

UNIVERSIDAD DE GRANADA

FACULTAD DE CIENCIAS

Departamento de Electromagnetismo y Física de la Materia



TESIS DOCTORAL

DISEÑO OPTIMIZADO DE ANTENAS MEDIANTE
ALGORITMOS GENÉTICOS

Memoria presentada por Carlos Moreno de Jong van Coevorden
para optar al grado de Doctor por la Universidad de Granada.

Granada, 30 de abril de 2008.

Editor: Editorial de la Universidad de Granada
Autor: Carlos Moreno de Jong van Coevorden
D.L.: GR.1724-2008
ISBN: 978-84-691-5194-5

D. Rafael A. Gómez Martín, Doctor en Ciencias Físicas, Catedrático de Electromagnetismo del Departamento de Electromagnetismo y Física de la Materia de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Granada

y

D. Mario A. Fernández Pantoja, Doctor en Ingeniería Electrónica, Profesor Titular del Área de Electromagnetismo del Departamento de Electromagnetismo y Física de la Materia de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Granada,

CERTIFICAN

que el trabajo de investigación que se presenta en esta Memoria, titulado DISEÑO OPTIMIZADO DE ANTENAS USANDO ALGORITMOS GENÉTICOS, ha sido realizado en este Departamento por el Licenciado en Ciencias Físicas Carlos Moreno de Jong van Coevorden bajo nuestra dirección y constituye su Tesis Doctoral.

Con esta fecha autorizamos su presentación ante la Comisión de Doctorado de la Universidad de Granada.

Granada, 30 de abril de 2008.

Fdo. Rafael A. Gómez Martín

Fdo. Mario A. Fernández Pantoja

Agradecimientos

Quisiera expresar mi más sincera gratitud a los profesores Rafael A. Gómez Martín y Mario A. Fernández Pantoja por su dedicación, paciencia y excelente dirección, sin las que este trabajo nunca habría llegado a buen puerto.

A los profesores D. Bernardo García Olmedo, Dña. Amelia C. Rubio Bretones y Salvador González García, que va más allá de magnífica labor de formación investigadora, donde siempre he encontrado puertas abiertas, amabilidad y ayuda.

Agradecer a Mario, Salva, Amelia, Rafael y Bernardo, miembros del Grupo de Electromagnetismo de Granada, por permitirme formar parte de un grupo con un exquisito nivel científico, sólo comparable con el de su calidad humana, siendo todos ellos un ejemplo seguir. También agradecer a Fali, Fran y Javi, amigos y compañeros, por lo buenos momentos que hemos vivido juntos. No me puedo olvidar de Francisco amigo y compañero de carrera. Al Marqués, por no saltarse ninguna comida del grupo.

Sin embargo este trabajo debe mucho a mi familia, que me ha facilitado siempre las cosas y a la que amo con devoción.

Agradezco a mis Amigos, tanto los de Granada como los de Málaga, por el apoyo recibido durante la elaboración de este trabajo.

De igual modo me gustaría dar las gracias a todas las personas con las que de manera más o menos directa he colaborado en los numeros proyectos de investigación realizados en el ámbito de mi formación como investigador, en particular a D. Agostino Monorchio, por su cálida acogida durante mi estancia en Pisa, y a D. Antonio Malpica Cuello y su grupo de investigación, con los que siempre es un placer trabajar.

Sobre todo, gracias Patri, por tu amor, motivación y paciencia.

A mi padre.

ESTE TRABAJO HA SIDO PARCIALMENTE FINANCIADO
POR EL PROGRAMA DE FORMACIÓN DE DOCTORES
DE LA JUNTA DE ANDALUCÍA Y POR LOS PROYECTOS
IST-2001-33055 (FRACTALCOMS), TEC-2004-06217-C02-01,
Y TEC-2004-04866-C04-03

A grandes males,
grandes remedios.

Índice general

ABSTRACT	1
1. Introducción	3
1.1. Los AGs en electromagnetismo	5
1.1.1. Diseño de antenas mediante algoritmos genéticos	5
1.1.2. Diseño de dispositivos electromagnéticos multicapa	6
1.1.3. Aplicación de algoritmos genéticos en estática	7
1.1.4. Otras aplicaciones de los algoritmos genéticos a electro- magnetismo	8
1.2. Contenido y organización de la memoria	8
2. Introducción a los algoritmos genéticos	11
2.1. El espacio de búsqueda y su estructura	13
2.1.1. El espacio de Búsqueda	13
2.1.2. Estructura sobre el espacio de búsqueda	14
2.1.2.1. Óptimo global	15
2.1.2.2. Vecindarios y óptimos locales	16

2.1.3.	El proceso de búsqueda	17
2.1.4.	La filosofía de la búsqueda, la evolución y los AGs	19
2.2.	Terminología básica sobre AGs	20
2.3.	El Algoritmo Genético Convencional	23
2.4.	Generación de la población inicial	23
2.5.	Evaluación de la función <i>fitness</i>	25
2.6.	Selección natural	26
2.6.1.	Selección por ruleta	27
2.6.2.	Selección por Torneo	29
2.7.	Cruce entre individuos	30
2.7.1.	Operadores de cruce binario	31
2.7.2.	Operadores de cruce real	33
2.7.2.1.	Operadores de cruce discretos	34
2.7.2.2.	Operadores de cruce basados en agregación (OC-BA)	34
2.7.2.3.	Operadores de cruce basados en entornos (OC-BE)	36
2.7.2.4.	Operadores de cruce híbridos (OCH)	38
2.8.	Operador de Mutación	38
2.9.	Finalización de la optimización	43
3.	Implementación del εHTGA	45
3.1.	Introducción	45
3.2.	El método de Taguchi	47
3.3.	Creación de nuevos individuos en AG mediante el método Taguchi	49
3.3.1.	Cruce alternativo usando el método de Taguchi	52

3.4.	Cuerpo principal del Algoritmo	58
3.5.	Experimentos numéricos con ε HTGA	61
3.5.1.	Eficiencia computacional del cruce Taguchi	64
3.5.2.	Sobre el operador de selección	72
3.5.3.	Estudio sobre los parámetros constitutivos de un AGs	75
3.5.3.1.	Sobre el tamaño de la población	76
3.5.3.2.	Sobre tasa de cruce	80
3.5.3.3.	Sobre tasa de mutación	85
3.6.	Conclusiones	89
4.	Implementación de NSGAI	91
4.1.	NSGAI	93
4.1.1.	Clasificación <i>rápida</i> de la población	94
4.1.2.	Preservación de la diversidad genética	94
4.1.3.	Cuerpo principal del algoritmo	97
4.2.	Estudio de parámetros del NSGAI	98
4.2.1.	Funciones prueba	99
4.2.2.	Métricas de medida de rendimiento	101
4.2.3.	Experimentos numéricos con el NSGAI	103
4.2.3.1.	Sobre η_C	104
4.2.3.2.	Sobre η_M	106
4.2.3.3.	Sobre p_c	109
4.2.3.4.	Sobre p_m	110
4.2.3.5.	Sobre N_{pop}	112
4.3.	Conclusiones.	112

5. Diseño optimizado de agrupaciones de antenas	115
5.1. Fundamentos teóricos de la síntesis de agrupaciones de antenas .	116
5.1.1. Factor de <i>array</i> para agrupaciones lineales uniformes . . .	118
5.1.2. Agrupaciones planas uniformes	119
5.1.3. Los AGs como herramienta de síntesis de agrupaciones de antenas	121
5.1.4. Extensión del método de Schelkunoff mediante AGs . . .	126
5.2. Síntesis de Agrupaciones Lineales mediante AGs	127
5.2.1. Optimización mono-objetivo de una agrupación lineal de radiadores isótropos.	127
5.2.2. Optimización multi-objetivo de una agrupación lineal de radiadores isótropos.	135
5.3. Diseño de una agrupación de antenas de parche microstrip usan- do un AEMO	140
5.3.1. Consideraciones previas.	140
5.3.2. Resultado de la optimización	145
5.4. Conclusiones	157
6. Diseño de antenas de hilo delgado mediante AGs	159
6.1. Diseño de antenas <i>bow-tie</i> modeladas con hilos para aplicaciones GPR mediante GA	161
6.1.1. Modelado de una antena tipo bow-tie mediante hilos del- gados.	162
6.1.1.1. Estudio numérico de la estructura considerada.	163
6.1.2. Consideraciones previas.	172
6.1.2.1. Funciones fitness para el diseño de antenas tipo <i>bow-tie</i> para aplicaciones GPR.	174

6.1.2.2.	Operadores específicos para la optimización de antenas <i>bow-tie</i> modeladas con hilos.	176
6.1.3.	Resultados numéricos de la optimización monoobjetivo mediante ε HTGA.	179
6.1.3.1.	Análisis en el dominio de la frecuencia de la antena <i>bow-tie</i> optimizada mediante AG.	180
6.1.4.	Resultados numéricos de la optimización multiobjetivo mediante NSGAI.	181
6.1.4.1.	Análisis de la solución E en el dominio de la frecuencia	185
6.1.4.2.	Análisis de la solución E en el dominio del tiempo	188
6.2.	Diseño de antena zig-zag logo-periódica modelada con hilos delgados.	190
6.2.1.	Geometría de una antena LP	190
6.2.2.	Consideraciones previas.	193
6.2.3.	Resultados numéricos de la optimización.	194
6.2.4.	Análisis del diseño obtenido.	198
6.3.	Conclusiones	211
Conclusions		213
Bibliografía		217

ABSTRACT

This dissertation presents a study of the application of some *state of the art* genetic algorithm based optimizers in the design of electromagnetic devices, in particular antenna arrays and ultra broad band wire antennas.

First, the canonical genetic algorithm is reviewed revisiting some of the most common genetic operators and optimization strategies. Later on the Hybrid Taguchi Genetic Algorithm is explained and systematically analyzed. In this chapter a thorough analysis of the performance of this algorithm is carried out under variations of the parameters which defines its dynamic in order to delimit its application field. Some modifications to improve its performance are proposed and tested. And continuing on the presentation and analysis of the optimization algorithms used in this work, the multiobjective non dominated sorting genetic algorithm in its second version is presented, discussed and analyzed as well.

As an application of the proposed algorithms, the mono and multiobjective optimization of antenna arrays and thin-wire antennas are presented. In particular, a study of the applicability of the Hybrid Taguchi Genetic Algorithm on the array synthesis using a extension of the Schelkunoff method is carried out. Later on a multiobjective antenna array design, based on a low-cost radiating element, is presented and discussed. Finally, thin-wire antenna designs are optimized based on bow-tie and log-periodic geometries.

Capítulo 1

Introducción

Desde un punto de vista matemático la optimización constituye una rama de la ciencia computacional cuyo objetivo es la búsqueda de la mejor respuesta a una determinada cuestión cuando la calidad de la respuesta puede evaluarse numéricamente. Situaciones de este tipo suelen presentarse frecuentemente en el área de las matemáticas y de la física, ingeniería, arquitectura, economía, biología etc.

Existe una gran variedad de métodos de optimización que se han ido desarrollando a lo largo del tiempo y que abarcan [Fletcher, 1987] desde los técnicas clásicas como los métodos newtonianos y quasi newtonianos o las basadas en gradientes, hasta los novedosos algoritmos heurísticos basados en poblaciones de soluciones. Entre estos últimos encontramos a los algoritmos genéticos (AGs), inspirados en la teoría de Darwin de la selección natural, que *evolucio-*
nan una población de individuos (soluciones prueba) hacia un objetivo y cuya concepción ha sido posible gracias a tres avances científicos. Por un lado, durante la segunda mitad del siglo XIX, se produjo una revolución en las ciencias biológicas cuando Charles Darwin descubrió el proceso por el cual la Naturaleza selecciona y optimiza a los organismo aptos para la vida [Darwin, 1995 (reeditado)]. En la misma época Gregor Mendel aprendió las reglas básicas de la

herencia genética que ayudaron a aclarar por medio de que mecanismos se llevaba a cabo la evolución [Mendel, 1950]. En el caso del diseño electromagnético la llegada de los ordenadores y el desarrollo de poderosas técnicas computacionales han permitido la aplicación de los procesos de optimización basados en AGs para la solución de las ecuaciones de Maxwell o bien de ecuaciones derivadas de estas. En electromagnetismo, las funciones que surgen en los problemas de optimización son a menudo no lineales, discontinuas, multimodales, y no derivables. Además, su evaluación suele ser de un elevado coste computacional. Históricamente la gran mayoría de los esfuerzos en investigación relacionados con el diseño optimizado de sistemas electromagnéticos han sido encaminados hacia el uso de métodos de optimización determinista (MODs) [Fletcher, 1987]. Es bien conocido que los MODs sufren de importantes contratiempos cuando son aplicados a complicados problemas de optimización multimodales [Dixon, 1978] y a menudo llevan a procesos de diseño excesivamente interactivos y costosos. Los AGs (junto con las técnicas Monte Carlo y de enfriamiento simulado) pertenecen a una clase de optimizadores llamados globales que son estocásticos por naturaleza y, por lo tanto, con menor tendencia a converger a óptimos locales que los MODs [de Jong, 1975; Holland, 1975; Davis, 1987; Goldberg, 1989; Holland, 1992; Forrest, 1993]. En varias formas, los AGs han sido aplicados a problemas en distintos campos como en ingeniería [Rodríguez y otros, 2005], economía [Mardle y otros, 2000], inteligencia artificial [B. A. Dike and R. E. Smith, 1993], música [McIntyre, 1994] o incluso en la generación de imágenes animadas [Ventrella, 1995]. Como veremos posteriormente, los AGs se están convirtiendo en un estándar como herramienta en el diseño optimizado de sistemas electromagnéticos. Algunas de las propiedades que hacen a los AGs tan atractivos para problemas de ingeniería son su fácil aplicación a problemas que involucren la optimización de funciones no derivables y con espacios de búsqueda discretos. Además, su inherente capacidad de paralelización los convierte en candidatos más que atractivos para la optimización en electromagnetismo. La naturaleza estocástica de los AGs no debe ser confundida con búsqueda no directiva, ya que la evolución no está dirigida por el azar, sino por la supervivencia del más apto.

Dentro de este contexto, el objetivo de esta Tesis es desarrollar un conjunto de herramientas de optimización basada en AGs cuya flexibilidad, potencia y robustez los hagan idóneos para el diseño de sistemas electromagnéticos. Antes de entrar en detalle sobre los algoritmos usados, lo que se deja para capítulos

posteriores, en los siguientes apartados se comentan algunos resultados fundamentales que sitúan y justifican este trabajo.

1.1. Los AGs en electromagnetismo

Desde la primera parte de los años 90, los AGs se aplican cada vez con más frecuencia en el diseño de dispositivos electromagnéticos que al mismo tiempo son cada vez más complejos. La aplicación de este tipo de optimizadores al diseño de sistemas puede dividirse en cuatro categorías: antenas, estructuras de medios estratificados, dispositivos para campos estáticos, y una última categoría en la que entran otros dispositivos.

1.1.1. Diseño de antenas mediante algoritmos genéticos

El diseño de antenas, y en particular el diseño de agrupaciones de antenas, es la aplicación más habitual de los AGs en electromagnetismo. En particular estos algoritmos son usados frecuentemente para disminuir el nivel de los lóbulos laterales del campo de radiación creado por una agrupación de antenas reduciendo su tamaño [Haupt y otros, 1993; Haupt, 1994; O'Neill, 1994; Haupt, 1995b; Buckley, 1996], modificando la amplitud y/o la fase de los coeficientes de excitación [Haupt y Ali, 1994; Shimizu, 1994; Haupt, 1995e,a,c; Lu y Lan, 1996; Marcano y otros, 1995; Ares y otros, 1996; Marcano y Nieto, 1996] o mediante la perturbación en la posición de los elementos [Haupt y Ali, 1994]. En la mayoría de estos estudios, los diseños pueden ser descritos por parámetros discretos y, por lo tanto, forman un punto de partida indispensables para el estudio de AGs con codificación binaria o cualquier otro alfabeto de codificación finito. Además, en alguno de estos trabajos ya se comienzan a implementar operadores de búsqueda local para mejorar el rendimiento del algoritmo. Por ejemplo, Buckley [Buckley, 1996] emplea un buscador local como entrada del AG. También se han realizado implementaciones de AGs para el diseño de agrupaciones de antenas con nulos de radiación en determinadas direcciones del espacio [Tennant y otros, 1994] o con una forma específica del diagrama de radiación [Johnson y Rahmat-samii, 1994; Haupt, 1995d], para el

mantenimiento de agrupaciones de antenas ante fallos de alguno de los elementos radiantes [Yeo y Lu, May 1999; Rodriguez y otros, 2000; Taskin y Gurel, 2003; Mitilineos y otros, 2006].

Además de para diseñar agrupaciones de antenas, los AGs también se utilizan para diseñar antenas individuales o de un sólo elemento. Por ejemplo, se han empleado para el diseño de antenas monopolo optimizando, en el dominio de la frecuencia, su ancho de banda modificando los valores de los elementos pasivos [Altman y otros, 1996; Bahr y otros, 1994], su geometría [Altshuler y Linden, 1997a] o ambos parámetros de forma simultánea [Altshuler y Linden, 2007]. También se han realizado estudios encaminados a incrementar el ancho de banda de dipolos formados por un hilo recto directamente en el dominio del tiempo [Pantoja y otros, 2000] dando como resultado perfiles de carga que mejoran el perfil resistivo de Wu-King [Wu y King, May 1965] tanto en fidelidad como en eficiencia. En [Moreno de Jong~van Coevorden y otros, 2006, 2007] se optimizan las prestaciones de antenas tipo bow-tie modeladas con hilos para aplicaciones GPR¹. De igual forma se han utilizado de forma exitosa técnicas basadas en AGs para el diseño de antenas eléctricamente pequeñas [Altshuler, 2002; Pantoja y otros, 2004, 2006; Altshuler y Linden, 2007]. De igual forma los AGs han sido aplicados con excelentes resultados al diseño reflectores [Johnson y Rahmat-samii, 1994; Vall-llossera y otros, 2000], lentes [Mosallaei y Rahmat-Samii, 2001], antenas de bocina [Chung y otros, 2000; Lucci y otros, 2002] y antenas microstrip [Zentner y Sipus, 2001; Shaw y Werner, 2006] entre otros sistemas radiantes.

1.1.2. Diseño de dispositivos electromagnéticos multicapa

Entre los primeros trabajos de diseño mediante AGs en electromagnetismo se encuentran los estudios de optimización de filtros ópticos multicapa minimizando la diferencia entre las características del filtro observado y el deseado [Michielssen y otros, 1992; Eisenhammer y otros, 1993; Martin y otros, 1995]. El diseño de filtros ópticos es muy parecido al diseño de absorbentes consistentes en un conductor eléctrico perfecto recubierto de materiales con pérdidas para minimizar la reflexión de ondas incidentes [Michielssen y otros, 1993a;

¹Ground Penetrating Radar

Chambers y Tennant, 1994, 1996; Bajwa y otros, 2001; Chakravarty y otros, 2001; Cui y Weile, 2002]. A pesar de las similitudes entre estos dispositivos, cada AG esta modificado para cada aplicación en particular. Por ejemplo, el algoritmo empleado en [Michielssen y otros, 1992] usa codificación real ya que tiene como parámetros de diseño la anchura de cada capa del dispositivo mientras que en [Michielssen y otros, 1993a] al utilizar un base de materiales para construir los absorbentes, se encontró más conveniente codificar las soluciones utilizando un alfabeto discreto. Los AGs también han sido aplicados a problemas computacionalmente más costosos, como puede ser el diseño y optimización de superficies selectivas de frecuencia (FSS²) [Michielssen y otros, 1993b; Manara y otros, 1999; Li y Werner, 2005; Bossard y otros, 2005] y de síntesis de estructuras EBG³ [Monorchio y otros, 2002; Kern y otros, 2003; Yuan y otros, 2003; Kern y otros, 2005]

1.1.3. Aplicación de algoritmos genéticos en estática

Muchas aplicaciones en AGs implican el modelado de estructuras de polos magnéticos o estructuras aislantes para producir una distribución de campos eléctricos o magnéticos deseada en una determinada región del espacio [Uler y otros, 1994; Vasconcelos y otros, 1994]. En estos estudios se codifican distintos puntos del espacio que definen la forma del dispositivo en consideración para luego minimizar la diferencia entre el campo producido por el dispositivo y el deseado en varios puntos del espacio. Una tipo de aplicación que encaja a la perfección con los AGs es el de magnetostática inversa [Arkadan y otros, 1994; Enokizono y Akinari, 1995; McNay y otros, 1996], donde las variables geométricas son codificadas en un individuo (por ejemplo, en [Arkadan y otros, 1994] un individuo lleva codificadas la posición, orientación y tamaño de una grieta en una superficie), y la función objetivo a minimizar es la diferencia entre el campo producido por la configuración descrita por un individuos y la deseada. También se han diseñado mediante optimizadores basados en AGs bobinas capaces de detectar grietas en el fuselaje de aviones [Thollon y Burais, 1995] con resultados notables.

²Frequency Selective Surfaces.

³Electromagnetic Bad Gap.

1.1.4. Otras aplicaciones de los algoritmos genéticos a electromagnetismo

Además de las aplicaciones que acabamos de mencionar, los AGs han sido aplicados con éxito al diseño de redes de comunicación inalámbrica [Johnson y Rahmat-Samii, 1995; Hong y Dong, 2004], lentes [Betensky, 1993], guías de ondas [Lee y otros, 2007; Kim y otros, 1996; Faircloth y otros, 2006] o al diseño de bobinas de radiofrecuencia [Lu y otros, 1995].

Fuera del área del diseño, los AGs se han usado para resolver problemas de scattering inverso bidimensionales [Chiu y Liu, 1996; Yang y otros, 1996; Qing y otros, 1999; Meng y Misaka, 2002; Qing, 2006], extracción de resonancias en conjuntos de datos [Ilavarasan y otros, 1994, Aug 1995], para la generación de K pulsos para la detección de blancos [Turhan-Sayan y otros, 1996] así como a la optimización de condiciones de contorno absorbentes para aplicaciones de diferencias finitas [Michielssen y otros, 1996].

1.2. Contenido y organización de la memoria

Las aportaciones principales de esta memoria radican, por un lado, en la implementación y estudio de dos de los algoritmos evolutivos que mejores resultados están dando la actualidad, el HTGA ⁴ de Tsai [Tsai y otros, 2004] y el NSGAI⁵ de Deb [Deb y otros, 2002] realizando algunas mejoras en su rendimiento, lo que permitirá la optimización de problemas más complejos. En segundo lugar se han aplicado estos algoritmos al diseño optimizado de sistemas radiantes. El resultado final es un conjunto de herramientas de diseño de antenas flexible, rápido y robusto. Las mejoras concretas llevadas a cabo en el HTGA han sido básicamente:

- Distinta elección de progenitores del cruce mediante el método de Taguchi.
- Eliminación de experimentos redundantes en las matrices de experimentos del método de Taguchi.

⁴Hybrid Taguchi Genetic Algorithm

⁵Non dominated Sorting Genetic Algorithm

- Redefinir la función *relación señal ruido*.

Por otro lado, hemos modificado los operadores de cruce y mutación del NS-GAII de forma que se mejora sensiblemente su rendimiento.

Hemos empleado los algoritmos anteriormente comentados al diseño optimizado de las siguientes familias de antenas:

- Agrupaciones de Antenas (lineales, bidimensionales) [Moreno de Jong~van Coevorden y otros, 2005]
- Antenas de hilo (bow-tie [Moreno de Jong~van Coevorden y otros, 2006, 2007], y logoperiódicas)

Con el objetivo de presentar de forma coherente las características fundamentales de los algoritmos usados, así como los diseños obtenidos mediante ellos, el contenido de la memoria se estructura de la siguiente forma:

- La primera parte de la memoria describe los algoritmos que se han elegido para el diseño optimizado de antenas. Esta consta de tres capítulos, en el primero de ellos que servirá como de introducción a los AGs, presentamos el AG canónico de Holland y hacemos un repaso de su funcionamiento y de algunos de los operadores genéticos más populares en la bibliografía. En el segundo capítulo presentaremos el algoritmo monoobjetivo HTGA de Tsai, propondremos algunas variaciones a este y demostraremos su validez mediante un banco de funciones prueba común para los investigadores de algoritmos de optimización. Esta primera parte dedicada a AGs finalizará con la presentación del algoritmo multiobjetivo NSGAII de Deb y un posterior estudio acerca de sus parámetros óptimos de funcionamiento.
- La segunda parte de la Tesis la dedicamos al diseño optimizado de agrupaciones de antenas. En el primer capítulo sentaremos las bases teóricas del diseño de este tipo de antenas, revisando algunas de las técnicas clásicas que han venido siendo utilizadas en la bibliografía. A continuación comprobaremos la eficacia de los algoritmos propuestos mediante la síntesis de agrupaciones de antenas con solución conocida. En el último

capítulo de esta parte destinada a la síntesis de *arrays* realizaremos la síntesis optimizada del diagrama de radiación de una antena planar formada por 4×4 tomando como elemento radiante una antena de parche de banda ancha [Hsu y Wong, 2001].

- En la última parte de la memoria presentaremos los diseños obtenidos por medio de la optimización de antenas de hilo para aplicaciones de georadar y detección remota. Esta parte constará de dos capítulos, en el primero se estudiará el diseño optimizado de antenas de hilo con geometría tipo *bow-tie*, dejando para el último capítulo el de diseño de antenas logoperiódicas en zig-zag. Por último, se presentarán las conclusiones de esta memoria así como las futuras líneas de investigación. Esta parte de la memoria se redactará en inglés ya que es un requerimiento necesario para la obtención de la mención europea al título de doctor.

La validación de los resultados de los diseños obtenidos en todos los casos se ha realizado mediante su comparación, bien con el uso de un software comercial de fiabilidad ampliamente aceptada o haciendo uso de datos publicados en la bibliografía.

Capítulo 2

Introducción a los algoritmos genéticos

Los algoritmos genéticos (AGs) son unas técnicas de búsqueda y optimización basados en los principios de la genética y de la selección natural. En un AG una población compuesta por cierto número de individuos evoluciona bajo la aplicación de reglas específicas de selección hacia un estado en el que se maximiza el grado de adaptación al entorno. Este método fue desarrollado por John Holland [Holland, 1975] en el transcurso de los años 60 y 70 y finalmente popularizado por uno de sus estudiantes, David Goldberg, que mediante esta técnica fue capaz de resolver problemas muy complejos de transmisión en gasoductos en [Goldberg, 1983].

Holland fue el primero en intentar sentar las bases teóricas del funcionamiento de los AGs mediante su *teoría de esquemas*. Posteriormente de Jong [de Jong, 1975] demostró la utilidad de los AGs como optimizador de funciones e hizo el primer intento de encontrar los mejores parámetros para estos algoritmos. Debido al gran éxito cosechado por los AGs en el diseño de sistemas complejos, estos son hoy en día uno de los métodos de optimización más usados

en ingeniería. Esto ha originado que se hayan formulado múltiples variaciones del código original de Holland, adaptando este a cada problema concreto.

Algunas de las características de los algoritmos genéticos son:

- Optimización con variables continuas o discretas, de forma que se adapta fácilmente a la naturaleza de cualquier problema a optimizar.
- Ausencia del cálculo de derivadas, por lo que evita la aparición de problemas asociados a la aproximación de la función derivada mediante operadores discretos.
- Realizan una búsqueda simultánea en amplias regiones del espacio, encontrando en ocasiones soluciones nada intuitivas en problemas de ingeniería.
- Trabajan de forma eficiente con elevado número de variables, lo que permite la optimización de sistemas más complejos.
- Los AGs son especialmente apropiados para su uso en computadores en paralelo, incrementando con esto la velocidad de optimización.
- Proveen una lista de soluciones óptimas, en lugar de una única, permitiendo al usuario la elección de la más apropiada.
- Pueden codificar las variables de forma que se reduzca el espacio de búsqueda, y por lo tanto se acelere el tiempo de obtención de soluciones.
- Trabaja con información obtenida de forma numérica, datos experimentales, o funciones analíticas.

Por supuesto, los AGs no son la mejor opción para resolver todos los problemas. Existen métodos tradicionales que encuentran rápidamente soluciones a funciones analíticas convexas, continuas y derivables. En estos casos, los métodos clásicos superan a los AGs, encontrando en pocas evaluaciones la solución óptima mientras que los AGs están aún analizando el grado de adaptación de la población inicial. Sin embargo, existen muchos problemas del mundo real que no se encuentran en esta categoría. Además, para problemas de menor complejidad, otros métodos pueden encontrar la solución antes que los AGs.

El uso de grandes poblaciones, que aporta a los AG su potencia, eleva la carga computacional ya que se ha de evaluar el grado de adaptación de todos y cada uno de los individuos de la población. Este inconveniente puede ser aliviado usando técnicas más eficientes como las que se verán en secciones posteriores y mediante el uso de distintos núcleos en optimizaciones en paralelo.

Antes de comenzar con la descripción de la estructura de los AGs básicos, usualmente llamados canónicos (AGCs), muy similares a los propuestos por Holland y Goldberg, vamos a introducir la terminología básica sobre del proceso de búsqueda. De esta forma en la sección 2.1 caracterizaremos el espacio de búsqueda mediante el estudio de su estructura, para posteriormente definir en el Epígrafe 2.2 el léxico que usaremos a lo largo de la presente memoria. Por último, en el Apartado 2.3 presentaremos el algoritmo formulado por Holland, donde explicaremos en detalle cada uno de los procesos involucrados en la evolución de la población de individuos. Además realizaremos un revisión de los operadores genéticos que aparecen en la bibliografía y de los que de alguno haremos uso en procesos de diseño optimizado en capítulos posteriores.

