No. 4, November 2001, pp. 520-530.
- [63] C.A. Balanis, "Antenna theory, analysis and design", John Wiley & Sons, New York, 1997.
- [64] J.R. Pérez, "Diseño, montaje y evaluación de un sistema de medida del canal radio en banda estrecha", *Trabajo Fin de Carrera*, Ingeniería de Telecomunicación, Universidad de Cantabria, Septiembre 1999.
- [65] F. Ares, S.R. Rengarajan, E. Villanueva, E. Skochinski, E. Moreno, "Application of genetic algorithms and simulated annealing technique in optimizing the aperture distributions of antenna arrays", *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Baltimore (USA), July 1996, Vol. 2, pp. 806-809.
- [66] D.W. Boeringer, D.H. Werner, "Adaptive mutation parameter toggling genetic algorithm for phase-only array synthesis", *Electronics Letters*, Vol. 38, No. 25, December 2002, pp. 1618-1619.
- [67] D.W. Boeringer, D.H. Werner, D.W. Machuga, "A simultaneous parameter adaptation scheme for genetic algorithms with application to phased array synthesis", *IEEE Transactions on Antennas and Propagation*, Vol. 53, No. 1, January 2005, pp. 356-371.
- [68] A. Trastoy, Y. Rahmat-Samii, F. Ares, E. Moreno, "Two-pattern linear array antenna: synthesis and analysis of tolerance", *IEE Proceedings - Microwaves, Antennas and Propagation*, Vol. 151, No. 2, April 2004, pp. 127-130.
- [69] J. Villanueva Baró, "Optimización de alimentaciones de agrupaciones lineales de antenas mediante algoritmos genéticos con codificación real", *Trabajo Fin de Carrera*, Ingeniería de Telecomunicación, Universidad de Cantabria, Mayo 2005.
- [70] J.R. Pérez, J. Basterrechea, "Transformación de campo cercano a campo lejano utilizando corrientes equivalentes y algoritmos genéticos", *XVIII Symposium Nacional de la URSI*, La Coruña, Septiembre 2003, Cd-rom.

- [71] J.R. Pérez, J. Basterrechea, “Antenna far-field pattern reconstruction using equivalent currents and genetic algorithms”, *Microwave and Optical Technology Letters*, Vol. 42, No. 1, July 2004, pp. 21-25.
- [72] B. Sedano García, “Desarrollo de un método de medida de antenas en campo cercano plano”, *Trabajo Fin de Carrera*, Ingeniería de Telecomunicación, Universidad de Cantabria, Julio 2003.
- [73] J.R. Pérez, J. Basterrechea, “GA-based prediction of antenna radiation patterns from planar near-field samples”, *Microwave and Optical Technology Letters*, Vol. 37, No. 4, May 2003, pp. 235-236.
- [74] M. Hajian, L.P. Ligthart and M. Tian, “The theory and practice of planar near-field measurements at Delf University of technology”, *Proceedings of the IEEE Instrumentation and Measurement Technology Conference*, Budapest (Hungary), May 1993, pp. 191-196.
- [75] F. Las-Heras, “Sequential reconstruction of equivalent currents from cylindrical near field”, *Electronics Letters*, Vol. 35, No. 3, February 1999, pp. 211-212.
- [76] H. Hongfei, F. Demin, “A near-field diagnostic technique based on equivalent magnetic currents”, *Proceedings of the International Symposium on Antennas, Propagation and EM Theory*, Beijing (China), August 2000, pp. 508-511.
- [77] J.R. Pérez, J. Basterrechea, “Application of a real-valued GA to antenna far-field pattern reconstruction”, *Proceedings of the IEEE Antennas and Propagation Society International Symposium*, Monterey (USA), June 2004, Vol. 1, pp. 1126-1129.
- [78] C.K. Oei, D.E. Goldberg, S-J. Chang, “Tournament selection, niching, and the preservation of diversity”, *Technical Report No. 91011*, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, December 1991. (<http://www-illigal.ge.uiuc.edu>).