2.1. El espacio de búsqueda y su estructura

Todos los algoritmos evolutivos, incluidos los AG, se inspiran en sistemas naturales para desarrollar algoritmos para solventar problemas. El rango de problemas de aplicación de los métodos basados en los AE incluye tanto optimización como formas más generales de adaptación, pero en resumen todos estos problemas se reducen a problemas de *búsqueda*. En esta sección se definirán algunos conceptos básicos concernientes a la búsqueda en general, pasando luego al estudio de la estructura de los espacios de búsqueda. Por último comentaremos de forma resumida en que consiste el proceso en el que un algoritmo explora el espacio de búsqueda con el objetivo de encontrar el óptimo global.

2.1.1. El espacio de Búsqueda

Un *espacio de búsqueda* \mathcal{S} es un conjunto de objetos que serán potencialmente usados durante la búsqueda. Estos espacios podrán ser finitos o infinitos,

así como continuos o discretos. Por regla general, el objetivo de un problema de búsqueda es el de encontrar uno o más puntos en el espacio de búsqueda que tengan una o varias propiedades específicas. Estas propiedades son normalmente definidas con respecto a una función $f : \mathcal{S} \rightarrow \mathcal{R}$ sobre el espacio de búsqueda (\mathcal{S}), que asigna un valor numérico ($\mathcal{F} \in \mathcal{R}$) a los elementos del espacio de búsqueda ($\chi \in \mathcal{S}$), donde \mathcal{R} son normalmente los números reales \mathbb{R} o un subconjunto de estos con dimensionalidad igual al número de objetivos (N_{obj}) a optimizar. Esta situación se representa en la Figura 2.1 donde f asigna valores numéricos tridimensionales a objetos pertenecientes a un espacio de búsqueda bidimensional.

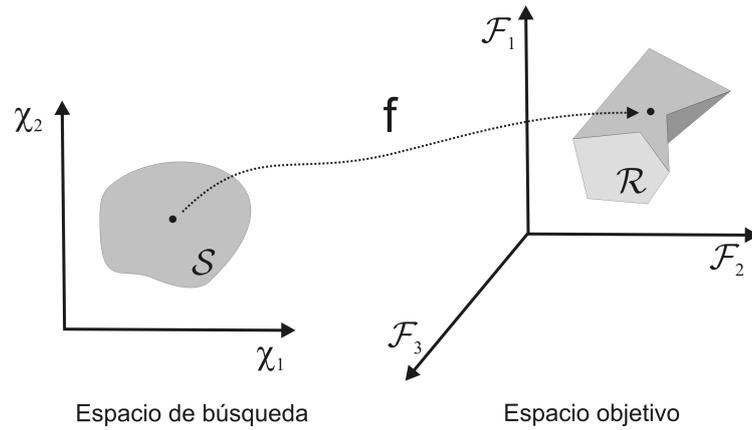


Figura 2.1: Evaluación de elementos del espacio de búsqueda.

2.1.2. Estructura sobre el espacio de búsqueda

A continuación vamos a considerar la existencia de estructuras dentro el espacio de búsqueda, ya sea en la forma de estructuras de vecindarios o a por medio de la imposición de métricas sobre el espacio. Dadas estas estructuras veremos que surgen varios tipos de óptimos, incluyendo los globales y los locales, sin hacer distinción alguna entre problemas mono y multiobjetivo, simplificando con esto la notación,.

2.1.2.1. Óptimo global

Supongamos un problema de optimización, por lo que el objetivo es el de encontrar el conjunto de elementos del espacio de búsqueda con propiedades de óptimo global ($\mathcal{S}^* \subset \mathcal{S}$) definido por

$$\mathcal{S}^* = \{\chi \in \mathcal{S} / \nexists \chi' \in \mathcal{S} \chi' \prec \chi\},$$

donde hemos generalizado las relaciones de orden $< y >$ por el orden *dominación*, representado por el símbolo \prec . Se dice que un individuo χ^a *domina* a otro χ^b ($\chi^a \prec \chi^b$) si no es peor en ninguno de los N_{obj} objetivos y es al menos mejor en uno de ellos¹.

Formalmente, para un problema de minimización esta relación puede escribirse de la siguiente forma

$$\vec{\chi}^a \prec \vec{\chi}^b \Leftrightarrow \begin{cases} \forall i \in \{1, 2, \dots, N_{obj}\} : \mathcal{F}^a(i) \leq \mathcal{F}^b(i) \\ \exists j \in \{1, 2, \dots, N_{obj}\} : \mathcal{F}^a(j) < \mathcal{F}^b(j) \end{cases} \quad (2.1a)$$

y para uno de maximización

$$\vec{\chi}^a \prec \vec{\chi}^b \Leftrightarrow \begin{cases} \forall i \in \{1, 2, \dots, N_{obj}\} : \mathcal{F}^a(i) \geq \mathcal{F}^b(i) \\ \exists j \in \{1, 2, \dots, N_{obj}\} : \mathcal{F}^a(j) > \mathcal{F}^b(j) \end{cases} \quad (2.1b)$$

Es de notar que los óptimos globales están bien definidos siempre que la función objetivo lo esté, y son independientes de cualquier estructura definida en \mathcal{S} .

En la Figura 2.2 se puede comprobar como la definición generalizada de óptimo global se adapta tanto a optimización monoobjetivo, donde significaría que no existe ningún individuo con *coste* menor o igual al del óptimo global² como a multiobjetivo, donde la solución óptima estaría formada un conjunto de individuos no dominados.

¹En problemas de optimización monoobjetivo, la relación de dominación se reduce únicamente a una relación de mejora.

²Que no es más que la definición de óptimo global en optimizaciones monoobjetivo (véase por ejemplo [T. Back, D. B. Fogel and Z. Michalewicz, 1997])

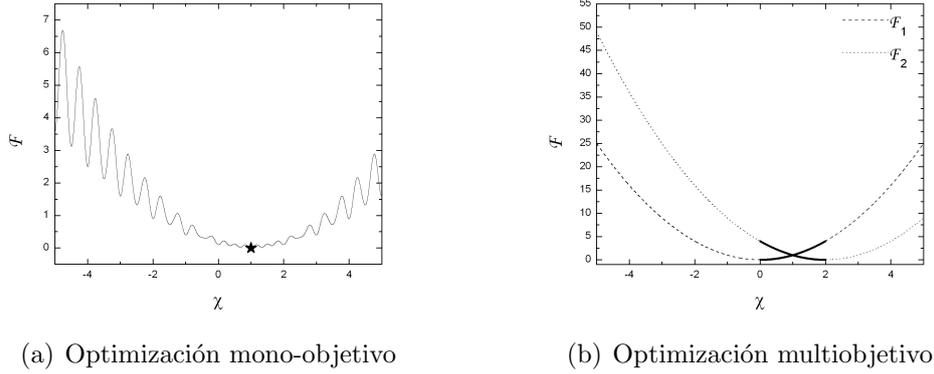


Figura 2.2: Ejemplo de soluciones óptimas en problemas mono y multiobjetivo.

2.1.2.2. Vecindarios y óptimos locales

A veces es muy útil considerar que espacio de búsqueda \mathcal{S} está dotado de una estructura, ya sea en forma de una *conectividad* entre sus puntos o de una métrica sobre él. En el caso de un espacio discreto, normalmente la estructura está asociada al *operador traslación*, T , el cual, partiendo de cualquier $\chi \in \mathcal{S}$, genera un *traslado* a un punto $\chi' \in \mathcal{S}$. Por regla general, el operador T es estocástico, por lo que se generarán diferentes puntos χ' . A los puntos que pueden ser generados por una única aplicación del operador T a partir de χ se le conoce como *vecindario* de χ , denotado como $Vcn(\chi)$. A los puntos que surgen tras la aplicación de T k veces se les conoce como *k-vecindario* de χ , denotado como $Vcn(\chi, k)$. Por ejemplo, si $\mathcal{S} = \mathbb{B}^4$ y el operador traslación cambia aleatoriamente cambia un solo bit en la solución, el vecindario de 1001 es 0001, 1101, 1011, 1000, mientras que el 2-vecindario es 0101, 0011, 0000, 1111, 1100, 1010. Suponiendo que T es simétrico, ($\chi' \in Vcn(\chi, k) \Leftrightarrow \chi \in Vcn(\chi', k)$), una estructura de vecinos automáticamente induce una conectividad en el espacio, junto con una métrica d dada por

$$d(\chi, \chi') = \min \{k \in \mathbb{N} \mid \chi' \in Vcn(\chi, k)\}$$

En el caso de un espacio continuo, se puede definir también una métrica con respecto al operador traslación, pero normalmente se opta por usar una de las métricas naturales sobre el espacio como la métrica Euclídea. En este caso, más

que hablar de vecindarios discretos, se hablan de ε - *vecindarios* continuos. El ε -vecindario de un punto $\chi \in \mathcal{S}$ es el conjunto de puntos que se encuentran a una distancia menor que ε con respecto a la métrica escogida:

$$Vcn(\chi, \varepsilon) = \{\chi' \in \mathcal{S} \mid d(\chi, \chi') < \varepsilon\}$$

Una vez que una estructura de vecindarios se ha establecido sobre \mathcal{S} , tiene sentido hablar de *mínimos locales*. En el caso de un espacio discreto, se dice que una solución es un óptimo local si el valor de su función objetivo es al menos tan alta como la de sus vecinos inmediatos. Por lo que el conjunto de óptimos locales $\mathcal{L} \subset \mathcal{S}$, definido con respecto a la estructura de vecindarios elegida, esta dado por:

$$\mathcal{L} = \{\chi \in \mathcal{S} \mid \forall \chi' \in Vcn(\chi) : f(\chi) \geq f(\chi')\}$$

En el caso de un espacio continuo, un óptimo local es un punto para el cual, para un ε suficientemente pequeño, ningún miembro de su vecindario tiene la función objetivo mayor, por lo que

$$\mathcal{L} = \{\chi \in \mathcal{S} \mid \exists \varepsilon > 0 \forall \chi' \in Vcn(\chi, \varepsilon) : f(\chi) \geq f(\chi')\}$$

Las funciones pueden ser clasificadas en *unimodales* o *multimodal* dependiendo del número de óptimos locales que se encuentren en el espacio de búsqueda [Horn y Goldberg, 1995] de forma que las funciones unimodales solo tienen un óptimo local, que por tanto será el global, y las funciones multimodales tendrán mas de un óptimo local, pudiendo tener varios óptimos globales en su dominio.

2.1.3. El proceso de búsqueda

La elección básica que todos los algoritmos tienen que hacer en cada paso de la búsqueda es que punto (o puntos) de \mathcal{S} deben elegir como solución. Al principio, suponiendo que no se tiene información previa, la elección es esencialmente al azar. Pasadas unas iteraciones, a medida que varios puntos han sido muestreados y la información ha sido retenida de cualquiera de las formas que el algoritmo posea, las elecciones van siendo más acertadas. La efectividad de la búsqueda depende de la estrategia usada para hacer elecciones basadas en el

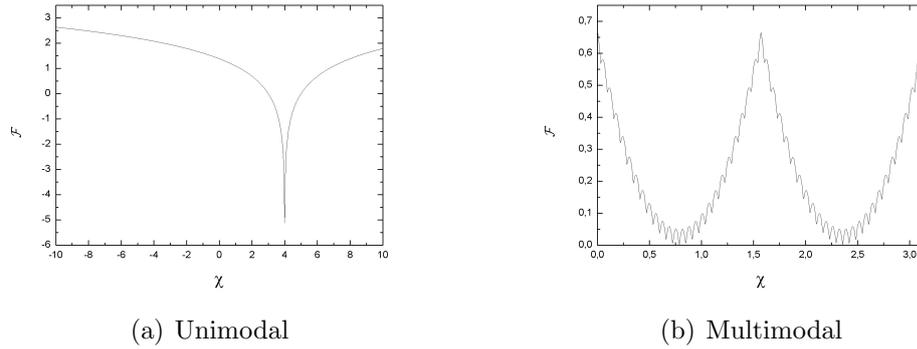


Figura 2.3: Las funciones unimodales presentan un óptimo global único, en cambio las multimodales pueden contener multitud de óptimos locales e incluso óptimos globales localizados en distintos puntos del espacio.

conocimiento parcial del espacio de búsqueda y el grado en el que la estrategia esta bien adaptada al problema tratado. En los AE, la población actúa como la memoria, y la elección del siguiente punto de \mathcal{S} para muestrear es determinada por una combinación de individuos de la población y los valores de su función objetivo, la representación usada, y de los operadores traslación usados. Es importante resaltar que el grado en el que los operadores traslación usados son afectados por cualquier estructura de vecindarios impuesta al espacio de búsqueda \mathcal{S} depende de la interacción entre el movimiento que produce en el espacio de representación \mathcal{I} y la denominada función de crecimiento g ³. En particular, un óptimo local en el espacio de búsqueda \mathcal{S} bajo alguna estructura de vecindario puede no ser un óptimo local en el espacio de representación \mathcal{I} para los operadores traslación usados. Inversamente, pueden existir puntos en el espacio de representación que no correspondan a óptimos locales obvios en \mathcal{S} , pero desde los cuales no existe una traslación hacia un punto vecino (en \mathcal{I}) con mejor función objetivo bajo g . Son estos últimos puntos, más que los primeros, los que tenderán a actuar como trampas locales para los AE [Radcliffe, 1997].

³En un AG la función de crecimiento decodifica, cuando esto sea necesario, las soluciones prueba de forma que estas puedan ser evaluadas.

2.1.4. La filosofía de la búsqueda, la evolución y los AGs

Usando la generalización del concepto de óptimo global, la finalidad última de un proceso de optimización es la de encontrar todas las soluciones no dominadas. En particular para un problema monoobjetivo esto se resume en hallar el único punto no dominado que constituye el máximo o el mínimo global⁴, y en problemas multiobjetivo en encontrar a todos los individuos no-dominados que conforman el llamado frente de Pareto. Sin embargo, el objetivo más realista, dado el tiempo finito y el conocimiento limitado del espacio de búsqueda, es el de hacer el máximo progreso hacia el objetivo apropiado, es decir, encontrar la mejor solución o soluciones alcanzable en el tiempo disponible dentro del espacio de búsqueda elegido. Este punto de vista se refuerza teniendo en cuenta que salvo en casos especiales, o con un conocimiento a priori, no es siquiera posible determinar si un punto dado es un máximo global sin tener que examinar todos los puntos del espacio de búsqueda.

Por otro lado existe un debate sobre si los AE deben o no ser clasificados como métodos de optimización *per se* [Holland, 1975; Dawkins, 1976; de Jong, 1992a,b]. La sorprendente elegancia y eficiencia de muchos de los resultados de la evolución natural han llevado a muchos a afirmar, sin duda alguna, que la evolución es un proceso de optimización. Algunos de los argumentos más persuasivos incluyen la existencia de organismos que exhiben en su anatomía componentes muy próximas a la solución óptima de problemas de optimización, de tipo mecánico por ejemplo, y el hecho de la existencia de especies con diseños muy similares que han evolucionado de manera independiente en la naturaleza, fenómeno conocido como *evolución convergente*.

Por otro lado algunos investigadores, como Holland y de Jong, esgrimen que la evolución, y los AE, están mejor descritos como *sistemas adaptativos*. Las razones para este punto de vista incluyen la ausencia de garantías de convergencia de la búsqueda evolutiva hacia soluciones de cualquier calidad conocida, el medio ambiente variable donde se desarrolla la evolución natural, y argumentos sobre la existencia de funciones fitness en la naturaleza. Entre otros, Dawkins ha argumentado que la evolución no tiene que ser entendida como un proceso de optimización en absoluto, que es la propagación del ADN y la de los genes que contiene lo que es maximizada en la evolución. A pesar de

⁴En funciones multimodales con varios óptimos globales, el objetivo sería encontrar todos estos puntos del espacio de búsqueda no dominados.

todo, tanto los resultados en la evolución natural como en trabajos empíricos demostrados con AE alientan a creer que, cuando son aplicados a problemas de optimización, los métodos evolutivos son eficientes métodos de búsqueda global.

2.2. Terminología básica sobre AGs

En el lenguaje usado el ámbito de los AEs, y en los AGs en particular, se suelen importar muchos términos de las ramas de la Biología y de la Genética. En los siguientes párrafos definiremos los términos básicos del lenguaje usado en los AGs, que de forma habitual utilizaremos en el resto de la presente Tesis doctoral.

Se conoce con el nombre de individuo a un punto codificado del espacio de búsqueda. Normalmente están representados por una cadena (o cadena de cadenas) que equivalen a un *genotipo* biológico. Este genotipo define un individuo cuando es expresado (decodificado) en el *fenotipo*. Un genotipo puede estar compuesto de uno o más *cromosomas*, donde cada cromosoma esta formado por varios genes que a su vez son el resultado de la agrupación de ciertos valores (*alelos*) tomados de un alfabeto genético. Un *locus* identifica la posición de un gen en el cromosoma. De esta forma cada individuo se decodifica en un conjunto de parámetros que sirven como entrada de la función en consideración que servirá como medida de la bondad de estos como solución. Por último, a un conjunto de individuos se le conoce como población.

Los genes de un individuo pueden tener distinta naturaleza, como letras; numeros binarios, enteros o reales; manifestar la existencia o no de una propiedad, etc. Sin embargo es usual codificar o parametrizar todos genes mediante números. La representación binaria, formada por cadenas de longitud fija de 1 y 0 ha dominado el campo de investigación sobre AGs durante los últimos años debido a que se ha demostrado teóricamente que es la más efectiva [Goldberg, 1990]. Sin embargo, las excelentes propiedades de los AGs no provienen únicamente de las cadenas de bits [Antonisse, 1989; Radcliffe, 1992], por lo que muchos investigadores han desarrollado usado distintas representaciones, acompañadas de nuevos operadores genéticos adaptados a estas representaciones, más acordes a la aplicación en problemas concretos. Ejemplos de esto podemos ver los siguientes:

- Vectores de números reales, para aplicaciones quimiométricas [Lucasius y Kateman, 1989], optimización numérica de funciones [T. Back, D. B. Fogel and Z. Michalewicz, 1997; Wright, 1991; Michalewicz, 1996; Herrera y otros, 1994], evolución de conjuntos de reglas para clasificación [Corcoran y Sen, 1994], diseño óptimo de filtros multicapa [Michielssen y otros, 1992], calibración de controladores basados en lógica difusa [Herrera y otros, 1995], etc.
- Vectores de números enteros, en optimización de funciones [Bramlette, 1991], diseño paramétrico de aeronaves [Bramlette y Bouchard, 1991], aprendizaje sin supervisión de redes neuronales [Ichikawa y Ishii, 1993], etc.
- Listas ordenadas, en problemas de optimización de tareas [Syswerda, 1991], problema del viajante [Whitley y otros, 1989], problemas de asignación de tareas en comercios [Fox y McMAhon, 1991].
- Expresiones *LISP*, en la evolución de software para labores de control, planificación robótica y regresión simbólica [Koza, 1992].
- Matrices bidimensionales, para problemas de transporte lineal [Vignaux y Michalewicz, 1991].

La codificación es sólo una forma de representar numéricamente un modelo, proceso o conjunto de parámetros. No existe ninguna razón inherente a los AG en utilizar distintos tipos de codificación para genes de diferente naturaleza. Esto es, es natural utilizar una codificación real cuando el parámetro del diseño es una variable continua, mientras que si el gen a codificar representa una cualidad discreta, como existencia o no de una cualidad, o que esta sólo pueda tomar valores entre un conjunto de valores discretos, resulta más intuitivo utilizar una codificación discreta. Lo anteriormente dicho equivale a representar cada individuo mediante varios cromosomas (vectores), de forma que en cada uno de ellos estén las variables que definen un sistema codificadas de la forma más conveniente (números reales, enteros, binarios, etc).

Para nuestros propósitos, vamos a representar a la población de una cierta generación t como un vector fila, $\vec{\mathcal{P}}^t$, formado por N_{pop} individuos, $\{\vec{\chi}^1, \dots, \vec{\chi}^{N_{pop}}\}$,

compuestos de N_{gen} genes ⁵ $\vec{\chi}^i \equiv \{\chi_1^i, \dots, \chi_{N_{gen}}^i\}$.

$$\vec{P}^t = \begin{bmatrix} \vec{\chi}^1 \\ \vec{\chi}^2 \\ \vdots \\ \vec{\chi}^{N_{pop}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \chi_1^1 & \chi_2^1 & \cdots & \chi_{N_{gen}}^1 \\ \chi_1^2 & \chi_2^2 & & \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ \chi_1^{N_{pop}} & & \cdots & \chi_{N_{gen}}^{N_{pop}} \end{bmatrix} \quad (2.2)$$

A los individuos progenitores los denotaremos con el superíndice p ($\vec{\chi}^p$) y a los descendientes mediante el subíndice d ($\vec{\chi}^d$). En la figura 2.4 mostramos un

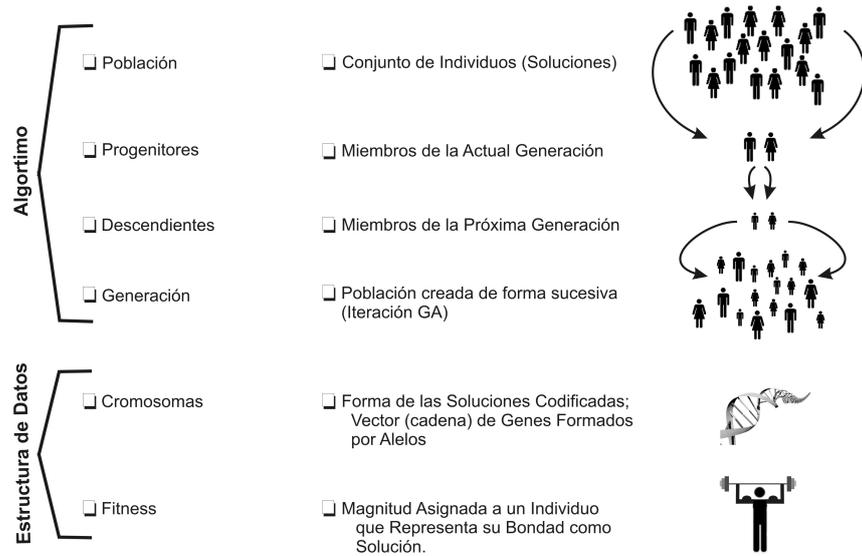


Figura 2.4: Componentes de un AG

esquema con algunos de los conceptos que acabamos de introducir. En el siguiente capítulo iremos desgranando el funcionamiento de los AGs, estudiando para ello el algoritmo ideado por Holland, conocido como algoritmo genético canónico (AGC), explicando paso a paso cada uno de los procesos involucrados en la evolución de la población de individuos. Además realizaremos un breve repaso de algunos de los operadores genéticos usados en la bibliografía y que de los cuales de alguno haremos uso a lo largo de la presente Tesis.

⁵Cada gen estará representado por N_{al} alelos

2.3. El Algoritmo Genético Convencional

A partir del esquema de AG original propuesto por Holland se han realizado múltiples variaciones. En la mayoría de estas la única diferencia es la sustitución de unos operadores por otros más acordes con una aplicación concreta, sin embargo hay otros que introducen nuevos operadores de búsqueda local [Yen y otros, 1998; Renders y Bersini, 1994] o modifican la estructura del algoritmo buscando acelerar el proceso de convergencia [Krishnakumar, 1989]. Sin embargo, para entender el funcionamiento de los algoritmos que presentaremos en los siguientes capítulos es aconsejable primero hacer un acercamiento al algoritmo propuesto inicialmente por Holland mostrado en el Algoritmo 1

Algoritmo 1 Algoritmo Genético

- 1: Creación de \vec{P}^1 inicial ▷ Generación de un conjunto inicial de soluciones prueba
 - 2: **while** Criterio de terminación no alcanzado **do**
 - 3: Evaluación ▷ Cálculo de \vec{F}
 - 4: Selección ▷ Elección de los individuos más aptos.
 - 5: Cruce ▷ Generación de descendientes mediante cruce.
 - 6: Mutación ▷ Variación aleatoria de los genes de cada individuo.
-

Por este motivo en los siguientes apartados vamos a explicar en detalle cada uno de los procesos que en conjunto forman un AGC y comentaremos algunos de los operadores genéticos más usados.

2.4. Generación de la población inicial

Como se indicó anteriormente el proceso evolutivo comienza con la creación de la población inicial, que \vec{P}^1 , está representada por una matriz de genes. Cada fila- esto es, cada individuo de dicha matriz- es una solución potencial al problema. Existen varias formas de generar esta población inicial, si bien al de crear la población de forma aleatoria es la más usual, también pueden distribuirse los genes de forma uniforme por el espacio de búsqueda o introducir información cierta información previa sobre el óptimo global. En general, se suele acotar el rango de variabilidad de los alelos entre unos valores máximos y mínimos, lo que resulta aconsejable por dos motivos: el primero para asegurar

que todos los individuos de $\vec{\mathcal{P}}$ pertenezcan al dominio de f , y en segundo, para reducir el espacio de búsqueda y ahorrar de esta forma tiempo computacional.

Algoritmo 2 Creación de la población inicial $\vec{\mathcal{P}}^0$

```

1: for  $i \leftarrow 1, N_{pop}$  do
2:   for  $j \leftarrow 1, N_{gen}$  do
3:      $\chi_j^i \leftarrow x_j^{min} + u \times (x_j^{max} - x_j^{min})$   ▷ Elección aleatoria de genes entre los
       valores permitidos

```

Donde $u \in U[0, 1]$ es una variable aleatoria uniforme y x_j^{min} y x_j^{max} son los valores mínimos y máximos respectivamente que puede tomar el gen j -ésimo.

Existen numerosos estudios acerca del tamaño óptimo de población en algoritmos genéticos. En [de Jong, 1975] se demuestra que poblaciones pequeñas mejoran el rendimiento inicial del algoritmo, mientras poblaciones grandes lo mejoran a largo plazo. Sugiriendo como conclusión el uso de poblaciones grandes ya que reduce tanto la pérdida genética como el ruido en los genes producido por el carácter estocástico del algoritmo. Goldberg [Goldberg y otros, 1992] hace uso de métodos estadísticos para determinar el tamaño de la población, llegando de igual modo a la conclusión del uso preferente de poblaciones de gran tamaño. Sin embargo, en [Haupt y Haupt, 1998] se recomienda el uso de pequeñas poblaciones dejándolas evolucionar durante muchas generaciones, idea de la que hacen uso los micro GA de Krishnakumar [Krishnakumar, 1989]. Esta aparente contradicción resulta del énfasis puesto en dos aspectos concretos del funcionamiento del AG. Por un lado la necesidad de minimizar la pérdida genética y por otro potenciar la exploración y explotación del espacio de búsqueda por medio de los operadores genéticos. Dependiendo del tipo de problema a tratar se deberá de dar mayor énfasis a uno u otro aspecto. Por último comentar la existencia de implementaciones en las que el tamaño de la población se expande o contrae dependiendo del estado actual del proceso de búsqueda [Arabas y otros, 1994].

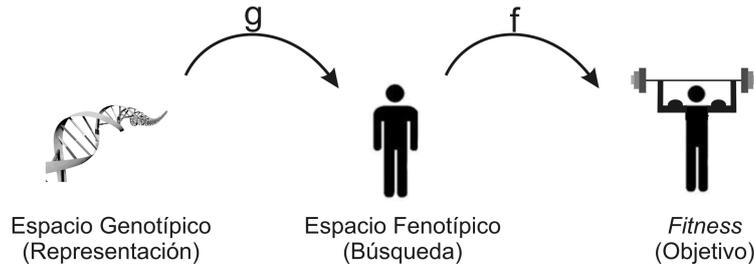


Figura 2.5: Proceso de asignación de *fitness* a individuos.

2.5. Evaluación de la función *fitness*

Los AGs trabajan con dos representaciones de una solución prueba, por un lado esta la genotípica, formada por una cadena de alelos formando genes, y por otro la fenotípica que es la expresión decodificada de los genes. Como veremos en secciones posteriores los operadores genéticos trabajan en el espacio genotípico, por el contrario es necesario trabajar con la representación fenotípica para poder conocer su bondad como soluciones de los individuos. Este proceso de decodificación llamado morfogénesis se realiza mediante una función g conocida como función de crecimiento. De esta forma antes de evaluar es necesario aplicar la función de crecimiento.

Algoritmo 3 Evaluación de la población

- 1: **for** $i \leftarrow 1, N_{pop}$ **do**
 - 2: $\vec{F}^i \leftarrow f(g(\vec{\chi}^i))$ Previa morfogénesis, cálculo de \vec{F}^i
-

La forma de la función de crecimiento varía enormemente entre aplicaciones. En el caso más simple, esta puede ser la función identidad. En otros casos más complejos incluso puede contener una componente estocástica e involucrar procesos de reparación con el objetivo de obtener una solución válida a partir de una no válida, o introducir en la solución alguna información extra conocida por el usuario.

Debido a que la función *fitness* se calcula de forma repetida a lo largo de una optimización, la elección de esta posee una alta relevancia. Una elección adecuada, llegando a un compromiso entre precisión y tiempo de computación, puede dar lugar a procesos de optimización que convergen al óptimo global.

Sin embargo una elección inadecuada resultará en procesos que convergen en óptimos locales o, incluso, no convergentes. Para reducir el tiempo de convergencia es útil aprovechar las simetrías del problema, de forma que se pueda reducir el número de variables. También es de utilidad tener un conocimiento apropiado del modelo a optimizar. Ejemplo de esto es el caso de la optimización de una agrupación de antenas, donde el objetivo es minimizar el nivel de lóbulos laterales, optimizar la posición de las raíces del factor de *array* da mejores resultados, tanto en tiempo de ejecución como en convergencia al óptimo global, que optimizar de forma directa los coeficientes de excitación [Haupt y Werner, 2007].

2.6. Selección natural

La selección es uno de los operadores principales de los algoritmos evolutivos. El principal objetivo de este operador es el de enfatizar los individuos mejor adaptados de una población, descartando a los poco adaptados. Este operador no crea soluciones nuevas, si no que elige los individuos relativamente buenos descartando los restantes, cuyo nivel de adaptación está por debajo de un cierto límite variable entre distintos operadores de selección⁶. La identificación de soluciones buenas o malas en una población se realiza normalmente mediante la función *fitness*, la idea esencial es que individuos con alto grado de bondad, esto es con mejor *fitness*, tengan mayor probabilidad de ser seleccionados, que aquellos con peor *fitness*. Existen varias formas en las que las copias de estos individuos bien adaptados son asignadas, dando a lugar a distintos operadores de selección. Algunos operadores ordenan la población en función de los valores de $\vec{\mathcal{F}}$ y de forma determinística eligen algunas de las mejores primeras soluciones, mientras que en otros la selección se realiza de forma estocástica, teniendo los individuos mejor adaptados mayor probabilidad de ser seleccionados. En estos operadores de selección probabilísticos existe una pequeña posibilidad de que un buen individuo no sea seleccionado y en su lugar lo sea uno peor adaptado. Sin embargo, añadir una componente aleatoria en

⁶Dentro de la analogía con procesos biológicos, el operador selección es entendido como una mezcla entre reproducción asexual, en la que se realizan copias de un mismo individuo en la población, y selección natural, ya que los individuos más aptos sustituyen a los menos aptos generación tras generación.

los algoritmos evolutivos presenta la ventaja de disminuir el riesgo de convergencia en óptimos locales. Para poblaciones pequeñas o funciones *fitness* con óptimos locales próximos al óptimo global, los primeros mejores individuos en una población finita pueden a veces representar una solución subóptima. Si se usa una estrategia de selección basada en operadores deterministas, estos aparentemente buenos individuos serán enfatizados, y la población convergerá a una solución incorrecta. Por otro lado, si se usa un operador de selección estocástico, la diversidad en la población podrá verse preservada, introduciendo ocasionalmente individuos no tan buenos, pero que permitan una exploración más exhaustiva del espacio de búsqueda. Por tanto, estos eventos previenen a los algoritmos evolutivos de una prematura convergencia. En el Algoritmo 4 se muestra como se realiza el proceso de selección, donde en la línea 2 se inserta la función selección :

Algoritmo 4 Creación de la población de individuos supervivientes

- | | | |
|----|---|---|
| 1: | for $i \leftarrow 1, N_{sup}$ do | ▷ Selección de N_{sup} individuos |
| 2: | $\vec{\chi}^i \leftarrow \text{Selección}(\vec{\mathcal{P}}^t, \vec{\mathcal{F}}, q)$ | ▷ Selección de un individuo de la población |
| 3: | $\vec{\mathcal{P}}^{sel} \leftarrow \vec{\mathcal{P}}^{sel} \cup \vec{\chi}^i$ | ▷ El individuo seleccionado sobrevive |
-

donde una población de individuos seleccionados $\vec{\mathcal{P}}^{sel}$ es generada a partir de los individuos de la población $\vec{\mathcal{P}}^t$ y q es un parámetro denominado presión de selección y controla el mínimo de generaciones que tardaría la población en convertirse en N_{pop} copias del mejor individuo de esta [T. Back, D. B. Fogel and Z. Michalewicz, 1997].

La mayoría de los algoritmos basan su selección en operadores heurísticos para seleccionar individuos para su posterior cruce. Los dos operadores más comunes son la ruleta y el torneo, que serán descritos a continuación.

2.6.1. Selección por ruleta

El operador de selección por ruleta es un operador de selección proporcional. En este tipo de operadores cada individuo podrá ser copiado en $\vec{\mathcal{P}}^{sel}$ con una probabilidad proporcional a su bondad como solución. De esta forma, en esta selección por ruleta, se asigna a cada individuo un área proporcional al valor de su *fitness* en una ruleta imaginaria. A continuación se hace girar esta

ruleta y se selecciona el individuo cuya área se haya detenido frente a la marca (Fig. 2.6). Este proceso es repetido hasta seleccionar el número de individuos deseado. Como los individuos son escogidos en función del área asignada, y esta es proporcional a su *fitness*, una solución muy adaptada tendrá más copias en $\vec{\mathcal{P}}^{sel}$ que una con peores características. Aún así, esta forma de selección no admite valores negativos de *fitness* ni puede trabajar directamente con problemas de minimización, siendo necesario realizar una transformación para obtener un problema de maximización equivalente. Seleccionar a los individuos proporcionalmente a su *fitness* tiene dos problemas inherentes. Por un lado, si una población contiene a un individuo excepcionalmente bueno, esta *supersolución* ocupará casi toda el área de la ruleta de forma que casi siempre esta solución será la seleccionada. Este hecho causará una pérdida de diversidad genética y provocará que el algoritmo se estanque en una región subóptima. Una segunda dificultad surgirá en generaciones posteriores, cuando la mayoría de los individuos estén más o menos igual de adaptados. En este caso las áreas asignadas a cada individuo serán aproximadamente iguales, resultando en que todos los individuos tienen casi la misma probabilidad de ser seleccionados, lo que tiene el efecto de una selección aleatoria. Estos problemas se resuelven mediante un escalado de $\vec{\mathcal{F}}$ previo a la creación de la ruleta [de Jong, 1975]. El pseudo código de una función ruleta, a introducir en la línea 2 del Algoritmo 4, sería que se muestra en el Algoritmo 5.

Algoritmo 5 Ruleta

```

1: Función RULETA( $\mathcal{F}, \mathcal{P}$ )
2:    $prob \leftarrow \vec{\mathcal{F}} / \sum_i \mathcal{F}^i$   ▷ Asignación de una porción de ruleta a cada individuo
3:    $i \leftarrow 1$ 
4:    $sum \leftarrow prob_i$ 
5:    $u \leftarrow U(0, 1)$   ▷ Se hacer girar la ruleta  $u \times 360^\circ$ 
6:   while  $sum < u$  do ▷ Se elige el individuo cuya área se ha detenido frente al
      marcador
7:      $i \leftarrow i + 1$ 
8:      $sum \leftarrow sum + prob_i$ 
9:   Retorna  $\vec{\chi}^i$ 

```

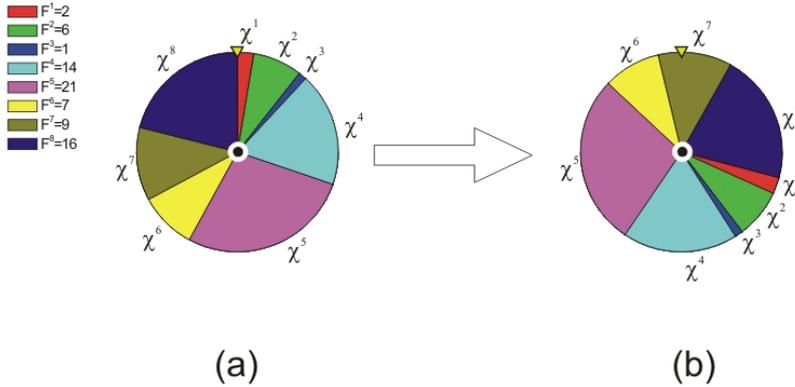


Figura 2.6: Proceso de selección mediante ruleta. Primero se crea la ruleta mediante asignando áreas a a individuos proporcionalmente a su \mathcal{F} (a), a continuación se hace girar la ruleta y se selecciona el individuo en cuya área se ha detenido la marca (b).

2.6.2. Selección por Torneo

La selección por torneo elimina los dos problemas de escalado de la selección por ruleta mencionados en la sección anterior realizando torneos entre un número determinado de individuos en función de su grado de adaptación. En un torneo de q individuos, se selecciona este mismo número de individuos de entre los de la población $\vec{\mathcal{P}}$, el vencedor de este, que será el seleccionado, se dirime determinísticamente o probabilísticamente en función de su grado de bondad. Una vez realizado el torneo, existen dos estrategias a seguir- o se devuelven los q individuos a la población y que puedan volver a participar en el siguiente torneo, o son retenidos un número determinado de torneos hasta que sean devueltos a la población. En su forma más simple, llamado torneo binario, dos individuos son tomados al azar de la población y el mejor de ellos es seleccionado. Una ventaja de este método de selección es que este esquema puede tratar sin ninguna transformación cambio en la función objetivo, tanto en problemas de maximización como de minimización. Además, no tiene restricciones sobre valores negativos de $\vec{\mathcal{F}}^7$. En el siguiente pseudocódigo se muestra un algoritmo

⁷Una ventaja adicional a este esquema de selección su sencilla implementación en paralelo. Como sólo unos pocos individuos son seleccionados cada vez sin tener que recurrir al cálculo

típico de torneo binario, en el que el vencedor es el individuo que domina al otro en sentido paretiano.

Algoritmo 6 Torneo binario

```

1: Función TORNEO( $\mathcal{F}, \mathcal{P}$ )
2:    $a \leftarrow \text{int}(U(1, N_{pop}))$    ▷ Se toman dos individuos al azar de entre los de la
   población
3:    $b \leftarrow \text{int}(U(1, N_{pop}))$ 
4:   if  $\vec{\chi}_a \succ \vec{\chi}_b$  then           ▷ Si  $\vec{\chi}_a$  domina a  $\vec{\chi}_b$ , el primero es seleccionado
5:      $\vec{\chi}^i = \vec{\chi}^a$ 
6:   else                               ▷ En caso contrario,  $\vec{\chi}_b$  es seleccionado
7:      $\vec{\chi}^i = \vec{\chi}^b$ 
8:   Retorna  $\vec{\chi}^i$ 

```

2.7. Cruce entre individuos

En los sistemas biológicos, el cruce de individuos se realiza, a nivel molecular, mediante pares de cromosomas. Dos cromosomas se alinean físicamente, se parten en dos o más localizaciones en cada uno de los cromosomas, y partes homólogas de cada cromosoma son intercambiadas y las fracturas reparadas. Esto resulta en una recombinación de material genético que contribuye a la variabilidad de la población. En los algoritmos evolutivos, este proceso se ha abstraído en un operador que crea nuevos individuos a partir de los genes de dos o más progenitores.

Como paradigma de operador de cruce explicaremos a continuación el ideado por Holland [Holland, 1975], cuyo funcionamiento está estructurado en tres fases. Primero se eligen dos individuos al azar de la población obtenida mediante selección, usualmente llamados progenitores ($\vec{\chi}^p$). Segundo, se seleccionan uno o más puntos de corte en los cromosomas, dividiendo estos en segmentos para ser intercambiados. Finalmente se intercambian estos segmentos para formar dos nuevos individuos, conocidos en el lenguaje de los AEs como descendientes o individuos hijos ($\vec{\chi}^h$). La idea sobre la que subyace el operador de

de la media de la *fitness* ni a ninguna otro tipo de estadística de la población, se puede enviar cada torneo a uno de los N_{proc} procesadores, de forma que el proceso de selección se realice con mayor velocidad

cruce resulta muy intuitiva. Supongamos que tenemos dos individuos con alto grado de bondad, debido a la existencia de cromosomas adecuados distintos para cada uno de ellos. Lo ideal sería crear un nuevo individuo que combinase las mejores características de cada uno de los progenitores. Por supuesto, ya que presumiblemente no conocemos que características contribuyen favorablemente a su adaptación, lo mejor que se puede hacer es recombinarlas de forma aleatoria. Esa es la filosofía del operador de cruce, intenta recombinar los buenos genes dispersos en la población en mejores individuos por medio de cruces. Algunas veces el operador de cruce combinará los peores genes de los progenitores, en cuyo caso el descendiente no superará el proceso de selección explicado en la Sección 2.6, y tenderá a extinguirse, desapareciendo de la población. En otras ocasiones, el operador recombinará las mejores características de los progenitores, creando mejores individuos, siempre que estas características sean compatibles. Este operador ha sido considerado como el operador primario de búsqueda en los AGs [de Jong y Spears, 1992; Kita, 2001; Lin y Yao, 1997] ya que explota la información que sobre el espacio de búsqueda contiene la población. La proporción de individuos que se cruzan en cada generación está controlada por la probabilidad de cruce $p_c \in [0, 1]$, que determina la frecuencia de uso del operador de cruce. Estudios empíricos han demostrado que el valor óptimo de la tasa de cruce p_c depende de la elección de resto de aspectos relativos al algoritmo en su totalidad, como por ejemplo el tamaño de la población, la tasa de mutación, concepto este que será explicado en la sección 2.8 o el tipo de operador de selección usado. Algunos valores típicos de tasas de cruce son $p_c = 0,6$ [de Jong, 1975], $p_c \in [0,45,0,95]$ [Grefenstette, 1986], y $p_c \in [0,75, 0,95]$ [Schaffer y otros, 1989]. Por otro lado se han desarrollado técnicas para la modificación adaptativa de la tasa de cruce que han demostrado ser útiles [Lawrence Davis, 1987; Davis, 1989; Srinivas y Patnaik, 1994; Julstrom, 1995].

Existe gran variedad de operadores de cruce tanto para codificación binaria como real. A continuación se hará una breve descripción de algunos de ellos.

2.7.1. Operadores de cruce binario

En codificación binaria, los operadores más comunes son los denominados *single-point crossover*, el *multi-point crossover* que es una generalización del anterior operador, y el cruce uniforme. Como veremos a continuación, estos

operadores formalmente sólo se diferencian en la forma de la máscara⁸ que se usa para crear los segmentos en los que se divide el cromosoma de cada individuo. Un descripción simple de un operador de cruce binario genérico se puede ver en el Algoritmo 7

Algoritmo 7 Cruce binario

```

1: Función CRUCE BINARIO( $\vec{\chi}^{p1}, \vec{\chi}^{p2}$ )
2:    $u \leftarrow U(0, 1)$ 
3:   if  $u < p_c$  then                                ▷ Se decide si se realiza o no el proceso de cruce
4:      $\vec{m} \leftarrow \text{crea mascara}()$                     ▷ Se crean los puntos de corte al azar
5:     for  $j \leftarrow 1, N_{gen}$  do
6:        $\chi_j^{d2} \leftarrow \chi_j^{p_{m_j+1}}$                 ▷ Asignación de genes paternos a los descendientes
7:        $\chi_j^{d2} \leftarrow \chi_j^{p_{NOT(m_j)+1}}$ 
8:     else                                             ▷ En caso contrario, se introducen los progenitores intactos en  $\vec{\mathcal{P}}$ 
9:        $\vec{\chi}^{h1} \leftarrow \vec{\chi}^{p1}$ 
10:       $\vec{\chi}^{h2} \leftarrow \vec{\chi}^{p2}$ 
11:   Retorna  $\vec{\chi}^{h1}, \vec{\chi}^{h2}$ 

```

Como se comentó anteriormente, la única diferencia formal entre los distintos tipos de cruce radica en la implementación de la máscara en la que se definen los puntos de corte por los que se dividirán los cromosomas de los individuos. En los siguientes pseudocódigos se muestra como es implementada esta máscara en los operadores de cruce citados.

Cruce de un punto Se selecciona un sólo punto de corte. Este operador sólo puede intercambiar partes contiguas de los cromosomas que empiecen o terminen en los extremos de este.

Cruce multipunto Este operador, implementado por primera vez por de Jong [de Jong, 1975], generaliza el cruce de un solo punto haciendo del número de puntos de cruce un parámetro. El valor de $n=2$ que define un operador con dos puntos de cruce es el más usado en las mayoría de las aplicaciones ya que no existe un consenso acerca de las ventajas o desventajas de usar valores

⁸Una máscara consiste en un vector formado por ceros y unos usado para el intercambio de componentes entre los vectores $\vec{\chi}$, de forma que

$$\chi_j^{d1} = \begin{cases} \chi_j^{p1} & \text{si } m_j = 0 \\ \chi_j^{p2} & \text{si } m_j = 1 \end{cases} \quad \text{y} \quad \chi_j^{d2} = \begin{cases} \chi_j^{p2} & \text{si } m_j = 0 \\ \chi_j^{p1} & \text{si } m_j = 1 \end{cases}$$

Algoritmo 8 máscara a_{sp}

- 1: $u \leftarrow U(1, N_{gen} \times N_{bit})$ ▷ Elección aleatoria de un único punto de corte
 - 2: $\vec{m} \leftarrow 0$
 - 3: $m_{u+1:N_{gen} \times N_{bit}} \leftarrow NOT(m_{u+1:N_{gen} \times N_{bit}})$ ▷ Creación de la máscara según el punto de corte
 - 4: **Retorna** \vec{m}
-

de $n \geq 3$. Estudios empíricos realizados con este fin no han dado como fruto resultados concluyentes [de~Jong, 1975; L. J. Eshelman et Al., 1991].

Algoritmo 9 máscara a_{mp}

- 1: $u_1, \dots, u_{np} \leftarrow U(1, N_{gen} \times N_{bit}), u_1 \leq \dots \leq u_{np}$ ▷ Elección aleatoria de los np puntos de corte
 - 2: $\vec{m} \leftarrow 0$
 - 3: **for** $n \leftarrow 1, np$ **do**
 - 4: $m_{u_n:N_{gen} \times N_{bit}} = NOT(m_{u_n:N_{gen} \times N_{bit}})$ ▷ Creación de la máscara
 - 5: **Retorna** \vec{m}
-

Cruce uniforme Este operador fue, aunque atribuido con mayor frecuencia a Syswerda [Syswerda, 1989], introducido por Ackley [Ackley, 1987]. En este tipo de cruce la máscara no presenta un número fijo de puntos de corte, si no que la decisión de introducir un punto de corte se realiza de manera independiente en cada posición de la cadena.

Algoritmo 10 máscara a_u

- 1: $\vec{m} \leftarrow 0$
 - 2: **for** $j \leftarrow 1, N_{gen} \times N_{bit}$ **do** ▷ Para cada componente m
 - 3: $u \leftarrow U[0, 1]$
 - 4: **if** $u < p_x$ **then** ▷ Se decide si se inserta un punto de corte
 - 5: $m_j = NOT(m_j)$
 - 6: **Retorna** \vec{m}
-

2.7.2. Operadores de cruce real

El hecho de que se demostrase que la potencia de los AGs no estaba únicamente en la forma binaria de representación de elementos del espacio de

búsqueda, dio pie a la creación de diversos esquemas de AGs donde los individuos ya dejaron de estar representados por cadenas de bits pasando a ser números reales. Esto obligó a remodelar los operadores de cruce para realizar de forma eficiente la recombinación genética. Como veremos a continuación los primeros intentos se redujeron a reformar de forma directa los operadores de cruce binario para que fuesen capaces de trabajar con números reales, resultando en los ya conocidos operadores de cruce multipunto y de cruce uniforme. Posteriormente han ido surgiendo numerosos tipos de operadores de cruce que aprovechan de forma más eficiente el espacio de los números reales.

A continuación vamos a realizar un breve repaso de algunos de los operadores de cruce más usados siguiendo la taxonomía presentada en [Herrera y otros, 2003]. Siguiendo la clasificación que de los operadores de cruce se hace en este trabajo, estos se pueden agrupar en las siguientes clases: 1) operadores de cruce discretos (n punto de corte, uniforme, etc), 2) operadores de cruce basados en agregación (aritmético, geométrico, lineal, etc), 3) operadores de cruce basados en entornos (BLX- α , SBX, FR, etc), y 4) operadores de cruce híbridos que mezclan algunas de las propiedades de los operadores de los grupos anteriores. En los siguientes apartados se hará un breve repaso de algunos de los operadores de cruce para codificación real más usados.

2.7.2.1. Operadores de cruce discretos

Esta clase de operadores funciona de igual forma que sus homólogos utilizados en codificación binaria, esto es, se crea una máscara según el tipo de cruce: un corte, varios cortes o uniforme- y se generan dos descendientes intercambiando las partes de los progenitores marcadas en la máscara. En estos cruces, los valores de cada gen de los descendientes coincide con el de uno de los progenitores ($\chi_j^{d1,d2} \in \{\chi_j^{p1}, \chi_j^{p2}\}$) de forma que no se realiza ninguna transformación numérica para obtener el valor de los genes de los descendientes.

2.7.2.2. Operadores de cruce basados en agregación (OCBA)

Los OCBA's incluyen operadores que usan una función de agregación que combinan numéricamente los genes de los progenitores para calcular el valor resultante de los genes de los descendientes. Si $[x_j^{min}, x_j^{max}]$ es el intervalo de

definición del gen j-ésimo, este tipo de operadores deben contener una función $\phi_j : [x_j^{min}, x_j^{max}] \rightarrow [x_j'^{min}, x_j'^{max}] (\subseteq [x_j^{min}, x_j^{max}])$ para realizar dicha transformación. De forma que el valor del gen j-esimo de cada descendiente se obtiene usando esta función ($\chi_j^d = \phi(\chi_j^{p1}, \chi_j^{p2})$). Este tipo de operadores actúan bien en el intervalo de explotación, o en el de exploración ⁹. A continuación enumeramos algunos de los más populares en la literatura.

Cruce aritmético [Michalewicz, 1996] En este OCBA, los genes de los descendientes se asignan mediante una combinación lineal de los genes paternos.

$$\begin{aligned}\bar{\chi}^{d1} &= \bar{\lambda}\bar{\chi}^{p1} + (1 - \bar{\lambda})\bar{\chi}^{p2} \\ \bar{\chi}^{d2} &= \bar{\lambda}\bar{\chi}^{p2} + (1 - \bar{\lambda})\bar{\chi}^{p1}\end{aligned}$$

con $\lambda_j \in U[0, 1]$

Cruce geométrico[Michalewicz y otros, 1996]

$$\begin{aligned}\bar{\chi}^{d1} &= \bar{\chi}^{p1^\omega} \cdot I \cdot \bar{\chi}^{p2^{1-\omega}} \\ \bar{\chi}^{d2} &= \bar{\chi}^{p2^\omega} \cdot I \cdot \bar{\chi}^{p1^{1-\omega}}\end{aligned}$$

donde la exponencial se calcula componente a componente e I es la matriz unidad de dimensión N_{gen} .

Lineal[Wright, 1991]

Se crean tres individuos

$$\begin{aligned}\bar{\chi}^{d1} &= \frac{1}{2}\bar{\chi}^{p1} + \frac{1}{2}\bar{\chi}^{p2} \\ \bar{\chi}^{d2,d3} &= \frac{3}{2}\bar{\chi}^{p1,p2} - \frac{1}{2}\bar{\chi}^{p2,p1}\end{aligned}$$

y posteriormente se eligen los dos más aptos.

Cruce heurístico de Wright [Wright, 1991]

⁹El intervalo de explotación es el subintervalo que se encuentra entre los valores de los genes paternos $[\chi_j^{p1}, \chi_j^{p2}]$, con $\chi^{p1} \leq \chi^{p2}$ y el de exploración incluye a todos los valores del intervalo de definición menos el intervalo de explotación, es decir $[x_j^{min}, \chi_j^{p1}] \cup [\chi_j^{p2}, x_j^{max}]$

Asumiendo que χ^{p1} es superior a χ^{p2} , se generan dos descendientes de la siguiente forma

$$\bar{\chi}^{d1,h2} = \lambda \cdot (\bar{\chi}^{p1} - \bar{\chi}^{p2}) + \bar{\chi}^{p1}$$

donde $\lambda \in U[0, 1]$.

Cruce Lineal BGA [Schlierkamp~Voosen, 1994]

$$\chi_j^{d1,d2} = \chi_j^{p1} \pm \gamma \cdot r \cdot \bar{\Lambda}$$

donde el signo menos se elige con una probabilidad de 0.9, $r = 0,5(x_j^{max} - x_j^{min})$, $\gamma = \sum_{k=0}^1 5\alpha_k 2^{-k}$, donde $\alpha_i \in \{0, 1\}$ es una variable aleatoria con una probabilidad $p(\alpha_i = 1) = 1/16$ a y $\Lambda = (\bar{\chi}^{p2} - \bar{\chi}^{p1}) / \|\bar{\chi}^{p2} - \bar{\chi}^{p1}\|$

Cruce dinámico [Herrera y otros, 1996]

Se crean cuatro descendientes mediante los cruces $\mathcal{F}, \mathcal{S}, \mathcal{M}^+, \mathcal{M}^-$ de Dubois. Posteriormente se eligen los dos descendientes más aptos de los cuatro generados..

2.7.2.3. Operadores de cruce basados en entornos (OCBE)

Los OCBEs determinan los genes de los descendientes extrayendo valores de intervalos definidos por entornos asociados a los genes paternos mediante distribuciones de probabilidad. Entre los más usados por la comunidad de AE tenemos los siguientes.

Cruce BLX- α [Eshelman y Schaffer, 1993]

En este cruce, el gen de cada descendiente se calcula de la siguiente forma:

$$\chi_j^{d1,d2} = U[C_j^{min} - \Delta_j \alpha, C_j^{max} + \Delta_j \alpha]$$

con $C_j^{max(min)} = \min(\max)(\chi_j^{p1}, \chi_j^{p2})$, $\Delta_j = C_j^{max} - C_j^{min}$ y α un parámetro de control del cruce.

Cruce BLX- $\alpha - \beta$ [Eshelman y otros, 1997]

Suponiendo que $\bar{\chi}^{p1}$ es el individuo más apto, los genes de los descendientes

se generan mediante la expresión

$$\chi_j^{d1,d2} = \begin{cases} U[\chi_j^{p1} - \Delta_j\alpha, \chi_j^{p2} + \Delta_j\beta] & \text{si } \chi_j^{p1} \leq \chi_j^{p2} \\ U[\chi_j^{p2} - \Delta_j\beta, \chi_j^{p1} + \Delta_j\alpha] & \text{en caso contrario} \end{cases}$$

En este cruce, *alpha* y *beta* son dos parámetros para determinar el intervalo sobre el que pueden tomar valores los genes de los descendientes.

Cruce binario simulado SBX [Deb, 2001; Deb y Agrawal, 1995]

Este operador ha sido ideado para simular el comportamiento del operador de cruce binario. El gen de cada punto de corte en cada individuo descendiente viene dado por

$$\chi_j^{d1,d2} = \frac{1}{2} [(1 - \beta_j)\chi_j^{p1,p2} + (1 + \beta_j)\chi_j^{p2,p1}] \quad (2.3)$$

donde

$$\beta_j = \begin{cases} (\alpha_j u)^{1/(\eta_c+1)} & \text{si } u \leq \frac{1}{\alpha_j} \\ [2(1 - \alpha_j u)]^{1/(\eta_c+1)} & \text{si } u > \frac{1}{\alpha_j} \end{cases}$$

y $u \in U(0, 1)$ y $\alpha = 2 - \bar{\beta}_j^{-(\eta_c+1)}$ y $\bar{\beta}_j$ se calcula usando la siguiente expresión

$$\bar{\beta}_j = 1 + \frac{2}{x_j^{max} - x_j^{min}} \min \left[(\mathcal{I}_j^{p1(p2)} - x_j^{min}), (x_j^{max} - \mathcal{I}_j^{p2(p1)}) \right]$$

en la que se asume $\mathcal{I}_j^{p1} < (>) \mathcal{I}_j^{p2}$. El parámetro η_c permite el control sobre los intervalos en los que puede tomar valor el gen del individuo descendiente en el punto de corte, de manera que valores altos forzarán a este a ser uno en el entorno de los genes de uno u otro progenitor, mientras que a medida que disminuye, podrán tomar valores alejados del de los progenitores con mayor probabilidad.

Recombinación difusa [Voigt y otros, 1995]

En este tipo de cruce la probabilidad de que el gen *i*-ésimo de un descendiente tome el valor χ_j está dada por la distribución $p(\chi_j) \in \{\phi(\chi_j^{p1}), \phi(\chi_j^{p2})\}$ donde $\phi(\chi_j^{p1,p2})$ son funciones de probabilidad triangulares con valores mínimos, modales y máximos $\chi_j^{p1,p2} - |\chi_j^{p1,p2} - \chi_j^{p2,p1}|$, $\chi_j^{p1,p2}$ y $\chi_j^{p1,p2} + |\chi_j^{p1,p2} - \chi_j^{p2,p1}|$

respectivamente.

2.7.2.4. Operadores de cruce híbridos (OCH)

Los OCHs generan los genes de los descendientes a partir de los genes paternos mediante la hibridación de técnicas pertenecientes a los tres tipos de cruces comentados anteriormente. Son ejemplo de estos tipos de operadores híbridos los siguientes.

Cruce aritmético Min-Max

Este OCH crea cuatro descendientes, cuyos genes vienen dados por

$$\begin{aligned}\chi_j^{d1} &= \lambda\chi_j^{p1} + (1 - \lambda)\chi_j^{p2} \\ \chi_j^{d2} &= \lambda\chi_j^{p2} + (1 - \lambda)\chi_j^{p1} \\ \chi_j^{d3} &= \text{mín}(\chi_j^{p1}, \chi_j^{p2}) \\ \chi_j^{d4} &= \text{máx}(\chi_j^{p1}, \chi_j^{p2})\end{aligned}$$

de entre los cuales se seleccionan los dos mejores como individuos descendientes.

Cruce aritmético *one point crossover* [Gen y Cheng, 1997]

Este OCH es un *one point crossover* donde en el punto de corte se aplican combinaciones lineales para obtener nuevos descendientes. Un ejemplo de este tipo de operadores es el siguiente

$$\chi_j^{d1} = (\chi_1^{p1}, \dots, \chi_j'^{h1}, \dots, \chi_{N_{gen}}^{p2}) \quad (2.4)$$

$$\chi_j^{d2} = (\chi_1^{p2}, \dots, \chi_j'^{h2}, \dots, \chi_{N_{gen}}^{p1}) \quad (2.5)$$

donde $\chi_j'^{d1} = \chi_j^{p1} + \beta(\chi_j^{p2} - \chi_j^{p1})$, $\chi_j'^{d2} = \chi_j^{p2} + \beta(\chi_j^{p1} - \chi_j^{p2})$ y $\beta = \text{int}(u \times 10^{CS})/10^{CS}$, representando *int* la función parte entera y $e \in U[0, 1]$

2.8. Operador de Mutación

La interpretación tradicional que sobre el operador de mutación se hacía era que este actuaba como mero operador auxiliar del operador de cruce, tanto en

cuanto su única función se reducía a mantener un grado de diversidad genética suficiente para evitar la convergencia prematura de la población en una región subóptima. De hecho, tanto Holland [Holland, 1975] como Goldberg [Goldberg, 1989], enfatizaron que la mutación tan solo servía como un operador auxiliar del operador de cruce asegurando que eran accesibles todos los alelos del espacio de búsqueda. Por lo tanto, se recomendaban tasas de mutación bajas, del orden $p_c \in [0,001, 0,01]$ [de Jong, 1975; Grefenstette, 1986; Schaffer y otros, 1989], hasta que resultados posteriores demostraron los beneficios de acentuar el uso del operador mutación, resultando este un potente operador constructivo de búsqueda por si mismo.

En concreto, algunos de estos resultados incluyen:

1. Resultados empíricos de los beneficios de usar una alta tasa de mutación que exponencialmente decrezca con el tiempo [Fogarty, 1989],
2. Una confirmación teórica de la optimalidad de usar este tipo de tasa de mutación decreciente con el tiempo para funciones de prueba sencillas [Hesser y Männer, 1991; Hesser y Männer, 1992]
3. El conocimiento de un limite inferior para la tasa de mutación $p_m = 1/N_{alelos}$ [H.J. Bremermann y Salaff, 1966; Mühlenbein, 1992]

El operador de mutación binario introducido por Holland consistía en aplicar un *NO* lógico, con una probabilidad p_m , a cada uno de los alelos de un individuo dado para generar nuevos individuos con cromosomas diferentes a los progenitores, aumentando por consiguiente la diversidad genética [Holland, 1975]. Sobre este esquema de mutación se sustenta el resto de operadores que han ido surgiendo posteriormente. A partir de un individuo el operador de mutación construye nuevos individuos mediante un proceso en dos pasos:

1. Determina los genes del cromosoma de cada individuo que mutarán mediante una elección aleatoria uniforme $i_1, \dots, i_k (i_j \in \{1, \dots, N_{gen}\})$.
2. Crea un nuevo individuo $\vec{\chi}^d = (\chi_1^p, \dots, \chi_{i_1}^{p'} \dots, \chi_{i_k}^{p'} \dots, \chi_{N_{gen}}^p)$, donde los $\chi_{i_k}^{p'} \in [x_k^{min}, x_k^{max}]$ se eligen de forma aleatoria. Siendo la probabilidad de distribución la diferencia fundamental entre los diversos tipos de operador de mutación.

El operador mutación puede tomar diversas formas a partir del esquema básico que acabamos de describir. En codificación binaria el esquema de mutación se basa, como se ha descrito en párrafos anteriores, en permutar el valor de los alelos mediante la aplicación de un *NO* lógico con una cierta probabilidad. Por otro lado, en codificación real existen numerosas técnicas para cambiar el valor de los alelos. Del mismo modo que los operadores de cruce, estos operadores han ido surgiendo con el paso del tiempo, inspirándose en las técnicas de estrategias de evolución y de programación evolutiva.

La forma general de mutación real puede representarse como

$$\chi^d = \chi^{p1} + \vec{M}$$

donde la mutación \vec{M} es una variable aleatoria. Es usual que la media de \vec{M} sea cero, de forma que el valor esperado de la diferencia entre progenitor y descendiente sea nula. En los primeros operadores de mutación real \vec{M} se concibió como variable aleatoria de una distribución uniforme $U(a, b)$, donde a y b son los límites inferiores y superiores de mutación. Sin embargo este tipo de mutación sufre de estancamiento en un óptimo local cuando este es más ancho que el salto máximo del operador mutación. Davis [Davis, 1989] ideó un operador en el que se permitía que se sobrepasasen estos límites con una determinada probabilidad. A pesar de suponer una mejora, este tipo de mutación había de ser apoyado por un operador de selección probabilístico que mantenga algunos individuos menos aptos en la población con el objetivo de salir de esta región subóptima del espacio de búsqueda. Por el contrario, los operadores de mutación no acotados no necesitan de estos tipos de operadores de selección para garantizar una convergencia global [Fogel y otros, 1994; Rudolph, 1994]

La distribución de probabilidad no acotada más usada en operadores de mutación de codificación real ha sido la Gaussiana [Rechenberg, 1973; Schwefel, 1981; Fogel y Atmar, 1990; Bäck y Schwefel, 1993; Fogel y Stayton, 1994]. Esta función de probabilidad está definida por:

$$g(x) = [\sigma(2\pi)^{\frac{1}{2}}]^{-1} e^{-\frac{1}{2}(x-\mu)^2/\sigma^2}$$

Cuando $\mu = 0$, el parámetro σ ofrece el control de la distribución de probabilidad. El uso de mutaciones gaussianas con media nula genera individuos que son en media iguales a los padres, y la probabilidad de que estos sean muy diferentes a los padres decrece en función de esta diferencia. Sin embargo los

cambios grandes no están prohibidos, de forma que se puede escapar de un óptimo local en una sólo iteración.

Se han implementado otras funciones de probabilidad con las mismas características como la de Cauchy [Yao y Liu, 1996], que tiene una mayor probabilidad de escapar de óptimos locales¹⁰, o la de Laplace [Montana y Davis, 1989].

Se han realizados numeros estudios acerca de la variación de σ durante la optimización. Rechembreg [Rechenberg, 1973], partir de estudio de la tasa de convergencia¹¹ en dos funciones prueba propuso que la tasa de mutaciones exitosas debería ser $1/5$. Si es mayor que $1/5$, se debe aumentar la varianza y en caso de que sea menor, disminuirla.

Por otro lado, [Schwefel, 1981] sugirió medir la probabilidad de éxito durante la optimización sobre $10N_{gen}$ individuos y ajustando la σ en la generación t por

$$\sigma(t) = \begin{cases} \sigma(t - n)\delta \\ \sigma(t - n)\delta \\ \sigma(t - n)\delta \end{cases}$$

con $\delta = 0,85$ y p_s la tasa de mutaciones exitosas en $10N_{gen}$ soluciones prueba.

El uso de un único parámetro de control para todas las dimensiones es poco robusto. La eficacia de la optimización puede mejorarse usando tamaños de salto apropiados para cada dimensión. Lo anteriormente dicho se manifiesta con mayor claridad cuando en la optimización intervienen parámetros de distinta naturaleza, como pueden ser presión, temperatura, intensidad, etc. Con este fin han aparecido estrategias autoadaptativas para la actualización en línea del valor de σ . Aunque los primeros intentos de autoadaptación datan al menos del trabajo de Reed [Reed y otros, 1967], las dos implementaciones más usadas derivan de los trabajos de Schwefel y Fogel [Schwefel, 1981; Fogel y otros, 1991]. En ambos casos, cada individuo se acompaña por un vector $\vec{\sigma}$, en el que cada σ_j denota la desviación típica a usar cuando se aplica la mutación gaussiana de media nula al gen correspondiente a esa componente en el cromosoma

¹⁰En la distribución de Cauchy hay mayor probabilidad de mover un gen lejos del valor del gen progenitor debido a que la cola de esta distribución de probabilidad es mayor.

¹¹La tasa de convergencia se define como el cociente entre la distancia recorrida hacia el óptimo y el número de intentos requeridos para realizar esta mejora.

del progenitor. A medida que la población va evolucionando, así lo hacen los vectores $\vec{\sigma}$.

A continuación comentaremos algunos operadores de mutación usados en la bibliografía.

Mutación aleatoria [Michalewicz, 1996]

El gen χ_j' mutado se elige de forma aleatoria con probabilidad uniforme dentro del intervalo $[x_j^{min}, x_j^{max}]$.

Mutación no-uniforme [Michalewicz, 1996]

El gen mutado cambia de valor de la siguiente forma

$$\chi_j^d = \begin{cases} \chi_j^p + (x_j^{max} - \chi_j^p)u(1 - t/t_{fin})^b & \text{si } r \leq 0,5 \\ \chi_j^p - (\chi_j^p - x_j^{min})u(1 - t/t_{fin})^b & \text{en caso contrario} \end{cases} \quad (2.6)$$

donde t_{fin} es el número máximo de generaciones del algoritmos y $r, u \in U[0, 1]$. En este tipo de mutación la probabilidad de crear un nuevo individuo cercano al progenitor es mayor a que este se aleje de él en el espacio de búsqueda. Además, a medida que las generaciones van pasando, esta probabilidad va siendo cada vez mayor, refinando de esta forma la búsqueda en el vecindario de estos individuos.

Mutación *real number creep* [Davis, 1991] Cuando se optimiza una función continua con óptimos locales y, en cierto momento, se obtiene un individuo muy bien adaptado, sería interesante generar individuos cercanos a este para intentar acercarse aún más al óptimo global. Con el objetivo de conseguir esto, este operador *desliza* los genes del individuo hacia un valor que crece o decrece por medio de una pequeña magnitud aleatoria. El deslizamiento máximo permitido es un parámetro controlado por el usuario.

Mutación *Mühlenbein's* [Mühlenbein y Schlierkamp-Voosen, 1993] El gen mutado de un individuo toma el valor $\chi_j' = \chi_j \pm rang_j \cdot \gamma$, donde $rang_i$ define el rango de mutación y normalmente se fija en $0,1 \cdot (x_j^{max} - x_j^{min})$. Los signos + o

- son elegidos con la misma probabilidad y $\gamma = \sum_{k=0}^{15} \alpha_k 2^{-k}$, siendo $\alpha_i \in \{0, 1\}$ un número aleatorio con $p(\alpha_i = 1) = \frac{1}{16}$. Este operador genera valores en el intervalo $[\chi_j - rang_j, \chi_j + rang_j]$, con una probabilidad muy alta de situar los genes mutados en el vecindario de χ_j . La proximidad mínima posible se produce con una precisión de $rang_j \cdot 2^{-15}$.

Mutación de combinación convexa [Bazaraa y otros, 1990; Gen y Cheng, 1997] Este método está ideado para aumentar las capacidad de afinar la búsqueda en un vecindario. Para ello se seleccionan dos genes del individuo a mutar de forma aleatoria, χ_j y χ_k , y se calculan los valores de los nuevos genes mediante la siguiente recombinación convexa:

$$\begin{cases} \chi'_j = (1 - \beta)\chi_j + \beta\chi_k \\ \chi'_k = (1 - \beta)\chi_k + \beta\chi_j \end{cases}$$

Donde $\beta \in U[0, 1]$ Este tipo de mutación es muy útil cuando las variables de optimización convergen al mismo valor.

Mutación polinomial [Deb, 1998] En este operador el gen mutado se calcula de la forma

$$\chi'_j = \chi_j + \bar{\delta}\Delta$$

donde Δ_{max} es el intervalo sobre el que puede tomar valor el gen mutado.

$$\bar{\delta} = \sigma(t) = \begin{cases} [2u + (1 - 2u)(1 - \delta)^{\eta_m+1}]^{\frac{1}{\eta_m+1}} - 1 & \text{si } u \leq 0,5, \\ 1 - [2(1 - u) + 2(u - 0,5)(1 - \delta)^{\eta_m+1}]^{\frac{1}{\eta_m+1}}, & \text{en caso contrario} \end{cases}$$

donde $\delta = \min[(\chi_j - x_j^{min}), (x_j^{max} - \chi_j)] / (x_j^{max} - x_j^{min})$ y η_m es el índice de distribución que controla la probabilidad de generar genes en el entorno de χ .

2.9. Finalización de la optimización

El proceso evolutivo en el que la población de individuos se va adaptando gradualmente a las condiciones impuestas (va mejorando su *fitness*) se repite

hasta que se cumple la regla de terminación se ha cumplido. Las reglas más comunes son las siguientes

- Fijar un número de iteraciones máximo.
- Establecer un tiempo de computación límite.
- Se ha encontrado un individuo lo suficientemente óptimo.
- Acotar el número máximo de evaluaciones de $\vec{\mathcal{F}}$.
- El mejor individuo no ha variado a lo largo de un número determinado de generaciones.
- Finalización por medio del usuario.

Todos los procesos vistos en este capítulo resultan en la creación de poblaciones que son, en general, diferentes a la de la generación anterior, donde el nivel de adaptación de los individuos a crecido, ya que tan sólo los mejores individuos de la generación anterior son seleccionados para la reproducción.

Capítulo 3

Implementación del ε HTGA

3.1. Introducción

Uno de los obstáculos en la aplicación de los algoritmos genéticos en problemas de alta complejidad ha sido el elevado coste computacional debido a su baja tasa de convergencia, factor este consecuencia del hecho que la motivación de Holland [Holland, 1975] fue la de crear un sistema adaptativo robusto, incluso adaptable a entornos variantes con el tiempo, y no un optimizador de funciones. De hecho, se ha demostrado [Rudolph, 1994] que el AG canónico, esquematizado en el Algoritmo 1, no converge al óptimo global nunca, ni siquiera en $t \rightarrow \infty$. Este es uno de los argumentos que se esgrimen para constatar que los AGs per se, en su forma canónica [Holland, 1975], **no son unos algoritmos de optimización** [de Jong, 1992b,a]. Sin embargo, añadiendo una estrategia elitista al esquema del AG convencional [de Jong, 1975] en el que se mantenga una copia del mejor individuo encontrado hasta la fecha, se puede demostrar (Teorema 6 de [Rudolph, 1994]) que los AGs con una estrategia elitista incorporada convergen al óptimo global.

A partir de estos primeros resultados, se han ido añadiendo estrategias al

esquema de los AGC con el objetivo de convertir a estos en un optimizador global que herede la robustez y adaptabilidad de la que hace gala el algoritmo original de Holland, mejorando lo más posible su tasa de convergencia. Si los primeros intentos de aumentar la tasa de convergencia fueron destinados a incrementar la presión de selección en forma de reescalado dinámico de la función *fitness* [de~Jong, 1975; Goldberg, 1989] o sustitución de la selección proporcional original del AGC por una selección proporcional a su índice de adaptación [Whitley, 1993], posteriormente los trabajos se enfocaron a encontrar los valores óptimos del tamaño de la población y de las tasas de cruce y mutación, ya descritas en el Capítulo 2.3. Otro modo muy usado para incrementar la tasa de convergencia es la de combinar un AG con una técnica complementaria basada en un buscador local [Goldberg, 1989; de~Souza~P.S y Talukdar, 1991; Rogers, 1991; Mühlenbein y otros, 1991]. El objetivo de este esquema híbrido es el de combinar las ventajas del AG con aquellas del buscador local. En este tipo algoritmos se combina la capacidad explorativa de los AG con la rápida convergencia de los buscadores locales. En los últimos años han surgido algoritmos híbridos en los que se combinan otras técnicas de optimización conocidas con el esquema de AGs, reduciendo drásticamente el tiempo computacional [Renders y Bersini, 1994; Yen y otros, 1998; Tsai y otros, 2004; Chen y otros, 2005].

En este capítulo vamos a describir una modificación del método propuesto en [Tsai y otros, 2004]. En el trabajo de Tsai se presenta el HTGA¹, un algoritmo híbrido entre los AGs y el método Taguchi [Taguchi, 1984b, 1987, 1984a, 2005] como método robusto de optimización global. En el HTGA, el método de Taguchi es empleado como una técnica de cruce implementada en serie entre los operadores de cruce y mutación. A partir de dos individuos elegidos de forma aleatoria de entre los descendientes del cruce se realiza una serie de experimentos ortogonales, en los que se determinan cuales son los genes más favorables recombinándose estos en un único descendiente. La habilidad del método de Taguchi para conocer que genes resultan en mejores individuos y crear descendientes a partir de esta información mejora en gran medida las prestaciones del AG. Este método híbrido ha demostrado ser más robusto, en términos estadísticos [Tsai y otros, 2004], que los algoritmos previamente propuestos [Renders y Bersini, 1994; Yen y otros, 1998; Leung y Wang, 2001].

Comenzaremos este capítulo con una breve descripción del método de Ta-

¹Hybrid Taguchi Genetic Algorithm.

guchi. A continuación mostraremos la implementación híbrida de este método con el AG. Por último se realizarán diversas pruebas de optimización en funciones con un número elevado de variables ($N_{gen} = \{30, 100\}$) para comprobar la eficiencia del optimizador basado en la hibridación del método de Taguchi y los AGs.

3.2. El método de Taguchi

El método de diseño paramétrico de Taguchi es una herramienta muy potente para el diseño robusto. Se puede definir la robustez como el estado en el que la tecnología, productos o la eficacia de los procesos de producción son mínimamente sensibles a factores causantes de variabilidad, proporcionando el menor coste de manufactura por unidad. Las dos herramientas más importantes del método Taguchi son 1) las matrices ortogonales (MO)², que permiten estudiar muchos parámetros de diseño de forma simultánea, y 2) la relación señal ruido (SNR)³ que mide la calidad, tanto en cuanto de acerca a las especificaciones requeridas y se minimiza su variabilidad. En la experimentación en laboratorio, las MO se utilizan para determinar que combinación de factores de cada nivel se han de usar en un experimento y analizar los resultados. Estas MO son matrices de números formando filas y columnas, en las que una fila representa el nivel asignado a los factores de un experimento, y una columna los valores establecidos para un factor en concreto para los diferentes experimentos.

Usualmente se suele trabajar con MO de dos niveles, cuya nomenclatura genérica es $L_n(M^{n-1})$, con n el número de experimentos, $n - 1$ el número de columnas en la matriz (o número de factores o parámetros que intervienen en un experimento), y M indica el número de valores disponibles o niveles que un factor puede tomar. En la Tabla 3.1 se muestra un ejemplo de MO ($L_8(2^7)$), en la que existen 8 posibles experimentos determinados por la combinación específica de dos niveles (1 y 2) de 7 variables diferentes (A-G). De acuerdo con la teoría de las MO, los ocho experimentos son elegidos de forma que

²En [Leung y Wang, 2001] se puede encontrar un algoritmo para la construcción de MO de cualquier número de niveles y factores.

³Signal to Noise Ratio

estos proporcionan una comparación equilibrada de los dos posibles factores de cualquier nivel.

Cuadro 3.1: Matriz ortogonal $L_8(2^7)$

Experimento	Factores						
	A	B	C	D	E	F	G
	columna						
	1	2	3	4	5	6	7
1	1	1	1	1	1	1	1
2	1	1	1	2	2	2	2
3	1	2	2	1	1	2	2
4	1	2	2	2	2	1	1
5	2	1	2	1	2	1	2
6	2	1	2	2	1	2	1
7	2	2	1	1	2	2	1
8	2	2	1	2	1	1	2

La otra magnitud que se usa en el método de Taguchi es la SNR, que está definida en función de la desviación del valor a evaluar con respecto a las de un determinado objetivo. Se pueden encontrar diversas definiciones de la SNR dependiendo tanto del tipo de magnitud como del tipo de problema que se trate. Taguchi ha generalizado el concepto de SNR, y lo ha aplicado a la evaluación de la influencia de los posibles valores de los distintos factores involucrados en un conjunto de experimentos [Taguchi y otros, 2005]. La SNR está definida, en general, de forma que es elevada en situaciones favorables. Por ejemplo, en la aplicación de AG que se explicará más adelante, la SNR de un individuo dado (un experimento) estará definida en función del valor de la función *fitness* correspondiente a ese experimento de forma que a mejores individuos les corresponde una SNR más alta.

La SNR ayuda a convertir los diversos valores obtenidos al realizar distintos experimentos en un sólo número, que sirve como indicador de su bondad. Para ello, dados n experimentos propuestos por una MO específica, el efecto de cada

variable involucrada en el experimento ($E_{j,i}$) se define como

$$E_{j,i} = \sum_{k=1}^n \delta(\text{nivel}(j,k) - i) \text{SNR}(k), \text{ con } j = 1, \dots, N_{gen}; i = 1, 2 \quad (3.1)$$

donde se ha seguido con la notación de AG al identificar el número de variables o factores con el número de genes con el objetivo de no introducir notación adicional; j representa la variable j -ésima, k el número del experimento y el nivel tomado por la variable j en el experimento k viene dado por $\text{nivel}(j, i)$. La suma en la Ec. 3.1 sólo es realizada sobre las SNR de los experimentos en los que el factor de la variable j sea igual a i quedando esto indicado de forma explícita mediante la delta de Kronecker δ . Por ejemplo, en la MO de dos niveles de la Tabla 3.1, $E_{j,1}$ y $E_{j,2}$ pueden definirse para cualquier columna j ($j = 1, \dots, 7$); $E_{j,1}$ corresponde a la suma de las SNR de todos los experimentos en los que el nivel de la variable j es 1, y $E_{j,2}$ corresponde a experimentos en los que el nivel de la variable j es 2. A continuación se elige como nivel óptimo de cada variable j a aquella en la que el efecto $E_{j,i}$ sea mayor, de forma que si $E_{j,1} > E_{j,2}$ el nivel óptimo es el primero y el gen j -ésimo del descendiente generado será el j -ésimo del primer progenitor, en caso contrario este gen vendrá cedido por el segundo progenitor. En la siguiente sección se dará un ejemplo de este proceso.

3.3. Creación de nuevos individuos en AG mediante el método Taguchi

El método de Taguchi puede ser empleado para generar mejores descendientes mediante el cruce de dos progenitores con el mismo número de genes. Este proceso comienza con la elección aleatoria de dos individuos progenitores, χ^{p1} y χ^{p2} , cuyos genes formarán el primer y segundo nivel respectivamente, seguida de la selección de una MO apropiada $L_n(2^{n-1})$, donde $n - 1 \geq N_{gen}$. A continuación, se crean n individuos, correspondientes a cada uno de los experimentos propuestos mediante la MO, de forma que los genes del k -ésimo experimento ellos estarán asignados mediante $\chi_j^k = \chi_j^{p L_{k,j}}$. Una vez evaluados se calcula la SNR de cada experimento en función de \mathcal{F}^k y el efecto que cada gen de cada progenitor tiene sobre la SNR mediante la expresión 3.1.

Para ilustrar este proceso, consideremos el problema de encontrar el individuo $\vec{\chi}^*$ formado por $N_{gen} = 7$ números reales que minimiza la función $f = \sum_{j=1}^{N_{gen}} \chi_j^2$. En este ejemplo vamos a restringir, sin pérdida de generalidad, los valores de los genes de los individuos al intervalo $[0, 1]$. En este contexto, procedemos al cruce mediante el método de Taguchi de los dos individuos de 7 genes que se muestran en la Tabla 3.2

Cuadro 3.2: Progenitores

χ^{p1}	0.1	0.0	0.0	0.3	0.8	0.0	0.2
χ^{p2}	0.0	0.5	0.4	0.0	0.0	0.6	0.0

Una vez seleccionados los individuos progenitores, el proceso continúa con la configuración de los n experimentos (ver Tabla 3.3), ocho en este caso, y que no es sino una forma de estudiar mediante la SNR como influyen los genes paternos en las prestaciones de las soluciones.

Cuadro 3.3: Matriz de experimentos

Experimento	Genes							\mathcal{F}^k	SNR^k
	χ_1^k	χ_2^k	χ_3^k	χ_4^k	χ_5^k	χ_6^k	χ_7^k		
χ^{e1}	0.1	0.0	0.0	0.3	0.8	0.0	0.2	0.78	2.16
χ^{e2}	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.0	0.37	8.64
χ^{e3}	0.1	0.5	0.4	0.3	0.8	0.6	0.0	1.51	-3.58
χ^{e4}	0.1	0.5	0.4	0.0	0.0	0.0	0.2	0.46	6.74
χ^{e5}	0.0	0.0	0.4	0.3	0.0	0.0	0.0	0.25	12.04
χ^{e6}	0.0	0.0	0.4	0.0	0.8	0.6	0.2	1.20	-1.58
χ^{e7}	0.0	0.5	0.0	0.3	0.0	0.6	0.2	0.74	2.62
χ^{e8}	0.0	0.5	0.0	0.0	0.8	0.0	0.0	0.89	1.01
$E_{i,1}$	13.96	<u>21.25</u>	<u>14.42</u>	13.24	-1.99	<u>21.96</u>	9.93		
$E_{i,2}$	<u>14.09</u>	6.79	13.62	<u>14.81</u>	<u>30.04</u>	6.09	<u>18.11</u>		
Nivel Óptimo	2	1	1	2	2	1	2		
χ^*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	∞

Como se comentó en la sección anterior, una vez calculado el valor de \mathcal{F} para cada experimento es necesario conocer la SNR de cada experimento, que ha de ser mayor en situaciones favorables. Teniendo en cuenta esto, definimos para este ejemplo la SNR mediante la expresión [Taguchi y otros, 2005]

$$SNR^k = -20 \lg \mathcal{F}^k \quad (3.2)$$

que será mayor a medida que $\mathcal{F} \rightarrow 0$. Las SNR de cada experimento se muestran en la última columna de la Tabla 3.3 han sido obtenidos usando los valores de \mathcal{F} calculados previamente. Como era nuestra intención, valores de \mathcal{F} más cercanos a cero resultan en valores de SNR más elevados, lo que nos resultará de utilidad al establecer una regla intuitiva para identificar niveles óptimos de genes, de manera que efectos mayores denoten niveles óptimos.

Por último, para obtener el individuo descendiente mediante el método de Taguchi, queda identificar los niveles óptimos de la matriz de experimentos. Para ello se calcula el efecto de cada gen sobre el SNR mediante la expresión 3.1, que para el primer gen, el efecto del primer nivel consiste en la suma de las SNR en los cuatro primeros experimentos y el del segundo nivel de los cuatro restantes, para el segundo gen, el efecto del primer nivel se computa sumando las SNR de los experimentos $k \in \{1, 2, 5, 6\}$ y el efecto del segundo nivel el de los experimentos $k \in \{3, 4, 7, 8\}$, etc. Con este proceso ya se tienen todos los elementos necesarios para la identificación de los niveles óptimos, esto es, aquellos cuyo efecto en cada gen sea mayor (ver Tabla 3.3). El proceso termina con la creación de un individuo con los genes de los niveles óptimos en los progenitores, en este caso, el mínimo global $\chi^* = (0, 0, 0, 0, 0, 0, 0)$ formado por los genes de los niveles $(2, 1, 1, 2, 2, 1, 2)$.

A pesar de los buenos resultados obtenidos mediante la hibridación de este método con los AGs [Tsai y otros, 2004], hay ciertos aspectos de este método que merecen atención. Estos aspectos en los que fijamos nuestra atención están centrados en la eficiencia de este tipo de cruce, que como hemos visto usa $n + 1$ evaluaciones⁴ para obtener un sólo individuo en contraposición con los cruces usuales en los que solamente se evalúan los dos descendientes. Un estudio del rendimiento de este método tiene mayor importancia a medida que el número de genes se hace mayor, pudiéndose dar casos en los que la inefica-

⁴Se realiza la evaluación de n experimentos más la evaluación del individuo descendiente resultante.

cia del método pueda resultar en tiempos de computación prohibitivos o que el algoritmo quede estancado dando resultados subóptimos. En el siguiente subapartado identificamos tres situaciones en las que la eficacia del método disminuye y proponemos estrategias conceptualmente simples que solventan estos problemas.

3.3.1. Cruce alternativo usando el método de Taguchi

El método de cruce de Taguchi es un método de cruce cuya intensidad computacional supera con creces a la de los cruces usuales. Como se comentó anteriormente hemos identificado tres eventos que reducen la eficiencia de este sistema de cruce, estos son:

1. Elección de individuos de baja calidad para el cruce.
2. Elevado número de niveles con genes iguales.
3. Deficiente elección de función SNR.

En relación al primer evento, cuando el cruce sea entre individuos poco adaptados, esto es de baja calidad, resultará, en general, en descendientes que mejorarán poco o nada las prestaciones de los progenitores. Esta afirmación, aunque intuitiva, es difícil de demostrar ya que depende en gran medida de la forma de la función *fitness*. En este punto es importante resaltar el carácter general de esta hipótesis, ya que si bien es cierto que pueda darse el caso en el que soluciones alejadas del óptimo global puedan generar descendientes que sean justamente individuos óptimos globales, no es este el caso usual. Con este motivo elegiremos de forma aleatoria a un individuo del conjunto formado por todos aquellos cuya \mathcal{F} sea igual al del mejor individuo de la población como uno de los progenitores del método de Taguchi, mientras que el segundo seguirá siendo elegido al azar. En la Sección 3.5 demostraremos que esta hipótesis es correcta mediante una serie de experimentos numéricos.

Con respecto a la segunda posibilidad, resaltaremos que la mecánica del método de Taguchi es la de realizar una matriz de experimentos, ver la interacción de los distintos parámetros que definen el sistema a estudio y por último sintetizar un modelo óptimo usando esta información. En la hibridación

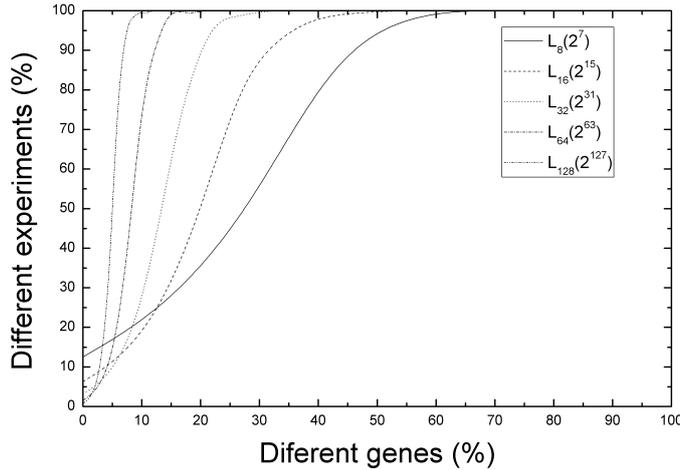


Figura 3.1: Estudio numérico de la eficiencia del uso de MO para el cruce de individuos en AG en función del número de genes diferentes.

entre este método y los AGs propuesta por Tsai *et Al*, los diseños o individuos con los que se creaba la matriz de experimentos eran elegidos aleatoriamente. Este método de alimentar el cruce mediante el método de Taguchi no parece, en principio, acarrear ningún problema de falta de eficiencia. El problema aparece cuando en la población de individuos comienzan a aparecer genes dominantes que se repiten en todos los individuos. Si aleatoriamente se eligen dos individuos con algunos de sus genes iguales puede darse el caso en el que la matriz de experimentos tenga filas redundantes, esto es experimentos que involucren los mismos genes, resultando en evaluaciones de la función \mathcal{F} innecesarias. Para conocer en que medida se realizan experimentos superfluos realizamos un experimento numérico en el que para cada MO considerada $L_n(2^{n-1})$ ($n \in \{8, 16, 32, 64, 128, 256\}$) se fuerza a que los progenitores tengan $k \in \{0, 1, 2, \dots, n-1\}$ genes diferentes, de forma que para cada k computamos el número de experimentos distintos. Para obtener resultados estadísticamente fiables hemos realizado 100 ejecuciones para cada k . En la Figura 3.1 se muestran los resultados de este estudio.

Como era de esperar, a medida que los progenitores van teniendo más genes iguales, la eficiencia del método disminuye, ya que comienzan a repetirse experimentos. Para solventar esto, hemos impuesto que los individuos progenitores tengan un porcentaje determinado de genes diferentes. Aún mejorando

los resultados, hemos descartado esta idea ya que introduce un nuevo parámetro de control en el algoritmo complicándolo de manera innecesaria. En lugar de esto modificamos la rutina de evaluación para que esta evalúe grupos de individuos⁵ completos, de manera que identifique individuos repetidos y sólo los compute su *fitness* una vez⁶. Con esto logramos un objetivo doble, por un lado mejoramos la eficiencia del cruce por medio del método de Taguchi y por otro reducimos el número global de evaluaciones, permitiendo realizar optimizaciones de sistemas en menor tiempo o bien pudiendo aumentar la complejidad de estos sin alargar excesivamente las optimizaciones.

Por último vamos a demostrar que la expresión del SNR, tanto la original logarítmica usada por Taguchi (SNR_a) como la usada en el trabajo de Tsai *et al* (SNR_b ⁷), no aprovechan las matrices de experimentos de forma óptima. Como ejemplo consideremos una matriz de experimentos con progenitores idénticos a los mostrados en la Tabla 3.2. En esta matriz de experimentos hemos usado los mismos individuos progenitores que en al Tabla 3.2 cambiando el primer gen del primer individuo de $\chi_1^{p1} = 0.1 \rightarrow \chi_1^{p1} = 10$ (ver Tabla 3.4).

Cuadro 3.4: Progenitores

χ^{p1}	10	0.0	0.0	0.3	0.8	0.0	0.2
χ^{p2}	0.0	0.5	0.4	0.0	0.0	0.6	0.0

En la Tabla 3.5 mostramos la nueva matriz de experimentos donde hemos usado para el cálculo de la SNR la forma logarítmica de la Ecuación 3.2, la cuadrática usada en [Tsai y otros, 2004] y una que proponemos definida por:

$$SNR = \mp |\mathcal{F}| \quad (3.3)$$

donde el criterio de signos es el inverso del trabajo de Tsai, de forma que el SNR siga siendo mayor en situaciones favorables.

⁵Nos referimos por grupos de individuos a poblaciones o matrices de experimentos.

⁶Esta rutina de evaluación es similar a la propuesta en [T. Back, D. B. Fogel and Z. Michalewicz, 1997] donde se sugiere evaluar únicamente a los individuos descendientes distintos a los progenitores.

⁷ $SNR_b = \mathcal{F}^{\pm 2}$, donde el + es usado para problemas de maximización y el - para los de minimización.

Cuadro 3.5: Matriz de experimentos

Experimento	Genes							\mathcal{F}^k	SNR_a^k	SNR_b^k	SNR_c^k
	χ_1^k	χ_2^k	χ_3^k	χ_4^k	χ_5^k	χ_6^k	χ_7^k				
χ^{e1}	10	0.0	0.0	0.3	0.8	0.0	0.2	100.77	-40.07	0.0001	-100.77
χ^{e2}	10	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.0	100.36	-40.03	0.0001	-100.36
χ^{e3}	10	0.5	0.4	0.3	0.8	0.6	0.0	100.50	-40.13	0.0001	-100.50
χ^{e4}	10	0.5	0.4	0.0	0.0	0.0	0.2	100.45	-40.04	0.0001	-100.45
χ^{e5}	0.0	0.0	0.4	0.3	0.0	0.0	0.0	0.25	12.04	16.000	-0.25
χ^{e6}	0.0	0.0	0.4	0.0	0.8	0.6	0.2	1.20	-1.58	0.6944	-1.2
χ^{e7}	0.0	0.5	0.0	0.3	0.0	0.6	0.2	0.74	2.62	1.8262	-0.74
χ^{e8}	0.0	0.5	0.0	0.0	0.8	0.0	0.0	0.89	1.01	1.2625	-0.89
$E_{i,1_a}$	-160.27	-69.64	-76.47	-65.54	-80.77	-67.05	-79.07				
$E_{i,2_a}$	14.09	-76.54	-69.71	-80.64	-65.41	-79.13	-67.11				
Nivel Óptimo	2	1	2	1	2	1	2	0.25	27.73		
χ_a^*	0.0	0.0	0.4	0.3	0.0	0.0	0.0				
$E_{i,1_b}$	0	16.69	3.09	17.83	1.96	17.26	2.52				
$E_{i,2_b}$	19.78	3.09	16.69	1.96	17.83	2.52	17.26				
Nivel Óptimo	2	1	2	1	2	1	2	0.25	16		
χ_b^*	0.0	0.0	0.4	0.3	0.0	0.0	0.0				
$E_{i,1_c}$	-403.08	-202.58	-202.76	-203.26	-204.36	-202.36	-203.16				
$E_{i,2_c}$	-3.08	-203.58	-203.40	-202.90	-201.80	-203.80	-203.00				
Nivel Óptimo	2	1	1	2	2	1	2				
χ_c^*	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0				0.0

En este ejemplo podemos comprobar como tras realizar la matriz de experimentos, dos de las elecciones para la expresión del SNR, SNR_a y SNR_b , llevan a una solución subóptima mientras que con la expresión que hemos propuesto para el SNR, SNR_c , se calculan los efectos E_{i,j_c} de los que resultan los niveles óptimos para generar el individuo óptimo global $\chi_c^* = (0, 0, 0, 0, 0, 0, 0)$.

Para demostrar que esta afirmación no está basada en una elección particular de los individuos progenitores ni de las propiedades de la función *fitness* elegida, vamos a realizar otra serie de experimentos para demostrar que la elección del valor absoluto de \mathcal{F} como indicador de calidad es superior al de las otras dos opciones. En estos experimentos, partiendo de dos individuos, uno generado al azar mientras que el otro es el óptimo global; se crean los dos individuos progenitores del cruce Taguchi mezclando de forma aleatoria los genes de estos individuos. Consideraremos que un experimento ha tenido éxito si, mediante el método de Taguchi, somos capaces de recuperar lo genes del óptimo global que previamente fueron mezclados al azar. La serie de experimentos con mayor número de éxitos determinará que definición de SNR es más apropiada para esa función *fitness*. En el Algoritmo 11 se muestra el pseudocódigo de estos experimentos.

Algoritmo 11 Experimento sobre la idoneidad de la definición del SNR

- 1: Elección de MO $L_n(2^{n-1})$
 - 2: $ex=0$ \triangleright La variable ex contabilizará las veces en las que por medio de la matriz de experimentos se encuentra el individuo óptimo global.
 - 3: **for** $i \leftarrow 1, N_r$ **do** \triangleright Realizamos N_r ejecuciones para obtener resultados robustos
 - 4: $\chi_j^{p1} \in [x_j^{min}, x_j^{max}]$; $j = \{1, 2 \dots, N_{gen}\}$ \triangleright Creamos un individuo de forma aleatoria
 - 5: $\bar{\chi}_j^{p2} = \bar{\chi}^*$ \triangleright El otro es el individuo óptimo global
 - 6: **for** $j \leftarrow 1, n-1$ **do** \triangleright Generación de la entrada de la matriz de experimentos
 - 7: **if** $u < 0,5$ **then** \triangleright De forma aleatoria intercambiamos genes
 - 8: $\chi_j^{p1} \leftarrow \chi_j^{p2}$
 - 9: $\chi_j^{p2} \leftarrow \chi_j^{p1}$
 - 10: $\bar{\chi}^{taguchi} \leftarrow \text{Taguchi}(\bar{\chi}^{p1}, \bar{\chi}^{p2}, \mathcal{F}, SNR_o, L_n(2^{(n-1)}))$ \triangleright El subíndice “o” indicará la opción usada en la definición de SNR
 - 11: **if** $\bar{\chi}^{taguchi} = \bar{\chi}^*$ **then** \triangleright Actualizamos el valor de ex si el experimento ha tenido éxito
 - 12: $ex \leftarrow ex + 1$
-

Como funciones *fitness* vamos a utilizar las que aparecen en la Tabla 3.6, que constituyen un conocido banco de pruebas usado por la mayoría de los investigadores algoritmos de optimización numérica como piedra de toque para validar la eficiencia de sus algoritmos [Tsai y otros, 2004; Leung y Wang, 2001; Michalewicz, 1996; Renders y Bersini, 1994]. Este grupo de funciones supone un reto exigente para estos algoritmos al presentar discontinuidades, regiones no derivables, multiples máximos locales, ruido dinámico, etc.

Cuadro 3.6: Banco de prueba de Algoritmos de Optimización

Función	Espacio de soluciones	N	Mínimo Global
$f_1 = \sum_{j=1}^N (-x_j \sin(\sqrt{ x_j }))$	$[-500, 500]^N$	30	-12569.5
$f_2 = \sum_{j=1}^N (\chi_j^2 - 10 \cos(2\pi\chi_j) + 10)$	$[-5, 12, 5, 12]^N$	30	0
$f_3 = -20 \exp\left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \chi_j^2}\right) - \exp\left(\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \cos(2\pi\chi_j)\right) + 20 + \exp(1)$	$[-32, 32]^N$	30	0
$f_4 = \frac{1}{4000} \sum_{j=1}^N \chi_j^2 - \prod_{j=1}^N \cos\left(\frac{\chi_j}{\sqrt{j}}\right) + 1$	$[-600, 600]^N$	30	0
$f_5 = \frac{\pi}{N} \left\{ 10 \sin^2(\pi y_1) + \sum_{j=1}^{N-1} (y_j - 1)^2 [1 + 10 \sin^2(10\pi y_{j+1})] + (y_N - 1)^2 \right\} + \sum_{j=1}^N u(\chi_j, 10, 100, 4)$ donde $y_j = 1 + \frac{1}{4}(\chi_j + 1)$ y $u(\chi_j, a, k, m) = \begin{cases} k(\chi_j - a)^m & \chi_j > a \\ 0 & -a \leq \chi_j \leq a \\ k(-\chi_j - a)^m & \chi_j < -a \end{cases}$	$[-50, 50]^N$	30	0
$f_6 = \frac{1}{10} \left\{ \sin^2(3\pi x_1) + \sum_{j=1}^{N-1} (\chi_j - 1)^2 [1 + \sin^2(3\pi x_{j+1})] + (x_N - 1)^2 [1 + \sin^2(2\pi x_N)] \right\} + \sum_{j=1}^N u(\chi_j, 5, 100, 4)$	$[-50, 50]^N$	30	0
$f_7 = -\sum_{j=1}^N \sin(\chi_j) \sin^{20}\left(\frac{j \times \chi_j^2}{\pi}\right)$	$[0, \pi]^N$	100	-99.4032
$f_8 = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \{\chi_j^4 - 16\chi_j^2 + 5\chi_j\}$	$[-5, 5]^N$	100	-78.3323
$f_9 = \sum_{j=1}^{N-1} (100(\chi_j^2 - x_{j+1})^2 + (\chi_j - 1)^2)$	$[-5, 10]^N$	30	0
$f_{10} = \sum_{j=1}^N \chi_j^2$	$[-100, 100]^N$	30	0
$f_{11} = \sum_{j=1}^N \chi_j^4 + \text{random}[0, 1)$	$[-1, 28, 1, 28]^N$	30	0
$f_{12} = \sum_{j=1}^N \chi_j + \prod_{j=1}^N \chi_j $	$[-10, 10]^N$	30	0
$f_{13} = \sum_{j=1}^N \left(\sum_{i=1}^j \chi_i \right)$	$[-100, 100]^N$	30	0
$f_{14} = \max\{ \chi_i , i = 1, 2, \dots, N\}$	$[-100, 100]^N$	30	0

Los resultados de esta serie de experimentos pueden verse en la Figura 3.2, donde se representa el número relativo de veces que se reconstruye el individuo óptimo global. Es clara la superioridad de la definición SNR_c ya que, salvo en las funciones $f_9, f_{11}, f_{13}, f_{14}$ donde en ninguna ocasión se alcanza el objetivo perseguido, no es superada en eficiencia por SNR_a ni por SNR_b . Hay que añadir que aunque para algunas funciones no se finalice con éxito el experimento en ninguna ocasión, en todos ellos se mejora la función fitness de los progenitores, o dicho de otro modo, no se reconstruye el individuo óptimo global pero si se obtiene uno mejor que los dos progenitores.

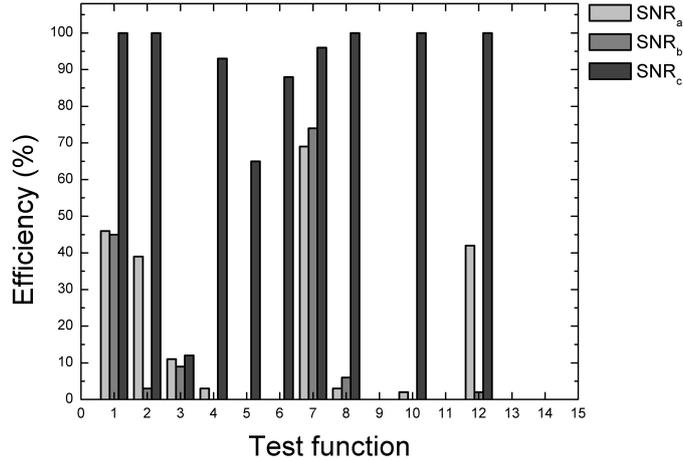


Figura 3.2: Comparativa de la eficiencia del método de Taguchi usando distintas funciones para definir el SNR.

3.4. Cuerpo principal del Algoritmo

Antes de realizar el estudio del comportamiento del ε HTGA⁸ ante el cambio de parámetros u operadores, vamos a describir la estructura del código (ver Algoritmo 12), que no es más que el código Algoritmo 1 moificado para

⁸Para diferenciar el algoritmo que proponemos del original de Tsai, denotamos con ε el carácter elitista de la elección de progenitores en el cruce Taguchi, frente al aleatorio del HTGA.

aprovechar evaluaciones de individuos ya realizadas. En la mayoría de las implementaciones de AG, los descendientes resultantes del cruce y la mutación sustituyen a los progenitores⁹ constituyendo la población de la nueva generación que deberá ser evaluada al completo. Los AG con este esquema realizan evaluaciones superfluas al volver a computar la *fitness* de individuos que pasan sin modificaciones¹⁰ de una generación a la siguiente. Para evitar realizar estas evaluaciones innecesarias hemos optado por un esquema similar al usado por [Back y otros, 1991] denominado AG ($\mu + \lambda$) en el que N_{pop} progenitores seleccionados de \vec{P} generan una población de descendientes \vec{Q} formada por $N_{pop} \times p_c$ individuos resultantes del cruce y $N_{pop} \times p_m$ generados por medio del operador mutación. De estos $N_{pop} \times (1 + p_c + p_m)$ individuos se seleccionan los N_{pop} mejores individuos que serán los que compondrán la población \vec{P}^{t+1} de la siguiente generación. Por otro lado, como comentamos en la Sección 3.3.1, a diferencia del algoritmo HTGA de Tsai [Tsai y otros, 2004] donde la generación de descendientes mediante el método de Taguchi se realizaba entre el cruce y la mutación eligiendo a los dos padres de forma aleatoria, en el algoritmo que proponemos, uno de los dos progenitores es el mejor individuo de la población¹¹ y el otro cualquiera de la población elegido al azar. La estrategia de selección de individuos que acabamos de describir obliga a tener evaluados a todos los individuos antes de realizar el cruce por medio del método de Taguchi, que más que un impedimento, constituye una ventaja, ya que podemos implementar este cruce dentro de la rutina de generación de nueva población dejando inalterada la estructura modular del AGC, donde se realizan bucles del siguiente esquema lineal:

$$\vec{P}^t \xrightarrow{\text{Op. genéticos}} \vec{Q} \xrightarrow{\text{Nueva población}} \vec{P}^{t+1} \quad (3.4)$$

En el estudio que se realizará en la siguiente sección, aparte de demostrar que, en general, es preferible usar como uno de los progenitores en los cruces mediante el método de Taguchi al mejor individuo encontrado hasta el momento, se verá el comportamiento del algoritmo al cambiar los operadores o parámetros usados ($p_m, p_c, N_{pop} \dots$). Habiendo sido explicados con anterioridad

⁹A este esquema se le conoce como AG (μ, λ).

¹⁰Existe la posibilidad $((1 - p_c) \times (1 - p_m))$ que un descendiente no varíe su genotipo, donde p_c y p_m son las probabilidades de cruce y mutación.

¹¹En el caso de que hubiese más de un individuo con la misma *fitness*, se elegiría uno de estos de forma aleatoria.

Algoritmo 12 Cuerpo principal del ε HTGA

- 1: Creación de \vec{P} ▷ Creación de población inicial
 - 2: $\mathcal{F}^{\vec{P}} \leftarrow$ Evaluación(\vec{P})
 - 3: $\vec{Q} \leftarrow$ Operadores genéticos($\vec{P}, \mathcal{F}^{\vec{P}}$) ▷ aplicación de selección, cruce y mutación para crear una nueva población
 - 4: $\mathcal{F}^{\vec{Q}} \leftarrow$ Evaluación(\vec{Q})
 - 5: **while** Finalizar==False **do**
 - 6: $\vec{P}^{t+1} \leftarrow$ Nueva población($\vec{P}, \mathcal{F}^{\vec{P}}, \vec{Q}, \mathcal{F}^{\vec{Q}}$) ▷ Selección de los individuos N_{pop} más aptos de $\vec{R} = \vec{P} \cup \vec{Q}$ y generación de descendientes mediante el método Taguchi
 - 7: $\vec{Q} \leftarrow$ Operadores genéticos($\vec{P}, \mathcal{F}^{\vec{P}}$) ▷ aplicación de selección, cruce y mutación para crear una nueva población
 - 8: $\mathcal{F}^{\vec{Q}} \leftarrow$ Evaluación(\vec{Q})
 - 9: **if** Objetivo Alcanzado **then**
 - 10: Finalizar \leftarrow True
 - 11: $t \leftarrow t + 1$
-

el funcionamiento de todos los operadores que se van a utilizar, y el significado de los parámetros que vamos a variar, sólo queda explicar que procesos llevamos a cabo para generar una nueva población de individuos. Para ello vamos a hacer uso del pseudocódigo que mostramos en el Algoritmo 13.

Algoritmo 13 Generación de nueva población

- 1: $\vec{R} \leftarrow \vec{P}^t \cup \vec{Q}$ ▷ Unión de la población de la generación anterior con la población de descendientes
 - 2: $\vec{T} \leftarrow$ Cruce Taguchi($\vec{\chi}^{p1}, \vec{\chi}^{p2}$), con $\vec{\chi}^{p1}, \vec{\chi}^{p2} \in \vec{R}$ ▷ Se realiza el cruce mediante el método Taguchi
 - 3: $\vec{R} \leftarrow \vec{R} \cup \vec{T}$ ▷ Actualización la población \vec{R} con los descendientes obtenidos
 - 4: $\vec{R} \leftarrow$ Sort(\vec{R}) ▷ Se ordena la población en función de su \mathcal{F}
 - 5: $\vec{P}^{t+1} \leftarrow$ Elitismo($\vec{R}, \mathcal{F}^{\vec{P}}$) ▷ Se crea la nueva población con elementos de \vec{R}
-

Este operador une las poblaciones ya evaluadas de la generación anterior (\vec{P}^t) y de los descendientes (\vec{Q}), en una sola única (\vec{R}), de la que se irán sacando individuos para realizar tantas matrices de experimentos como individuos descendientes se deseen obtener por el método Taguchi. A continuación se insertan estos individuos en la población \vec{R} , de la que forman parte todos los individuos de la pasada generación y los descendientes creados, de los cuales se

seleccionan los N_{pop} mejores individuos que pasarán a la siguiente iteración del algoritmo como la población \vec{P}^{t+1} . Parece trivial que la forma de elegir estos individuos debe ser la de ordenar los individuos de \vec{R} de acuerdo con su grado de adaptación y tomar los N_{pop} primeros, sin embargo existen situaciones en las que esto puede no ser lo más adecuado. En funciones no inyectivas podemos encontrarnos con una población de individuos totalmente diferentes con la misma *fitness*. Como ejemplo veamos el caso de la minimización de la función $f_{14} = \max\{|\chi_j|, i = 1, 2, \dots, N\}$ con dominio $\chi \in [-100, 100]^N$. Ahora suponemos que en todos los individuos de la población aparece el gen $\chi_j = 100$ o el $\chi_j = -100$ con el resto de genes diferentes, en esta situación el valor de $f_{14}^k = 100, \forall k = 1, \dots, N_{pop}$. Si aplicamos una rutina que ordene los individuos de menor a mayor \mathcal{F} , el primero de esta lista de individuos ordenados será el primero individuo de la población y lo mismo ocurrirá con el resto de individuos, esto es, no hay clasificación porque todos los individuos son iguales ante el orden total “comparar la *fitness*”. Ante esta tesitura la primera opción para solventar la ausencia de un orden de soluciones es elegir el número necesario de estas al azar, sin embargo, es más útil ordenar los individuos con igual *fitness* en función de lo concurrido que esté su entorno del espacio fenotípico. De esta forma, a igual valor de \mathcal{F} , pasarán a la siguiente generación aquellos individuos que se encuentren más aislados en el espacio de búsqueda, esto es, con cualidades diferentes. De esta forma se implementa una técnica que además de asegurar elitismo, preserva la diversidad genética. En el Algoritmo 14 se muestra el esquema de este operador, donde la de estimación de distancia entre individuos es una variación¹² del método ideado por Deb [Deb y otros, 2002] y será explicado más adelante cuando detallemos el funcionamiento del algoritmo NSGAI en el Capítulo 4.

3.5. Experimentos numéricos con ε HTGA

El estudio del comportamiento numérico de un algoritmo de optimización frente a problemas de solución conocida evaluando sus virtudes y posibles puntos débiles resulta de vital importancia para asegurar el éxito de futuras aplicaciones del optimizador en problemas prácticos. Para ello, en esta sec-

¹²En lugar de estimar distancias fenotípicas en este caso estimamos distancias genotípicas.

Algoritmo 14 Elitismo

- 1: $\vec{P}^{t+1} \leftarrow \emptyset, \vec{G} \leftarrow \emptyset$
 - 2: **while** $|\vec{P}^{t+1} \cup \vec{G}| < N_{pop}$ **do** \triangleright Se van metiendo grupos de individuos con igual *fitness* en la población de la siguiente generación
 - 3: $\vec{G} \leftarrow \text{mejores}(\mathcal{F}^{\vec{R}}, \vec{R})$ $\triangleright \vec{G} = \{\vec{\chi}^i \in \vec{R} / \mathcal{F}^i = \min \mathcal{F}^k, k = 1, \dots, |\vec{R}|\}$, todos los individuos de \vec{R} con *fitness* mínima
 - 4: $\vec{P}^{t+1} \leftarrow \vec{P}^{t+1} \cup \vec{G}$
 - 5: $\vec{R} \leftarrow \vec{R} - \vec{G}$ \triangleright Retiro los individuos de \vec{R} introducidos en \vec{P}^{t+1}
 - 6: $\vec{dist} \leftarrow$ estimación de distancia entre individuos(\vec{G}) \triangleright Cuando no cabe un grupo entero se estima la distancia genotípica entre individuos
 - 7: Clasificar(\vec{G}, \vec{dist}) \triangleright Se ordenan los individuos en función de la distancia fenotípica en orden decreciente
 - 8: $\vec{P}^{t+1} = \vec{P}^{t+1} \cup \vec{G}(1 : N_{pop} - |\vec{P}^{t+1}|)$ \triangleright Se añaden los individuos más aislados
-

ción realizaremos experimentos numéricos encaminados a resolver las siguientes cuestiones:

1. ¿Es computacionalmente eficiente la implementación del método de Taguchi como operador auxiliar de cruce? Para responder a esta cuestión realizaremos experimentos tomando como operadores genéticos y parámetros constitutivos del algoritmo (N_{pop}, p_m, p_c) los mismos que en el trabajo de Tsai.
2. En la bibliografía se demuestra que, en general, el operador de selección por torneo binario da mejores resultados que el de ruleta [Goldberg y Deb, 1991], ¿ocurre lo mismo en esta implementación híbrida de AGs con el método de Taguchi?
3. ¿Que influencia tiene los parámetros constitutivos del algoritmo en el rendimiento del algoritmo?

Un experimento está definido por una configuración particular del algoritmo, esto es, de operadores y parámetros con la que se tratará de encontrar el óptimo global de cada una de las funciones de la Tabla 3.6. Por lo tanto, un experimento tendrá como entrada una configuración del algoritmo y como salida su rendimiento, que será medido mediante dos magnitudes

- El número de evaluaciones de la función $fitness(N_{ev})$ necesario para alcanzar el óptimo global.
- El error entre el valor óptimo encontrado y el óptimo global ($\Gamma = |\mathcal{F}^e - \mathcal{F}^*|$)¹³.

Por otro lado, para comprender como se desarrolla el proceso evolutivo en las distintas configuraciones y que operadores llevan el peso de la optimización, vamos a registrar la evolución de la *fitness* del mejor individuo encontrado y de la media de la población, así como el mejor individuo de entre los descendientes generados mediante los operadores de cruce usual, mediante el cruce basado en el método Taguchi y mutación. Para obtener resultados estadísticamente robustos realizaremos 50 ejecuciones independientes de cada función objetivo e iremos salvando el valor de N_{ev} y de Γ de cada experimento para su posterior análisis, y promediaremos las curvas de evolución de Γ . Con el objetivo de presentar los datos de forma intuitiva haremos uso de los diagramas de cajas (ver Fig. 3.3), muy usados en el ámbito de los algoritmos de optimización ya que permiten comprobar el rendimiento de los mismos de forma visual. En un diagrama de cajas se muestra toda la información estadística de un conjunto de datos, como los valores máximos (Δ) y mínimos (∇), la media (\square), los valores del primer cuartil (Q1), mediana (Q2) y tercer cuartil (Q3), así como información de datos que se encuentran numéricamente alejados del resto, conocidos como valores atípicos¹⁴.

En el estudio que vamos a realizar, el criterio de terminación que dictaminará cuando finaliza una ejecución del optimizador será el mismo que en [Tsai y otros, 2004], esto es, una optimización de una de las funciones prueba usadas termina cuando la *fitness* del mejor individuo es mejor que la media alcanzada en [Leung y Wang, 2001] o supera el número máximo de evaluaciones que el algoritmo de este mismo trabajo emplea en obtener dicha media. En las ocasiones en que el algoritmo encuentre el óptimo global antes de llegar al número límite de evaluaciones representaremos en diagramas de cajas el número de llamadas a la función f , en caso contrario se representará Γ . De esta manera

¹³ \mathcal{F}^e y \mathcal{F}^* son el valor de la función *fitness* del mejor individuo encontrado y del óptimo global respectivamente

¹⁴Un dato se considera atípico si se encuentran $1,5 \times (Q_3 - Q_1)$ por encima de Q_3 o por debajo de Q_1

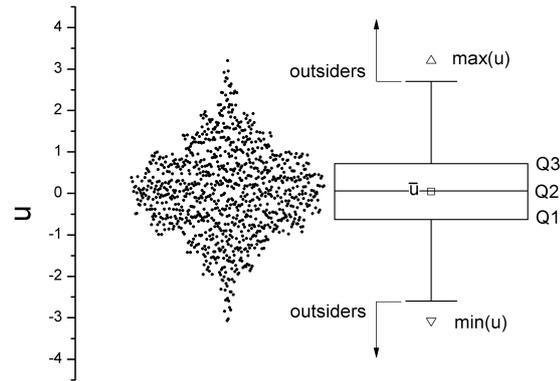


Figura 3.3: Ejemplo de diagrama de cajas en el que se ha usado como datos un conjunto de números aleatorios de una distribución normal. Por motivos de ilustración se ha añadido la nube de puntos con la que se ha elaborado el diagrama.

seremos capaces de dictaminar que configuración del algoritmo presente mejor rendimiento.

A continuación presentaremos cada uno de los experimentos que proponemos para responder las cuestiones formuladas al inicio de esta sección.

3.5.1. Eficiencia computacional del cruce Taguchi

En este apartado queremos demostrar que la aplicación del método de Taguchi como operador de cruce resulta en una mejora de las prestaciones de los AG. Con esta idea en mente hemos propuesto una serie de experimentos en las que, manteniendo el resto de parámetros y operadores fijos, realizamos optimizaciones variando dos parámetros relacionados con el cruce mediante el método de Taguchi, por un lado el número de descendientes creados y por otro el modo de elección de los progenitores. Como comentamos en el Apartado 3.3.1, los progenitores pueden ambos ser elegidos al azar o determinar que uno de ellos sea alguno de los individuos con \mathcal{F} igual al del mejor individuo

encontrado hasta el momento. En este estudio usaremos los mismos parámetros y operadores que en el trabajo de Tsai. Con esto, los parámetros y operadores que mantendremos fijos en este caso serán los siguientes:

- Selección por ruleta.
- Cruce híbrido aritmético *one point crossover* (Ver Apartado 2.7.2).
- Mutación de combinación convexa.
- Población de $N_{pop} = 200$ individuos.
- Probabilidades de cruce y mutación $p_c = 0,1$ y $p_m = 0,02$ respectivamente¹⁵.

El número de descendientes generados y la estrategia de selección de los progenitores en el cruce por medio del método Taguchi que definen esta serie de experimentos, que hemos etiquetado con letras de la A a la E, se muestran en la siguiente tabla:

Experimento	A	B	C	D	E
Número de descendientes mediante Método Taguchi	0	1	1	5	5
Estrategia de selección de progenitores	-	Al.	El.	Al.	El.

donde las estrategia de selección de progenitores aleatoria se denota *Al* y aquella en la que un progenitor es el mejor individuo encontrado hasta el momento *El*. El número de descendientes elegido ha sido por distintos motivos, por un lado hemos anulado la acción del operador de cruce mediante el método de Taguchi, no asignando la creación de ningún descendiente por este método, por lo que el algoritmo en el experimento A no es más que un AGC con una estrategia elitista incorporada. En segundo lugar, hemos querido comprobar si la probabilidad de generación de descendientes por el método de Taguchi, $\frac{1}{4}p_c$ [J.-T. Tsai, T.-K Liu and J.-H. Chou, 2006] equivalente a 5 individuos, es excesiva en nuestra implementación. Para ello hemos realizado experimentos

¹⁵Equivalentes en este algoritmo a 20 descendientes por cruce y cuatro generados por mutación.

reduciendo esta tasa de forma que solamente se genere un único individuo por este tipo de cruce por cada generación.

En la Figura 3.4 mostramos los resultados de esta serie de experimentos en forma de diagramas de cajas del número de evaluaciones en cada experimento para el grupo de soluciones en el que el algoritmo ha encontrado el óptimo global antes de que se hayan alcanzado el número máximo de evaluaciones de la función objetivo. En la Figura ?? se representa, de igual forma en diagramas de cajas, la distancia a la que se encuentra la solución encontrada del óptimo global.

Como se puede observar, no se observa un único comportamiento para todas las funciones objetivo estudiadas, sino que en algunas funciones una configuración del algoritmo se comporta de forma óptima y en otra es preferible usar otra configuración ya que presenta mejores resultados. Entrando en detalle en algunas de las funciones, podemos comentar la superioridad del AGs con el método de Taguchi en la mayoría de las funciones, salvo en cuatro de ellas, la f_9 , f_{11} , f_{13} , f_{14} ¹⁶. Este hecho puede dar pistas sobre las limitaciones de la implementación del método Taguchi como operador de cruce en AGs. Por un lado, y comenzando en orden inverso al citado, la causa de la derrota de los algoritmo híbridos frente al AGC con elitismo en las funciones f_{13} y f_{14} podría estar en el fuerte carácter epistático¹⁷ de estas [Mutoh y otros, 2003]. En f_{11} ninguna de las configuraciones alcanza el objetivo fijando en el número de evaluaciones límite, sin embargo el método de Taguchi parece disminuir la tasa de convergencia. En este punto debemos añadir que, aún superando a los AGC con elitismo, los métodos híbridos tampoco encuentran el óptimo global en el número límite de evaluaciones en la función f_9 , pudiendo deberse de igual forma a su fuerte carácter epistático [Mutoh y otros, 2003]. Con f_9 se cierra el conjunto de funciones que en el experimento realizado mediante el Algoritmo 11 dieron resultados negativos (ver Fig. 3.2). La explicación de la superioridad de los AGCs frente a los algoritmos híbridos en la función f_8 requiere otro razonamiento. En la mayoría de las funciones objetivo propuestas, el óptimo global está formado por números enteros ($\vec{\chi}^* \in \{0, 1, -1\}$), mientras que en esta fun-

¹⁶En la función f_7 se produce prácticamente un empate, ya que la diferencia entre el AGC y el $\varepsilon HTGA$ es de apenas unos cientos evaluaciones a favor de este último.

¹⁷De nuevo se ha adoptado un término del área de la genética, denominando epistasis al fenómeno en el cual unos genes enmascaran la expresión de otro. Para más detalles ver [Naudts y Verschoren, 1999].

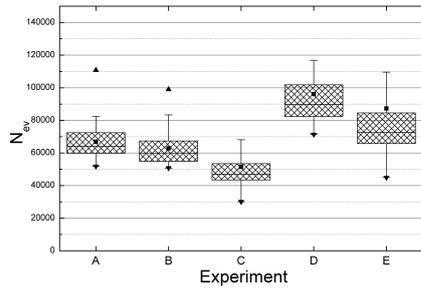
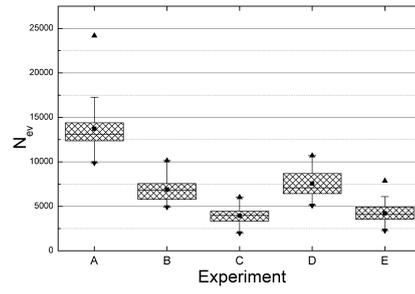
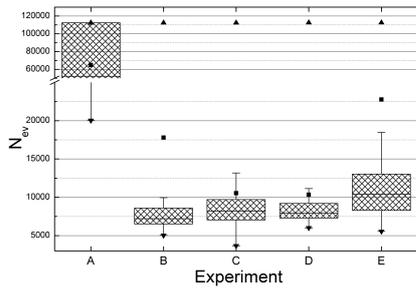
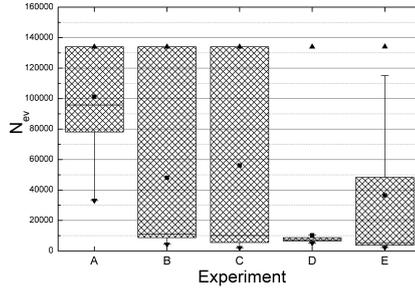
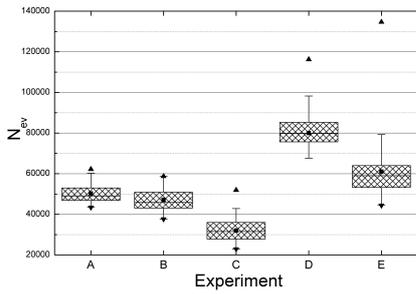
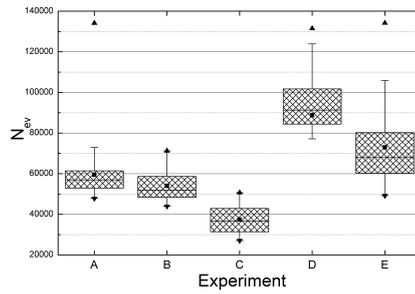
(a) f_1 (b) f_2 (c) f_3 (d) f_4 (e) f_5 (f) f_6

Figura 3.4: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se ha alcanzado el objetivo antes del límite de evaluaciones impuesto por el criterio de terminación.

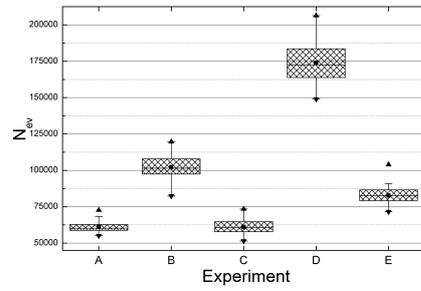
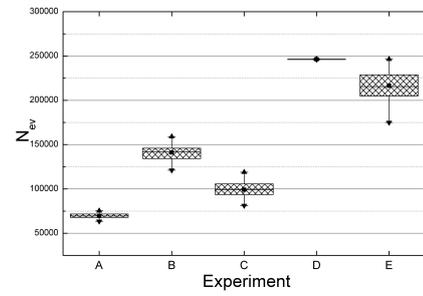
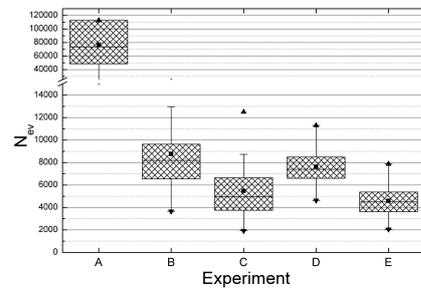
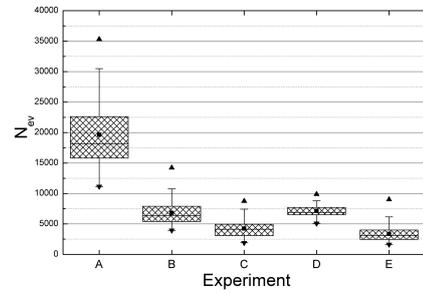
(g) f_7 (h) f_8 (i) f_{10} (j) f_{12}

Figura 3.4: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se ha alcanzado el objetivo antes del límite de evaluaciones impuesto por el criterio de terminación (Continuación).

ción, al igual que en f_1 y f_7 , la solución está formada por cadenas de números reales, teniendo el algoritmo que afinar para encontrar el óptimo global. La razón por la que en estas funciones el rendimiento de los AGCs y el $\varepsilon HTGA$ con único descendiente por Taguchi es similar se debe, en parte, a la forma de generar la población que hemos adoptado¹⁸, en la que un gen de la población inicial toma valores entre los en la forma $\chi_j = x^{min} + u \times (x^{max} - x^{min})$ con $u \in \{0, 0,1, 0,2, \dots, 1\}$. Esta forma de generar la población inicial da lugar, con una probabilidad de $\frac{1}{11}$, a la aparición del gen óptimo en una posición del cromosoma del individuo. Esto se traduce, en que si se encuentran los genes óptimos dispersos en la población, el cruce por medio del método de Taguchi es una excelente forma de recombinarlos para obtener el óptimo global. En cambio, si la solución óptima precisa de una elevada precisión el este cruce no es eficiente, ya que no genera nuevos genes, sino que sólo recombina los ya existentes. Prueba de esto es que, si introducimos un gen óptimo por individuo a la hora de generar la población en las funciones f_1 , f_7 y f_8 , se reduce el número de evaluaciones del $\varepsilon HTGA$ del experimento C en unas 30000, 10000 y 20000 (un 60 %, 17 % y 20 % respectivamente), permaneciendo el número de evaluaciones realizadas por el AGC del experimento A prácticamente estable (apenas varía en un 1.5 %). Por otro lado, si modificamos el espacio de búsqueda de forma que no sea simétrico con respecto a la solución, por ejemplo en f_{10} cambiamos $[-100, 100]^{N_{gen}} \rightarrow [-100, 80]^{N_{gen}}$ de forma que no exista posibilidad de generar de forma directa genes óptimos ($\chi_j^* = 0$), las prestaciones del algoritmo híbrido se degradan notablemente.

Dejando de lado por un momento la cuestión de la eficiencia de la hibridación en sí, y pasando a la verificación de la hipótesis que formulamos en el Apartado 3.3.1, que si recordamos consistía en la elección como uno de los progenitores a de los individuos cuya fitness sea la mejor encontrada hasta el momento, podemos comprobar que los experimentos C-E (elección elitista de progenitores) superan a los B-D (elección aleatoria de progenitores). De forma cualitativa podemos ver este resultado creando una clasificación de las configuraciones en función del puesto que ocupan según su rendimiento, asignando un 1 a la mejor configuración, un dos a la segunda, y continuando hasta asignar un 5 a la peor configuración de en esta serie de experimentos. Representando esta clasificación, de nuevo en un diagrama de cajas que mostramos en la Figura 3.5, podemos identificar como la mejor configuración con menor puntuación,

¹⁸La misma que en [Tsai y otros, 2004]

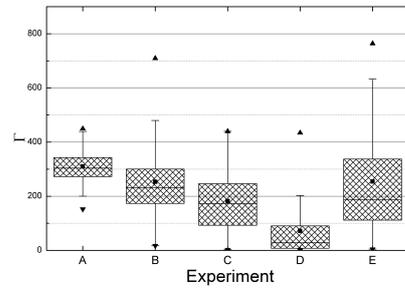
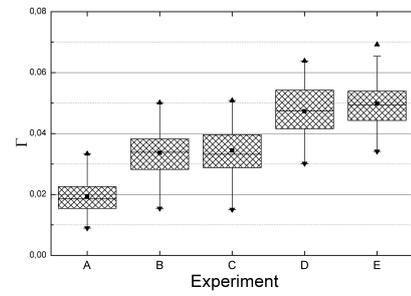
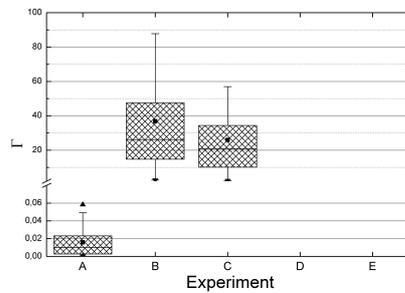
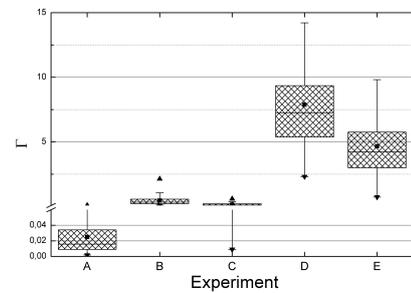
(k) f_9 (l) f_{11} (m) f_{13} (n) f_{14}

Figura 3.4: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se aplicó el número máximo de evaluaciones como criterio de terminación (Continuación).

además de menor dispersión en ella, como la configuración C.

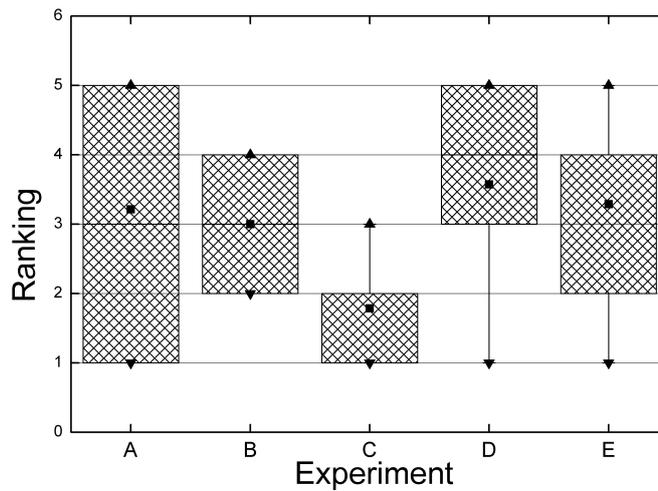


Figura 3.5: Representación cualitativa del rendimiento de distintas configuraciones del algoritmo híbrido de AGs con el método de Taguchi.

En el siguiente párrafo vamos a estudiar la dinámica de la optimización en algunas de las funciones que hemos comentado anteriormente y que representamos en la Figura 3.6. Hemos querido mostrar aquellas que nos puedan dar información sobre los problemas a los que se enfrenta el algoritmo híbrido a la hora de afrontar problemas de optimización global. Comenzando por consideraciones generales, para luego comentar cada una de las gráficas de esta figura forma individual, podemos constatar la superioridad del experimento C en todas las funciones propuestas menos en f_{13} y f_{14} , en las que el carácter epistático de estas funciones es tal, que el cruce mediante el método de Taguchi no hace otra cosa más que consumir recursos computacionales en forma de evaluaciones de la función fitness sin proporcionar mejora significativa a la tasa de convergencia. Otro fenómeno destacable que puede observarse de la dinámica de la optimización en estas funciones es el comportamiento prácticamente idéntico de las configuraciones B y C por una lado, y D y E por el otro, en otras palabras, en estas funciones es indiferente elegir los progenitores de forma aleatoria o mediante el método elitista (ver Figs. 3.6(g) y 3.6(h)). La explicación a este hecho puede estar en la ineficiencia del método ante estas funciones prueba, de forma que al no avanzar hacia el óptimo global de forma decidida, lo único que ocurre cuando se aplica el cruce mediante el método de

Taguchi es, como hemos comentado, el gasto de evaluaciones de la función objetivo, que es el mismo en las configuraciones B y C, y D y E, provocando una dinámica similar. Un factor que puede apoyar esto es la forma de las curvas de Γ en estas funciones, como podemos observar (de nuevo, ver Figs. 3.6(g) y 3.6(h)) la forma de Γ en todos los casos es la misma, asemejándose todas ellas a la del experimento A, esto es, el experimento en el que el optimizador es el AGC con elitismo. Lo quiere decir esto es que son los operadores genéticos y no el método de Taguchi los que llevan el peso de la optimización.

En otras funciones, como en f_7 que podemos ver en la Figura 3.6(c) el cruce mediante el método Taguchi hace que se encuentren zonas de muy buena *fitness* mucho antes que el resto de configuraciones, sin embargo, tal y como hemos comentado este cruce no genera diversidad por lo que se consumen evaluaciones de la función objetivo hasta que algún operador genético introduzca en la población el gen necesario para alcanzar el óptimo deseado, hecho que se ve reflejado en la poca pendiente de la curva Γ , situación también observada en el caso de la función f_8 reflejado en la Figura 3.6(d).

Como conclusión de este estudio señalar la potencia del método híbrido de AGs y el método de Taguchi, ya que mediante su implementación es posible reducir el tiempo de computación de forma considerable. Sin embargo hemos detectado dos situaciones en las que, o bien las ventajas que aporta se ven contrarrestadas debido a su elevado coste computacional por descendiente creado, o directamente su rendimiento es peor que el del AGC. Por un lado, el método de Taguchi tiene dificultades con funciones de carácter epistático fuerte y, por otro es dependiente de la existencia de los genes que forman el óptimo global en la población, ya que por su estructura, no crea nuevos genes, sino que recombina los ya existentes en la población de forma adecuada.

En el siguiente apartado vamos a demostrar que la elección de operador de selección en [Tsai y otros, 2004] puede ser mejorada. Para ello, haremos una nueva serie de experimentos intercambiando el operador de selección mediante ruleta por uno basado en torneo binario.

3.5.2. Sobre el operador de selección

En AG se han usado tradicionalmente dos tipos de operador de selección, el conocido como selección por ruleta en el que los individuos son seleccionados

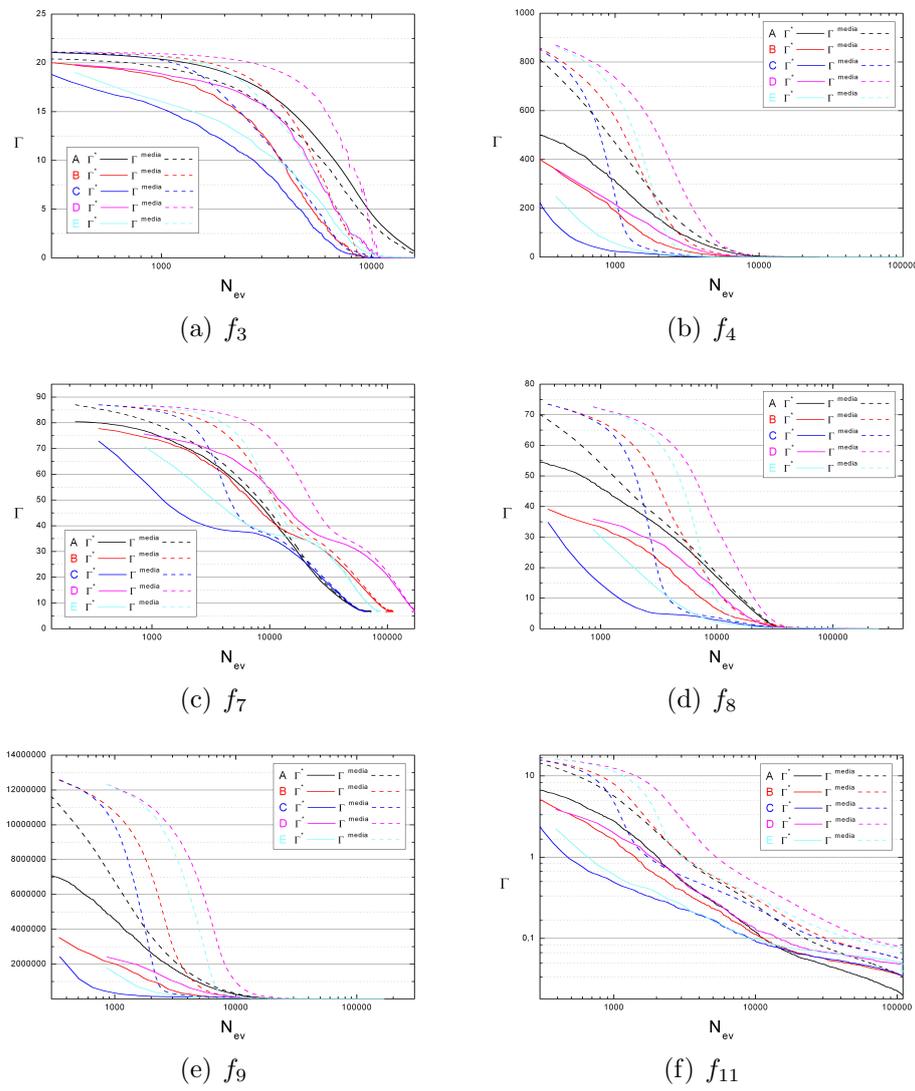


Figura 3.6: Evolución de Γ con el número de evaluaciones.

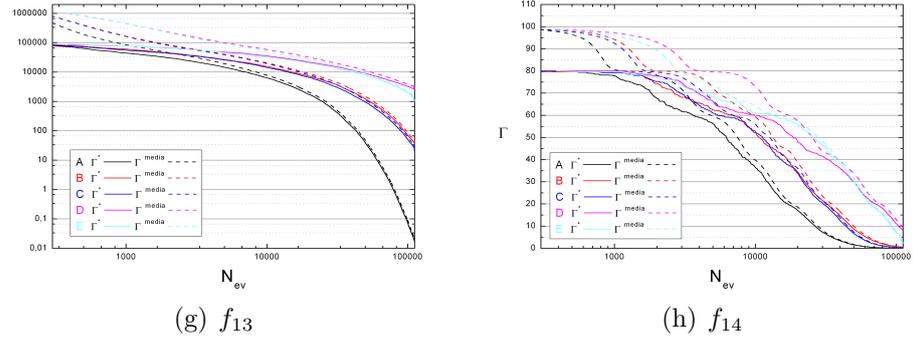


Figura 3.6: Evolución de Γ con el número de evaluaciones (Continuación).

proporcionalmente a su *fitness* y el basado en torneos, siendo el binario el más común. En este apartado vamos a comparar el rendimiento del ε HTGA usando estos dos operadores de selección. Para ello vamos a realizar los mismos experimentos que en el apartado anterior sustituyendo el operador de selección por uno basado en torneo binario. Para comparar el rendimiento del algoritmo con cada uno de estos métodos vamos a presentar los resultados mediante gráficas. Como se puede observar en la Figura 3.5.2, el uso del operador por torneo binario conlleva claramente mejores resultados en todas las funciones prueba usadas que la selección por ruleta, menos en la función f_3 , donde el resultado merece un breve comentario. Como se puede ver en esta figura, la selección por ruleta da, en media mejores resultados que la selección por torneo. Sin embargo, si observamos los cuartiles, vemos que el tercer cuartil se sitúa por debajo de la mediana de los datos obtenidos mediante la ruleta como operador de selección, por lo que tampoco podemos decir que la ruleta supera al torneo en esta función. Las causas de este comportamiento radican en la mayor presión de selección a la que somete la selección por torneo a la población, ocurriendo que en ocasiones la presión es excesiva y el algoritmo se estanca en regiones subóptimas. Situación parecida ocurre en los experimentos realizados sobre la función f_4 , donde en múltiples ocasiones se queda atrapado el algoritmo antes de alcanzar el objetivo deseado. Aunque este efecto deberá ser tenido en cuenta en futuras aplicaciones, veremos en siguientes secciones que esto puede ser eliminado retocando algunos parámetros del optimizador.

En este estudio hemos comprobado que, en general, la selección por torneo supera a la de ruleta, confirmando por otro lado los resultados publicados en

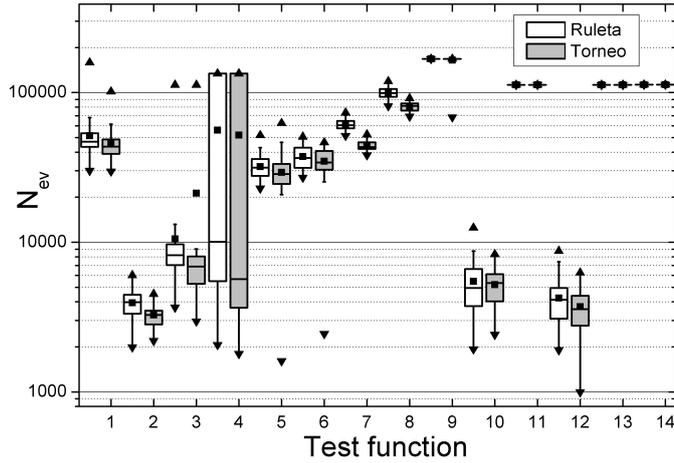


Figura 3.7: Experimentos sobre el operador de selección.

[Goldberg y Deb, 1991], por lo que de ahora en adelante usaremos el torneo binario como operador de selección.

3.5.3. Estudio sobre los parámetros constitutivos de un AGs

En este apartado realizaremos una serie de experimentos en los que variando uno de los parámetros constitutivos del AG manteniendo el resto fijo, estudiaremos el rendimiento del algoritmo ε HTGA sobre las funciones del banco de pruebas que mostramos en la Tabla 3.6. Con este estudio no se pretende encontrar un conjunto de parámetros óptimo que sea extrapolable a otros problemas de optimización del mundo real, ya que esto involucraría un complejo proceso de experimentos de tres parámetros (N_{pop}, p_c, p_m) interactuando entre ellos del que, con casi toda seguridad, no se podría extraer una conclusión general¹⁹. Estas pruebas nos permitirán profundizar en la dinámica del algoritmo, que sí que nos permitirá obtener experiencia para futuras aplicaciones en problemas prácticos.

¹⁹Teorema NFL [Wolpert y Macready, 1997]

3.5.3.1. Sobre el tamaño de la población

El problema de encontrar el tamaño de población óptimo para un problema concreto puede ser comparado, en sentido figurado, con la elección del número de personas elegido para la toma de decisiones. Si el grupo de personas es reducido, rápidamente todos se ponen de acuerdo en que dirección se ha de ir para resolver el problema, pero si este es complejo es posible que no se encuentre solución al mismo. Por otro lado, si el grupo de personas es grande, al principio todas querrán dar su punto de vista, por lo que es de esperar que en esta fase los resultados sean peores, pero al final la solución será más satisfactoria. Por desgracia, esta simple regla no se aplica con tanta facilidad al tamaño de la población en AGs, ya que el funcionamiento del algoritmo depende de otros factores, como el tipo de operadores usado, estrategias de elitismo u otros parámetros como las tasas de cruce y mutación. De hecho, como veremos a continuación, en alguna de las funciones prueba el óptimo global se encuentra con mayor facilidad con poblaciones pequeñas mientras que en otras poblaciones mayores dan mejores resultados, siendo esto previsible ateniendo a lo expuesto en Sección 2.4 y lo demostrado en [Wolpert y Macready, 1997]. A continuación comprobaremos como se comporta el algoritmo ante la variación del número de individuos de la población en las funciones prueba propuestas. Como lo que se pretende es estudiar el efecto del tamaño de la población de forma aislada, hemos de fijar el número de descendientes creados mediante cruce y mutación en todos los experimentos, de forma que sea sólo el tamaño de la población lo que los diferencie.

Antes de analizar los resultados vamos a discutir las diferencias, en lo que al desarrollo generacional del algoritmo se refiere. Con esta configuración, en la que se producen el mismo número de individuos por generación, independientemente del tamaño de la población, la probabilidad con la que se aplican los operadores genéticos a un individuo dado es mayor en poblaciones pequeñas que en grandes, de forma independiente a su grado de adaptación. Esto es así ya que la probabilidad con la que un individuo es seleccionado para el torneo, y por extensión para poder cruzarse y, si se da el caso, mutar es inversamente proporcional al tamaño de la población. Por lo que en poblaciones pequeñas un individuo, o alguno de sus descendientes si superan al progenitor, tienen muchas más posibilidades de ser reelegido para reproducirse que en poblaciones de mayor tamaño. Esto desencadena en la mayor aplicación de las operaciones aritméticas en el punto de cruce que realiza el operador que hemos elegido

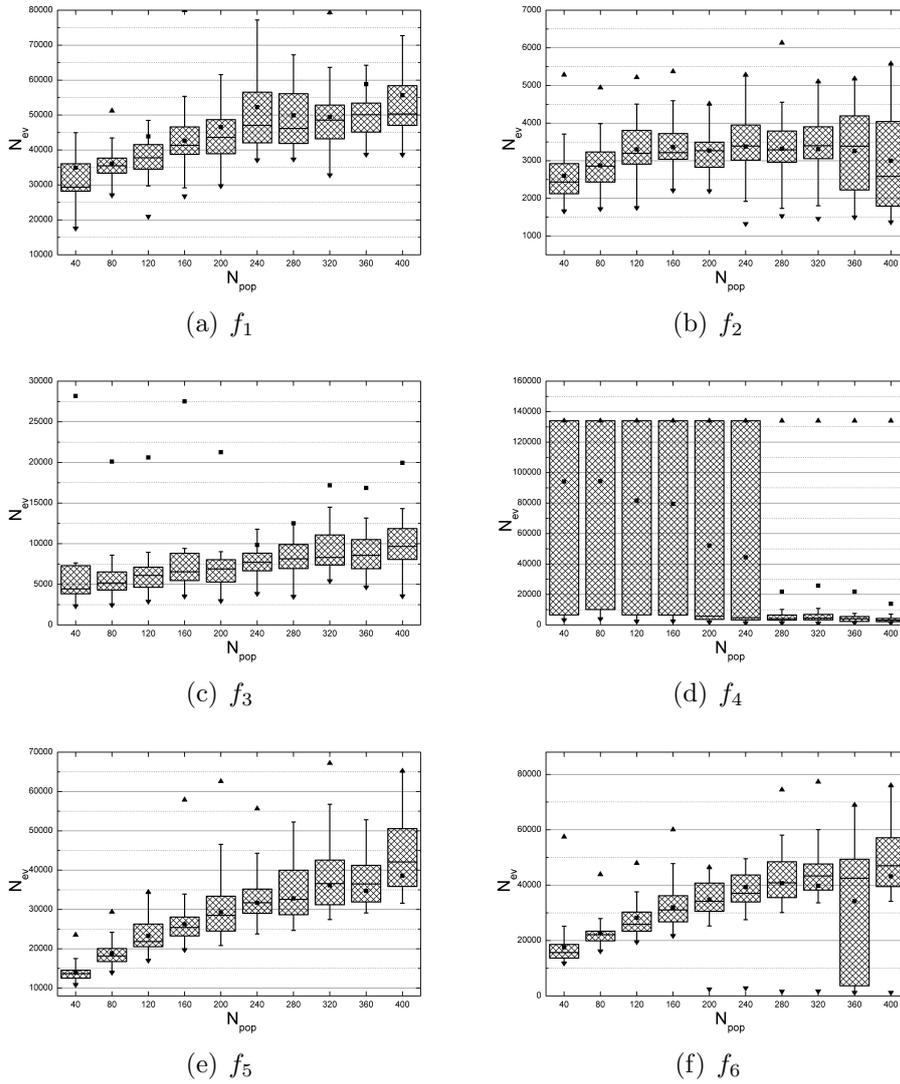


Figura 3.8: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se ha alcanzado el objetivo antes del límite de evaluaciones impuesto por el criterio de terminación.

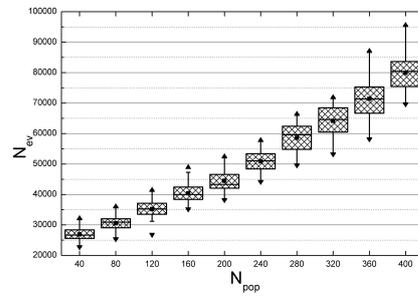
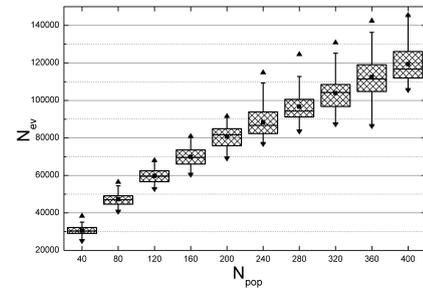
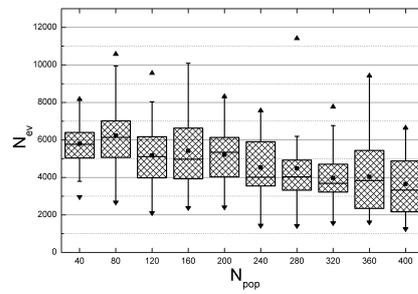
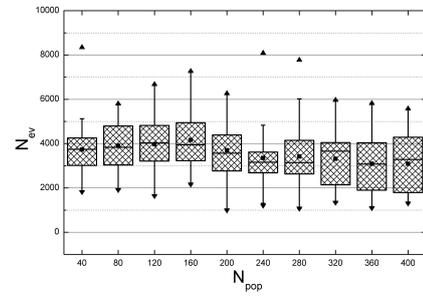
(g) f_7 (h) f_8 (i) f_{10} (j) f_{12}

Figura 3.8: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se ha alcanzado el objetivo antes del límite de evaluaciones impuesto por el criterio de terminación (Continuación).

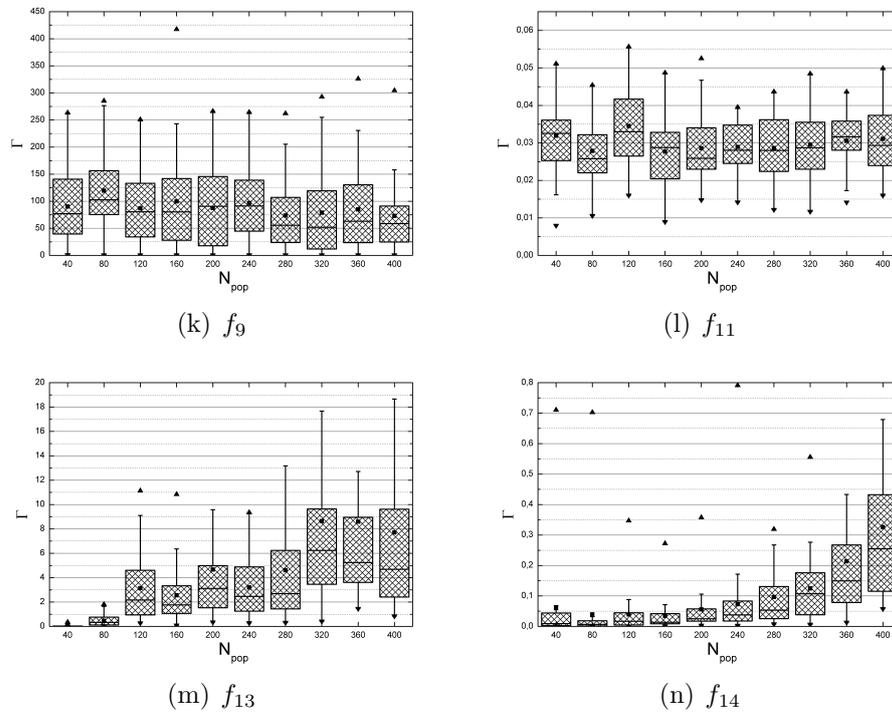


Figura 3.8: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se aplicó el número máximo de evaluaciones como criterio de terminación (Continuación).

para este estudio. A continuación veremos que consecuencias tiene esto en el rendimiento del algoritmo en las distintas funciones prueba propuestas. Analizando los resultados obtenidos observamos distinto comportamiento al variar el tamaño de la población dependiendo del tamaño de la población. Por un lado encontramos algunas funciones en las que el aumento o disminución del tamaño de esta no entraña apenas ninguna variación en el comportamiento del algoritmo, como en las funciones f_2 , f_9 , f_{11} y f_{12} . Sin embargo, en otras resulta mucho más favorable el uso de poblaciones pequeñas, como en las funciones f_1 , f_5 , f_6 , pero sobre todo en las f_7 y f_8 , lo que puede ser debido a la necesidad de crear los genes del óptimo global mediante la aplicación de los operadores genéticos como apuntamos en el Apartado 3.5.1. De igual forma ocurre en las funciones f_{13} y f_{14} , donde como vimos, el operador de cruce Taguchi no era muy apropiado, por lo que el rendimiento se mejora reforzando los efectos producidos por la aplicación de los operadores genéticos de cruce aritmético *single-point* y la mutación. Por otro lado, tenemos el caso de la función f_4 , cuyo comportamiento mejora con poblaciones con elevado número de individuos. Esto es así ya que con esto el algoritmo consigue mantener con más facilidad el grado de diversidad genética necesario para evitar quedarse estancado en regiones subóptimas. De igual forma esto podría conseguirse eliminando de la población a los individuos repetidos y generar nuevos al azar, realizando variaciones del mejor individuo de la población o con cualquier técnica apropiada al problema particular en cuestión.

3.5.3.2. Sobre tasa de cruce

En la Sección 2.7 se dieron indicaciones sobre el valor de las tasas de cruce recomendadas en la bibliografía. Si bien en estas se sugiere generar al menos tantos descendientes como la mitad de la población, veremos a continuación que mediante el uso del método de Taguchi como operador auxiliar de cruce esto ya no es cierto, más bien todo lo contrario, si no que se mejora la tasa de convergencia generando pocos individuos mediante el cruce *single-point* ²⁰.

En la siguiente serie de experimentos mantendremos el tamaño de la población fijo ($N_{pop} = 200$) y la tasa de mutación ($p_m = 0,02$) e iremos variando

²⁰No se debe olvidar que aunque en principio estas reflexiones son sólo válidas con este conjunto de operadores genéticos, estos experimentos nos proporcionan pistas acerca del comportamiento de los AG con el cruce inspirado en el método de Taguchi.

el número de descendientes por cruce mediante $p_c = 0, 0,05, 0,1, \dots, 1$. En este caso ocurre que se van cruzando cada vez más individuos a medida que aumentamos p_c , del mismo modo que se reduce el número de generaciones y, por ende, el número de ocasiones en el que sobre un gen determinado pueden actuar los operadores genéticos. De la misma forma que en el apartado anterior se realizarán 50 ejecuciones independientes del algoritmo, cuyos resultados mostramos en las Figuras 3.12 y ??.

Mediante estos resultados podemos comprobar que, en general, las tasas de cruce necesarias para encontrar el mínimo global son en general bajas, existiendo además funciones en las que los mejores resultados son obtenidos desactivando el operador de cruce *single-point*, de forma que el único descendiente generado por cruce es mediante el método de Taguchi. Estos resultados demuestran la habilidad del método de Taguchi para crear buenos individuos recombinando genes existentes en la población. En este punto creemos necesario recordar que el método de Taguchi no genera diversidad genética, si no que recombina genes ya existentes, por lo cual se necesitan crear nuevos genes mediante la recombinación en el punto de corte y con la mutación de genes. El hecho que al aumentar la tasa de cruce no mejore, incluso en algunos casos llega a empeorar, el rendimiento del algoritmo puede explicarse debido a que es el cruce por medio del método Taguchi el motor principal de búsqueda, siendo la función de los operadores de cruce y mutación la de mantener la diversidad genética en la población, mediante la inserción de nuevos genes de forma aleatoria o realizando operaciones aritméticas con los ya existentes. Para ilustrar lo dicho veamos la Figura 3.10, donde se muestra el caso particular de la optimización de la función f_6 ²¹. En esta figura se puede observar como las líneas que representan a la Γ del mejor individuo de la población y del mejor individuo obtenido mediante el cruce Taguchi se solapan, indicando que es esta última la que genera el mejor individuo.

Por otro lado, otro dato que parece indicar la necesidad de múltiples operaciones aritméticas sobre los genes en las optimizaciones de las funciones f_1 , f_7 y f_8 , está en el hecho que el aumento de la aplicación del operador de cruce por generación no resulte en una mejora de las prestaciones, sino que se estabiliza e incluso empeora con tasas de cruce altas. Esto apunta a que la obtención de buenos resultados en estas funciones no radica en aplicar muchas veces por

²¹En el resto de funciones fitness es comportamiento es parecido.

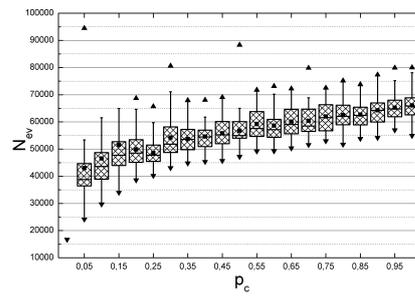
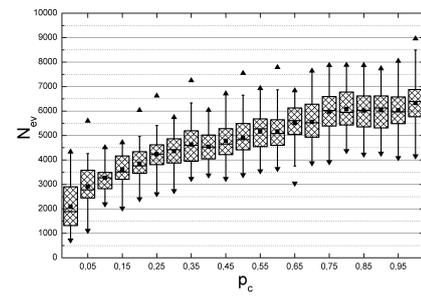
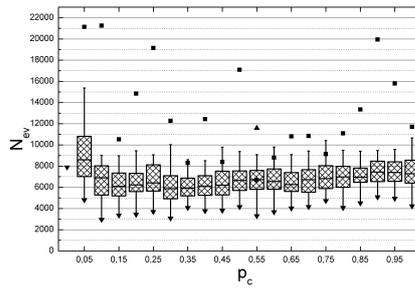
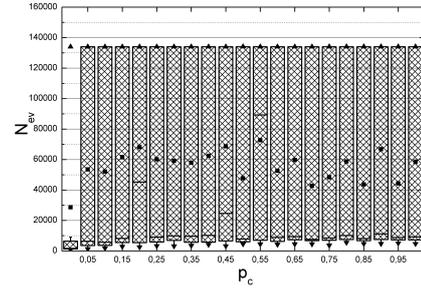
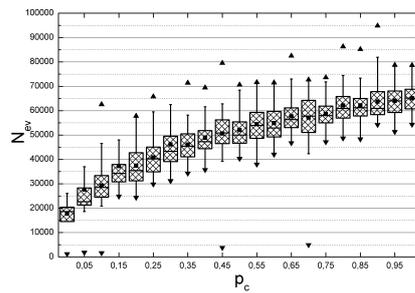
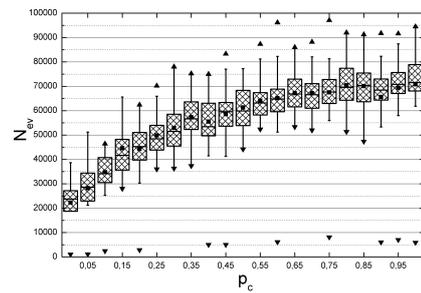
(a) f_1 (b) f_2 (c) f_3 (d) f_4 (e) f_5 (f) f_6

Figura 3.9: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se ha alcanzado el objetivo antes del límite de evaluaciones impuesto por el criterio de terminación.

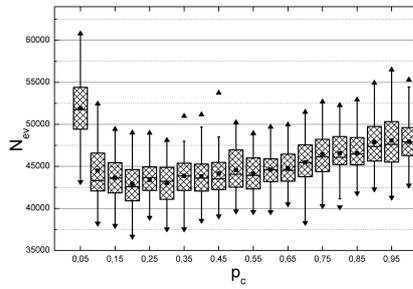
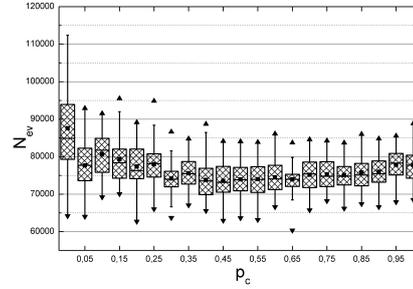
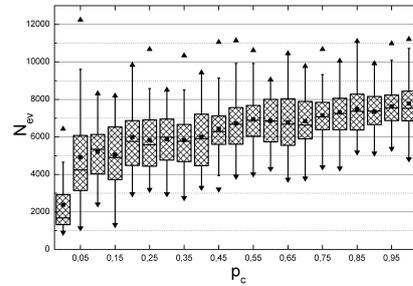
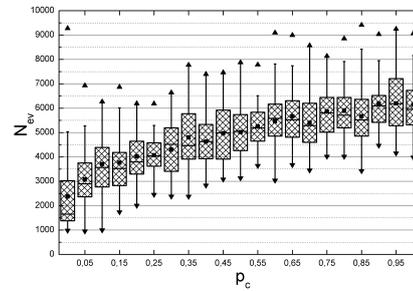
(g) f_7 (h) f_8 (i) f_{10} (j) f_{12}

Figura 3.9: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se ha alcanzado el objetivo antes del límite de evaluaciones impuesto por el criterio de terminación (Continuación).

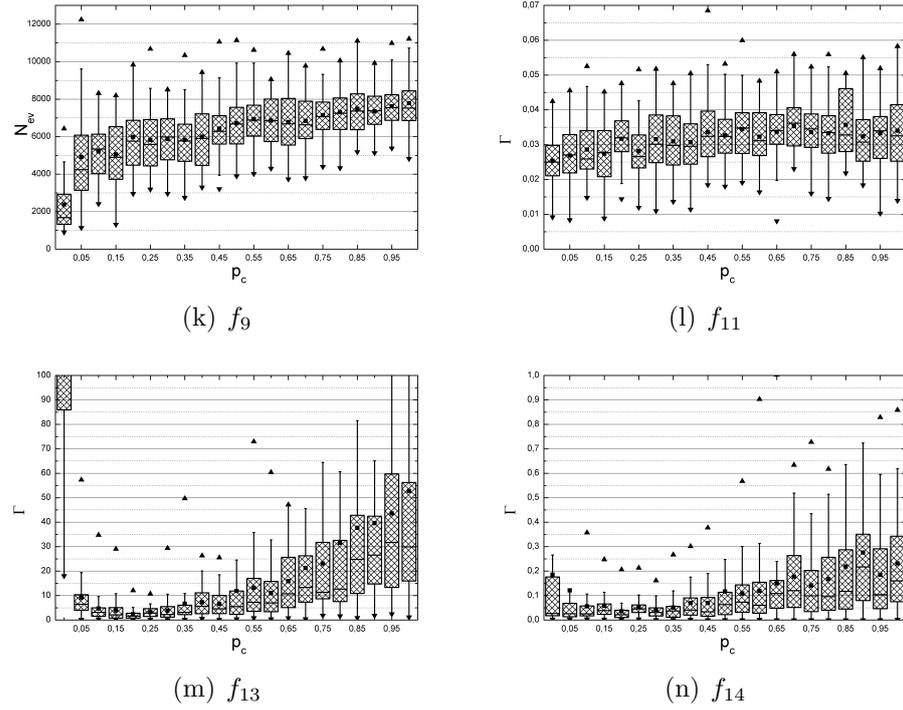


Figura 3.9: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se aplicó el número máximo de evaluaciones como criterio de terminación (Continuación).

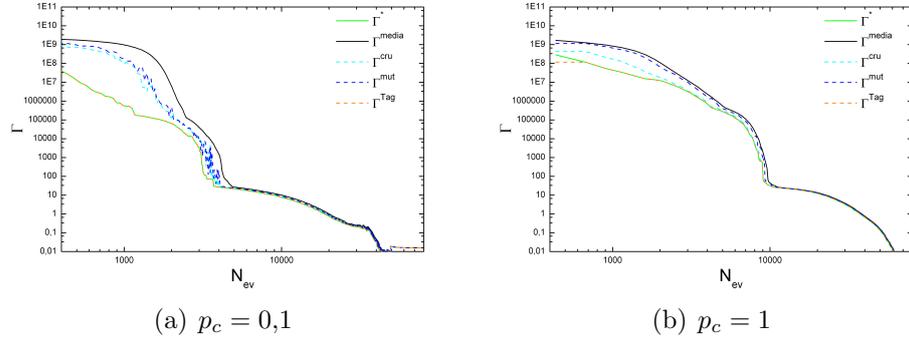


Figura 3.10: Evolución en la función f_6 de la Γ del mejor individuo (Γ^*), de la media de la población ($\bar{\Gamma}$) y de los mejores descendientes generados por cruce (Γ^{cru}), mutación (Γ^{mut}) y el método Taguchi (Γ^{Tagu}) para dos valores de p_c .

generación el operador de cruce, sino aplicarlo muchas veces sobre individuos bien adaptados.

Finalizaremos este estudio numérico en el siguiente apartado con una serie de experimentos para determinar el efecto que tiene el número de individuos generados mediante el operador de mutación de recombinación convexa.

3.5.3.3. Sobre tasa de mutación

En la Sección 2.8 se hizo una revisión sobre los trabajos publicados acerca de la tasa de mutación óptima en AG (μ, λ) . En general se sugerían tasas de mutación bajas, que como veremos a continuación también son necesarias para un funcionamiento óptimo de esta implementación particular del ε HTGA. Al igual que en los experimentos realizados sobre la tasa de cruce en esta implementación, al ser tipo $(\mu + \lambda)$, al hablar de incrementar la tasa de mutación estamos diciendo de forma implícita que generamos más individuos mediante mutación, de forma que el número de descendientes generados varía con $N_{pop} \times p_m$ donde $p_m = \{0, 0,02, 0,04, \dots, 0,4\}$. Al igual que en los estudios precedentes se realizaron 50 ejecuciones independientes del algoritmo y cuyos resultados podemos ver en las Figuras. 3.12 y 3.12).

Como se ha dicho al inicio de este apartado, en general el algoritmo funciona de manera óptima con tasas de mutación relativamente bajas. Sin embargo, como se observa en la Figura 3.12 existen funciones, como la f_5 y f_6 , en la que usando tasas de mutación un poco mayores se disminuye el número de evaluaciones. Por último, si incrementamos un poco más el número de individuos mutados por generación, podemos ver en las Figuras 3.12(d) y 3.12(g) como mejora la tasa de convergencia.

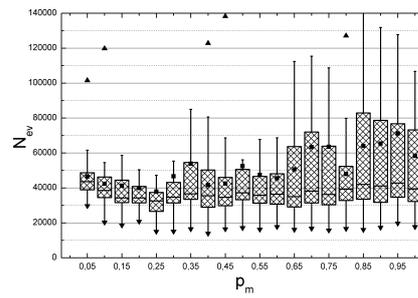
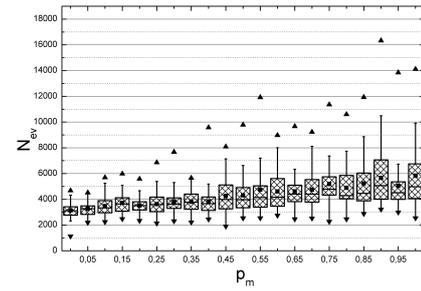
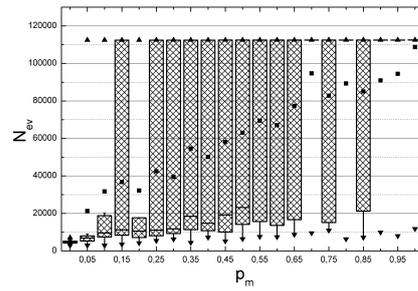
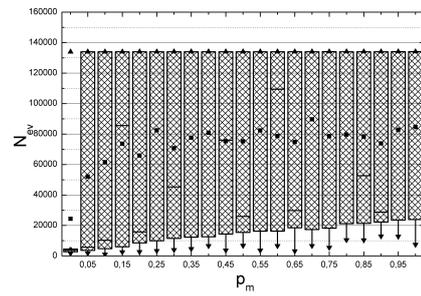
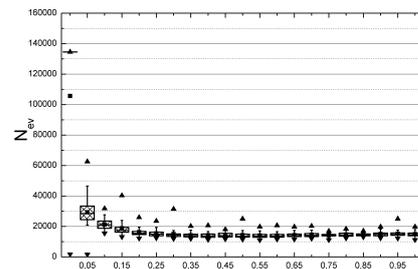
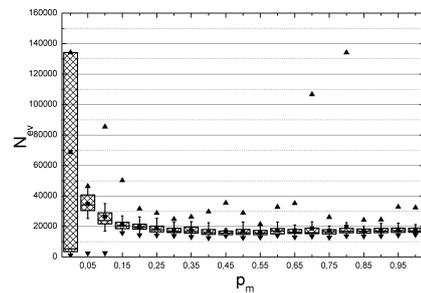
(a) f_1 (b) f_2 (c) f_3 (d) f_4 (e) f_5 (f) f_6

Figura 3.11: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se ha alcanzado el objetivo antes del límite de evaluaciones impuesto por el criterio de terminación.

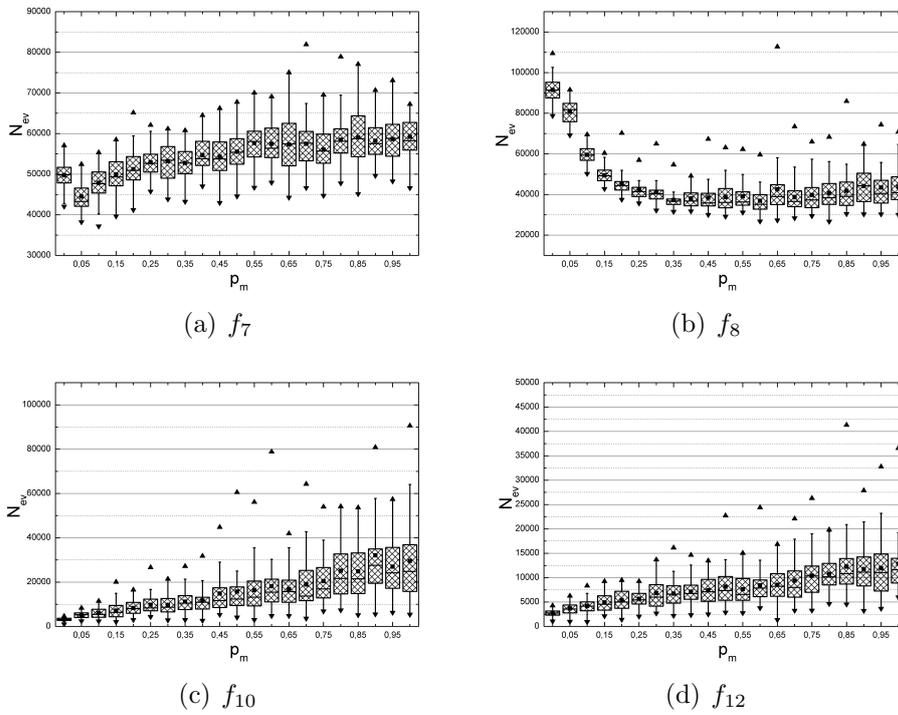


Figura 3.12: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se ha alcanzado el objetivo antes del límite de evaluaciones impuesto por el criterio de terminación (Continuación).

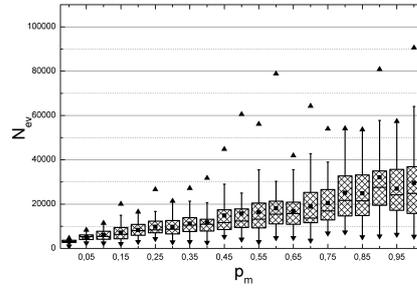
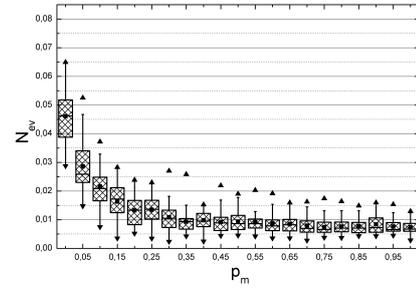
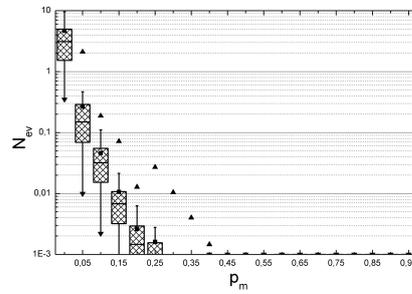
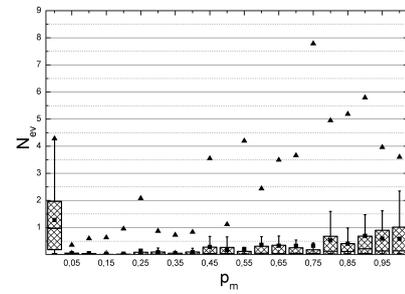
(e) f_9 (f) f_{11} (g) f_{13} (h) f_{14}

Figura 3.12: Resultados estadísticos de los experimentos en las funciones prueba donde se aplicó el número máximo de evaluaciones como criterio de terminación (Continuación).

3.6. Conclusiones

En este capítulo hemos descrito un algoritmo de optimización basado en la hibridación de los AGs con el método de Taguchi, el cual es muy usado en el ámbito industrial para el diseño de sistemas y productos robustos. Por otro lado, hemos propuesto mejoras al algoritmo método presentado y validado su eficacia, terminando el capítulo con una serie de experimentos numéricos que nos han dotado de un entendimiento y experiencia en la dinámica del algoritmo que nos permitirá afrontar la optimización de problemas de optimización prácticos.

En el siguiente capítulo presentaremos el algoritmo multiobjetivo del que haremos uso en capítulos posteriores cuando abordemos el diseño de sistemas radiantes que requieran la optimización simultánea de más de un objetivo.

Capítulo 4

Implementación de NSGAI

La mayoría de los problemas de diseño prácticos requieren la optimización simultánea de varios objetivos. A menudo estos objetivos son opuestos, de forma que la mejora en un uno de ellos implica necesariamente el deterioro de otros. La presencia de estos objetivos da lugar, en principio, a un conjunto de soluciones óptimas (comúnmente conocidas como soluciones óptimas de Pareto o frente óptimo de Pareto, Fig. 4.1, en vez de una única solución. Sin información previa, no se puede decir que una de estas soluciones del frente de Pareto sea mejor que otra, por lo que el diseñador debe encontrar tantas soluciones óptimas de Pareto como sea posible. Los primeros trabajos abordaron este problema reduciéndolo a un problema monoobjetivo, enfatizando una solución óptima de Pareto cada vez. Sin embargo, si se desea encontrar el frente de Pareto con este método, se han de realizar numerosas optimizaciones, y esperar tener soluciones diferentes en cada ejecución, lo cual no está asegurado.

Durante los últimos años, han ido surgiendo diversos algoritmos evolutivos multiobjetivos (AEMOs) [Deb, 2001; Fonseca;C.M. y Fleming;P.J., 1993; Horn y otros, 1994; Srinivas y Deb, 1994; Zitzler y Thiele, 1998]. La principal razón de la proliferación de estos algoritmos es su habilidad para encontrar múltiples soluciones óptimas de Pareto en una sólo ejecución del optimizador. Debido a

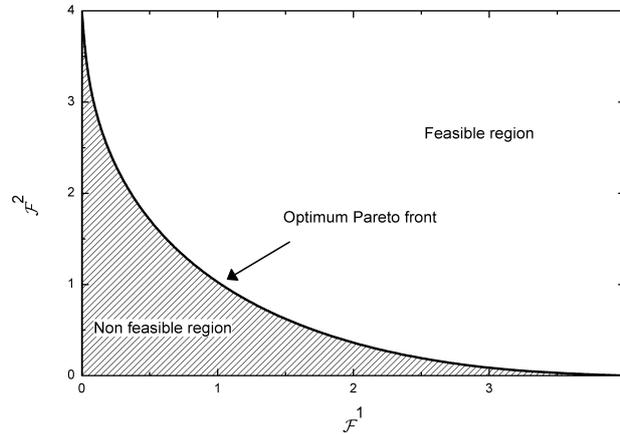


Figura 4.1: El frente de pareto está formado por el conjunto de soluciones (diseños) en los que si se mejora un objetivo, necesariamente se empeora otro y separa la región alcanzable compuesta por todos los diseño subóptimos, y la no alcanzable, ya que no hay diseño alguno cuyo rendimiento lo sitúe en esa región del espacio

que los algoritmos evolutivos, y los AG en particular, trabajan con poblaciones de individuos, un AGC puede ser modificado para mantener en la población un conjunto diverso de soluciones. Introduciendo mecanismos para forzar a las soluciones a moverse hacia el verdadero frente paretiano, los algoritmos evolutivos pueden ser usados para encontrar múltiples soluciones óptimas paretianas en solamente una ejecución del optimizador.

Entre todos los AEMOs, el NSGA (Nondominated Sorting Genetic Algorithm) propuesto en [Srinivas y Deb, 1994] fue uno de los primeros de esta clase de algoritmos en obtener resultados notables. Sin embargo, este método ha venido siendo criticado por, en primer lugar, su alta complejidad computacional en la clasificación de la población en clases atendiendo a su índice de dominación, del orden $O(N_{obj}N_{pop}^3)$; en segundo lugar, a que no dispone de ningún mecanismo de elitismo, cuando trabajos [Zitzler y otros, 2000; Rudolph, 2001] recomendaban introducir esta técnica ya que mejoraba su rendimiento de forma considerable; y por último, porque necesitaba especificar el parámetro de *sharing* para cada aplicación particular.

Posteriormente Deb y sus colaboradores [Deb y otros, 2002] resolvieron de

forma elegante los defectos de su algoritmo relatados en el párrafo anterior, dando lugar a una segunda versión de su algoritmo, el NSGAII, que ha demostrado ser superior a otros algoritmos evolutivos desarrollados hasta la fecha, como el PAES [Zitzler, 1999] y el SPEA [Knowles y Corne, 1999],.

En este capítulo vamos a realizar una breve descripción de este algoritmo. A continuación se realizarán distintos experimentos sobre funciones prueba propuestas en la literatura con el objetivo doble de comprobar la eficacia del método y disponer de un conjunto de parámetros óptimo que nos permita aplicar este algoritmo con confianza a la optimización de problemas de ingeniería del mundo real.

4.1. NSGAII

El NSGAII es un potente y robusto MOEA que ha supuesto una importante mejora respecto a su predecesor en cuestiones como tiempo computacional, grado de convergencia y mantenimiento de la diversidad de población a lo largo del frente paretiano. Dichas mejoras están basadas en dos modificaciones:

1. Un proceso de clasificación de la población más rápido que su antecesor (pasando de $O(N_{obj}N_{pop}^3)$ a $O(N_{obj}N_{pop}^2)$).
2. Posee un operador de nichos sin parámetros.

Unido al esquema resultante de la aplicación de estas modificaciones y a la implementación de un operador elitista, el NSGAII es capaz de superar en convergencia, pero sobre todo en distribución uniforme de las soluciones a lo largo del frente, al resto de MOEAs contemporáneos aplicados a un conjunto de funciones prueba [Deb y otros, 2002].

En esta sección vamos a mostrar la estructura del NSGAII. Primero se analizará el por qué de la alta complejidad computacional del proceso de clasificación de la población en frentes nodominados y un método para reducir el número de operaciones. A continuación se presenta la nueva herramienta para la preservación de la diversidad.

4.1.1. Clasificación *rápida* de la población

Como se ha comentado en párrafos anteriores, la complejidad del algoritmo se ha visto reducida en gran medida. Para poder vislumbrar las claves de esta reducción vamos a comentar el método de clasificación *lento* que anteriormente se usaba. En este método, para localizar las soluciones óptimas de Pareto se compara cada una de los N_{pop} individuos con el resto de la población. Esto requiere $O(N_{obj}N_{pop})$ comparaciones por solución. Cuando se continúa este procedimiento hasta que se encuentran todos los individuos no dominados de la población - formando el conjunto de soluciones no dominadas o frente no dominado- la complejidad del algoritmo ya ha alcanzado el orden $O(N_{obj}N_{pop}^2)$ y todavía se ha de clasificar el resto de la población, formando el segundo frente no dominado. Este proceso se repite hasta clasificar toda la población. En el peor escenario posible, aquel en el que solamente exista un individuo por frente, existirán N_{pop} frentes, por lo que se requerirá un total de $O(N_{obj}N_{pop}^3)$ cálculos.

El nuevo procedimiento de clasificación comienza con el cálculo de dos magnitudes: 1) el contador de dominación n_p , que indica el número de individuos que dominan a $\vec{\chi}^p$, y 2) del conjunto S_p que contiene a los individuos dominados por $\vec{\chi}^p$.

Todos los individuos del primer frente no dominado tendrán su contador de dominación a cero. A continuación, para cada individuo con $n_p = 0$, se reduce en uno el índice de dominación de cada uno de los q individuos de S_p . Si existiese algún individuo $\vec{\chi}^q$ con $n_q = 0$, este pertenecería al segundo frente no dominado. De esta forma se continúa hasta que se han identificado todos los frentes. La complejidad de este algoritmo es sencilla de calcular. Existen dos bucles, uno dentro del otro. El bucle exterior recorre individuos y se realiza exactamente N_{pop} veces, y el segundo, recorre el número de individuos dominados, que como máximo es $N_{pop} - 1$ donde se comparan a lo sumo N_{obj} valores, resultando en un global de $O(N_{obj}N_{pop}^2)$ operaciones.

4.1.2. Preservación de la diversidad genética

Se ha comentado anteriormente que, además de la convergencia hacia el frente óptimo de Pareto global, es deseable una distribución uniforme de soluciones sobre el frente encontrado. El algoritmo NSGA usaba la famosa técnica

Algoritmo 15 Clasificación rápida de individuos en frentes no dominados

```

1: for all  $\vec{\chi}^p \in \vec{\mathcal{P}}$  do
2:    $S^p \leftarrow \emptyset$ 
3:    $n^p \leftarrow 0$ 
4:   for all  $\vec{\chi}^q \in \vec{\mathcal{P}}$  do
5:     if  $\vec{\chi}^p \prec \vec{\chi}^q$  then ▷ Si  $\vec{\chi}^p$  domina a  $\vec{\chi}^q$ 
6:        $S_p \leftarrow S_p \cup \vec{\chi}^q$  ▷ Se añade  $\vec{\chi}^q$  al conjunto de soluciones dominadas por  $\vec{\chi}^p$ 
7:     else
8:        $n^p \leftarrow n^p + 1$  ▷ Incrementamos el índice de dominación de  $\vec{\chi}^p$ 
9:     if  $n^p = 0$  then ▷  $\vec{\chi}^p$  pertenece al primer frente no dominado ( $F^1$ )
10:       $rango^p = 1$ 
11:       $F^1 \leftarrow F^1 \cup \{\vec{\chi}^p\}$ 
12:  $i \leftarrow 1$ 
13: while  $F^i \neq \emptyset$  do
14:    $Q \leftarrow \emptyset$ 
15:   for all  $\vec{\chi}^p \in F^i$  do
16:     for all  $\vec{\chi}^q \in S_p$  do
17:        $n^q \leftarrow n^q - 1$  ▷ Disminuye el índice de dominación de  $\vec{\chi}^q$ 
18:       if  $n^q = 0$  then ▷  $\vec{\chi}^q$  pertenece al siguiente frente
19:          $Q \leftarrow Q \cup \{\vec{\chi}^p\}$ 
20:          $rango^q \leftarrow rango^q + 1$ 
21:    $i \leftarrow i + 1$ 
22:    $F^i \leftarrow Q$ 

```

de la función *sharing*. Este método de preservación de la diversidad conllevaba dos dificultades intrínsecas. Por un lado, la eficacia de este método depende en gran medida del valor de los parámetros usados, que son elegidos por el usuario y varían de problema en problema y por otro, su alta complejidad computacional.

En el NSGAI se ha sustituido el método de la función *sharing* que elimina los dos problemas expuestos en el párrafo anterior. Para ello usa una métrica de estimación de la densidad de individuos y un operador denominado *crowded-comparison* que guía el proceso de selección para conseguir un frente óptimo de Pareto uniforme y extenso.

1) Como estimador de individuos que rodean a otro determinado, que llamaremos *dist*, se calcula la media de las distancias entre dos soluciones adyacentes a este a lo largo de cada objetivo. A los que se encuentran en la frontera de los frentes se asigna un valor $dist = \infty^1$, mientras que al resto se asigna el valor resultante de la suma normalizada, sobre todos los objetivos, de la diferencia de los valores de las funciones \mathcal{F}_j de los individuos adyacentes en el espacio de búsqueda

Algoritmo 16 estimación de la distancia entre individuos

```

1:  $l \leftarrow |F|$  ▷ número de individuos en el frente F
2:  $dist^i \leftarrow 0$ 
3: for  $m = 1, N_{obj}$  do
4:    $F \leftarrow ordena(F, m)$ 
5:    $dist^1 \leftarrow \infty$  ▷ Asignación de  $idist$  a los individuos situados en los extremos del frente
6:    $dist^l \leftarrow \infty$ 
7:   for  $i = 2, l - 1$  do
8:      $dist^i = dist^i + (\mathcal{F}_m^{i+1}) - \mathcal{F}_m^{i-1}) / (\mathcal{F}_m^{max} - \mathcal{F}_m^{min})$  ▷ Cálculo de  $dist$  para el resto de individuos

```

2) Operador *crowded-comparison*. Una vez que está clasificada la población

¹De esta forma se asegura la inclusión de los individuos situados en los extremos del frente paretiano en la siguiente población.

y se conoce el estimador de distancias, se define el orden parcial \prec_m como

$$\vec{X}^i \prec_m \vec{X}^j \Leftrightarrow \begin{cases} rango^i < rango^j \\ 0 \\ rango^i = rango^j \text{ y } dist^i > dist^j \end{cases} \quad (4.1)$$

De esta forma se preferirán los individuos con menor n_p que con mayor índice de dominación y, a igualdad de este, se seleccionarán las soluciones con mayor $dist$, esto es, las más aisladas.

4.1.3. Cuerpo principal del algoritmo

En el Algoritmo 17 se muestra el cuerpo principal del NSGAI, que como se puede ver, tiene la estructura de un AG convencional salvo la inclusión de un operador elitista, siendo la elección de los operadores genéticos la que fundamentalmente dota al NSGAI sus habilidades para encontrar el frente óptimo de Pareto global con una distribución de individuos uniforme a lo largo del mismo. Para mantener el esquema lineal de los AGC 3.4 creamos una población de

Algoritmo 17 Cuerpo principal del NSGAI

- 1: $t \leftarrow 0$
 - 2: Creación de \vec{P}^t ▷ Creación de población inicial
 - 3: $\mathcal{F}^{\vec{P}^t} \leftarrow \text{Evaluación}(\vec{P}^t)$
 - 4: $\vec{Q} \leftarrow \text{Operadores genéticos}(\vec{P}^t, \mathcal{F}^{\vec{P}^t})$ ▷ Aplicación de selección, cruce y mutación para crear una nueva población
 - 5: $\mathcal{F}^{\vec{Q}} \leftarrow \text{Evaluación}(\vec{Q})$
 - 6: **while** Finalizar==False **do**
 - 7: $t \leftarrow t + 1$
 - 8: $\vec{P}^{t+1} \leftarrow \text{Nueva Población}(\vec{P}^t, \mathcal{F}^{\vec{P}^t}, \vec{Q}, \mathcal{F}^{\vec{Q}})$ ▷ Selección de los individuos N_{pop} más aptos de $\vec{R} = \vec{P} \cup \vec{Q}$
 - 9: $\vec{Q} \leftarrow \text{Operadores genéticos}(\vec{P}, \mathcal{F}^{\vec{P}})$ ▷ Aplicación de selección, cruce y mutación para crear una nueva población
 - 10: $\mathcal{F}^{\vec{Q}} \leftarrow \text{Evaluación}(\vec{Q})$
 - 11: **if** Objetivo Alcanzado **then**
 - 12: Finalizar \leftarrow True
-

descendientes \vec{Q} por medio de un torneo binario y operadores de cruce y muta-

ción usuales antes de entrar en el bucle generacional. En este esquema todos los operadores usados podrán ser los mismos que en un AGC usando el torneo con dominación como operador selección. Sin embargo, el operador elitista merece un poco más de atención. Como con todos los operadores elitistas, lo que se pretende es mantener a lo mejores individuos en el proceso evolutivo de forma que en el caso poco probable, pero no imposible, no fuesen seleccionados y no consiguiesen reproducirse, perdiéndose de esta forma soluciones prometedoras. En el caso de optimizaciones mono-objetivo, la implementación de esta técnica es sencilla, tal y como mostramos en el Algoritmo 14. La traslación de esta técnica a optimizaciones multi-objetivo es, aunque no directa, sencilla de implementar y de buenos resultados en su aplicación. La generación de la nueva población comienza con la unión de las poblaciones actual con la precedente (ver Algoritmo 18), con lo que el elitismo está garantizado. A continuación se clasifica la población en frentes no-dominados mediante el método detallado en el apartado 4.1.1. Una vez clasificada la población en frentes, se van alojando los individuos de cada uno de estos frentes en la nueva población, comenzando por el primer frente no dominado F^1 , luego el segundo F^2 , el tercero F^3 y de esta forma hasta que se complete la capacidad de la población (N_{pop}) o no pueda ser colocado un frente, llamémosle F^u , en su totalidad. En este último caso lo que se hace es ordenar este conjunto de soluciones mediante el orden parcial definido en 4.1, o lo que es lo mismo, ya que todos los individuos de este frente tienen el mismo rango, mediante el estimador de distancia entre individuos $dist$, de forma que los individuos más aislados de F^u serán los que completen la población \vec{P} .

4.2. Estudio de parámetros del NSGAI

En sección aplicaremos el NSGAI a distintas funciones prueba propuestas en la literatura con el objetivo de analizar el comportamiento del algoritmo ante la variación de los parámetros que determinan su funcionamiento. En primer lugar definiremos el marco de trabajo presentando las funciones prueba que vamos a utilizar y qué parámetros del AG vamos usar para realizar el estudio las prestaciones de este. A continuación estableceremos las métricas que nos permitirán decidir que configuración de parámetros es óptima. Por último presentaremos los resultados obtenidos en este estudio.

Algoritmo 18 Generación de la nueva población

- 1: $\vec{R} \leftarrow \vec{P}^t \cup \vec{Q}$
 - 2: $\vec{F} \leftarrow \text{clasificación}(\mathcal{F}^{\vec{R}}, \vec{R}) \quad \triangleright \vec{F} = \{F^1, F^2, \dots\}$, todos los frentes no-dominados de \vec{R}
 - 3: $\vec{P}^{t+1} \leftarrow \emptyset, i \leftarrow 1$
 - 4: **while** $|\vec{P}^{t+1} \cup F^i| < N_{pop}$ **do** \triangleright Inserción de frentes enteros en la población de la siguiente generación
 - 5: $\vec{P}^{t+1} \leftarrow \vec{P}^{t+1} \cup F^i \quad \triangleright$ Inserción del Frente F^i
 - 6: $i \leftarrow i + 1$
 - 7: $dist \leftarrow$ estimación de distancia entre individuos(\mathcal{F}^{F^i})
 - 8: Clasificar(F^i, \prec_n) \triangleright Se ordenan los individuos en función de la distancia fenotípica entre individuos en orden creciente
 - 9: $\vec{P}^{t+1} = \vec{P}^{t+1} \cup F^i(1 : N_{pop} - |\vec{P}^{t+1}|) \quad \triangleright$ Se añaden los individuos más aislados
-

4.2.1. Funciones prueba

Las funciones que vamos a utilizar como banco de prueba las podemos encontrar en [Zitzler y otros, 2000], y constituyen un exigente banco de prueba para MOEAs ya que incluyen dos de los mayores problemas a los que se enfrentan este tipo de algoritmos [Deb, 1999], estos son:

1. Convergencia al frente óptimo de Pareto
2. Mantener la diversidad de la población

La expresión matemática de estas funciones las podemos ver en la Tabla 4.2.1.

Cuadro 4.1: Funciones prueba usadas en este estudio

Test	\mathcal{F}	Espacio de soluciones	N	Frente óptimo de pareto
ZDT1	$\mathcal{F}_1(\vec{\chi}) = \chi_1$ $\mathcal{F}_2(\vec{\chi}) = g(\vec{\chi}) \left[1 - \sqrt{\chi_1/g(\vec{\chi})} \right]$ $g(\vec{\chi}) = 1 + 9 \left(\sum_{i=2}^N \chi_i \right) / (N - 1)$	$[0, 1]^N$	30	$\chi_1 \in [0, 1]$ $\chi_i = 0$ $i \in 2, \dots, N$
ZDT2	$\mathcal{F}_1(\vec{\chi}) = \chi_1$ $\mathcal{F}_2(\vec{\chi}) = g(\vec{\chi}) \left[1 - (\chi_1/g(\vec{\chi}))^2 \right]$ $g(\vec{\chi}) = 1 + 9 \left(\sum_{i=2}^N \chi_i \right) / (N - 1)$	$[0, 1]^N$	30	$\chi_1 \in [0, 1]$ $\chi_i = 0$ $i \in 2, \dots, N$
ZDT3	$\mathcal{F}_1(\vec{\chi}) = \chi_1$ $\mathcal{F}_2(\vec{\chi}) = g(\vec{\chi}) \left[1 - \sqrt{\chi_1/g(\vec{\chi})} - \frac{\chi_1}{g(\vec{\chi})} \sin(10\pi\chi_1) \right]$ $g(\vec{\chi}) = 1 + 9 \left(\sum_{i=2}^N \chi_i \right) / (N - 1)$	$[0, 1]^N$	30	$\chi_1 \in [0, 1]$ $\chi_i = 0$ $i \in 2, \dots, N$
ZDT4	$\mathcal{F}_1(\vec{\chi}) = \chi_1$ $\mathcal{F}_2(\vec{\chi}) = g(\vec{\chi}) \left[1 - \sqrt{\chi_1/g(\vec{\chi})} \right]$ $g(\vec{\chi}) = 1 + 10(N - 1) + \sum_{i=2}^N [\chi_i^2 - 10 * \cos(4\pi)]$	$[-5, 5]^N$	10	$\chi_1 \in [0, 1]$ $\chi_i = 0$ $i \in 2, \dots, N$
ZDT6	$\mathcal{F}_1(\vec{\chi}) = \chi_1$ $\mathcal{F}_2(\vec{\chi}) = g(\vec{\chi}) \left[1 - (\mathcal{F}_1/g(\vec{\chi}))^2 \right]^{0,25}$ $g(\vec{\chi}) = 1 + 9 \left[\left(\sum_{i=2}^N \chi_i^2 \right) / (N) \right]^{0,25}$	$[0, 1]^N$	10	$\chi_1 \in [0, 1]$ $\chi_i = 0$ $i \in 2, \dots, N$

Estas funciones han sido especialmente ideadas para poner a prueba la habilidad del AEMO ya que contienen elementos que dificultan sustancialmente la evolución de la población hasta una distribución uniforme sobre el frente óptimo de Pareto. La función ZDT1 tiene un frente paretiano convexo; ZDT2 es la parte homóloga de ZDT1, ZDT3 contiene características discretas, su frente óptimo de Pareto esta compuesto por distintas partes convexas no continuas; ZDT4 contiene 21^9 frentes de Pareto óptimos locales, por lo que sirve para verificar la habilidad del NSGAI para enfrentarse a multimodalidad; por último ZDT6 incluye dos dificultades causadas por la no-uniformidad del espacio: primero, las soluciones no están distribuidas de forma uniforme a lo largo del frente óptimo de Pareto global (el frente esta sesgado hacia soluciones en las que $f_1(\vec{x}) \rightarrow 1$); segundo, la densidad de soluciones es más baja a medida que el frente de Pareto encontrado se acerca al frente óptimo global.

En este estudio, cuyo doble objetivo es comprender el funcionamiento del algoritmo y optimizar su rendimiento, vamos a cambiar los parámetros constituyentes del NSGAI ($p_c, p_m, \gamma, N_{pop}$) junto con los índices de distribución de los operadores de cruce SBX y mutación polinomial ($\eta_c y \eta_m$) que fueron definidos en los Apartados 2.7.2 y 2.8 del Capítulo ???. Finalizada la ejecución se calcula, usando la población resultante del proceso evolutivo, el valor de dos métricas que nos servirán para cuantificar el funcionamiento del algoritmo bajo las condiciones impuestas por el conjunto de parámetros seleccionado.

4.2.2. Métricas de medida de rendimiento

Al contrario que en las optimizaciones mono-objetivo donde se pretende obtener una solución lo más cercana posible al óptimo global, en las multiobjetivo se intenta acercarse lo máximo posible al frente paretiano global y al mismo tiempo mantener la diversidad de la población del frente óptimo de Pareto. Se han definido diversas métricas en la literatura [Zitzler, 1999; Deb, 2001] que intentan describir en que grado se alcanzan estos objetivos. Sin embargo, en el presente estudio vamos a usar las dos métricas propuestas en [Deb y otros, 2002], ya que estas evalúan el grado de cumplimiento de los dos objetivos en un conjunto de soluciones obtenida por un AEMO de forma más directa.

La primera métrica Υ , mide el grado de convergencia a un conjunto de soluciones óptimas de Pareto. Como conocemos la ecuación del frente óptimo

de Pareto para cada función prueba ($g(x) = 1$), es posible conocer el valor de esta métrica calculando la distancia euclídea media existente entre el frente óptimo de Pareto encontrado y el global. Mientras más bajo sea Υ , mejor será el grado de convergencia al frente global. Sin embargo, en la práctica (ver Fig. 4.2) nunca llega a ser cero aún cuando todos los individuos se encuentren en el frente óptimo de Pareto ya que para calcular esta métrica se ha de muestrear la curva $c = (\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2)$ y sólo en el caso de que todos los individuos del frente de individuos no dominados obtenido coincidiesen con alguno de los puntos de la curva muestreada c Υ sería cero. Por otro lado, individuos que se encuentren en el frente óptimo de Pareto y otras soluciones subóptimas pueden contribuir en igual cantidad a Υ si se encuentran a la misma distancia de un punto del frente muestreado. Para solventar estas eventualidades será necesario realizar un muestreo fino del frente para minimizar estos efectos.

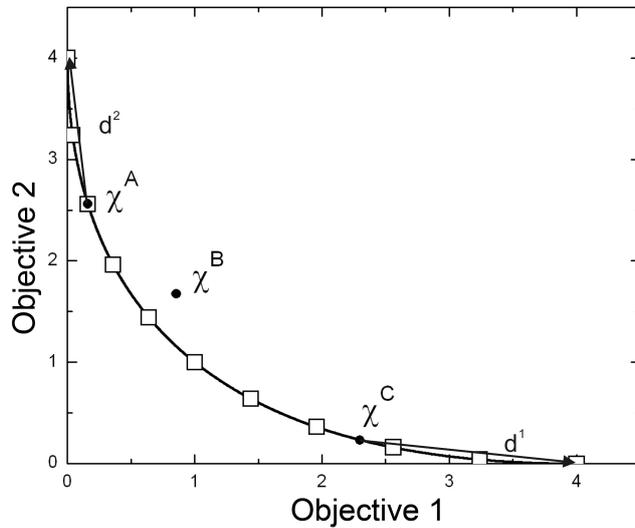


Figura 4.2: Υ sera cero sólo en el caso de que todos los individuos del frente obtenido (●) coincidiesen con alguno de los puntos muestreados (□) como el individuo χ^A . La contribución de los individuos χ^C y χ^B es a Υ es la misma a pesar de formar parte uno del frente óptimo de Pareto (—) y el otro no.

Para estimar el grado de difusión de las soluciones a lo largo del frente Pareto utilizaremos la métrica Δ . En las optimizaciones multiobjetivo, además de alcanzar el frente óptimo global, interesa tener un conjunto de soluciones que abarquen todo este frente de forma uniforme. Para ello se comienza cal-

culando la distancia euclídea d^i entre individuos adyacentes en el frente no dominado obtenido. A continuación se calcula la media de estas distancias \bar{d} y la distancia entre los individuos extremos a los extremos del frente óptimo de Pareto, d_1 y d_2 (ver. Fig. 4.2). Con estas magnitudes podemos usar la siguiente métrica para estimar la uniformidad de una distribución

$$\Delta = \frac{d_1 + d_2 + \sum_{i=1}^{N_{pop}-1} |d^i - \bar{d}|}{d_1 + d_2 + (N_{pop} - 1)\bar{d}} \quad (4.2)$$

Un conjunto de soluciones distribuido de forma uniforme por el frente de Pareto y con soluciones sobre los extremos de este hará d_1 y d_2 igual a cero y $d^i = (\bar{d})$, por lo que $\Delta = 0$. Por otro lado, si todas las soluciones convergen a una sola, $d^i = (\bar{d}) = 0$ y Δ valdrá la unidad. Sin embargo, Δ puede ser mayor que la unidad en distribuciones con elevada varianza. A modo comparativo, si existen individuos en la población que hayan alcanzado los extremos del frente de Pareto en dos ejecuciones del algoritmo, aquella con menor Δ representará la que cubra el frente de forma más uniforme.

4.2.3. Experimentos numéricos con el NSGAI

En este apartado vamos a estudiar la dinámica del algoritmo NSGAI, para ello iremos modificando los parámetros de entrada del algoritmo y estudiando su eficacia para evolucionar la población de individuos hacia el frente óptimo de Pareto global manteniendo, en la mayor medida posible, la uniformidad de soluciones sobre este frente. Como medida de cumplimiento de estos objetivos usaremos las métricas Υ y Δ definidas en el apartado anterior.

Antes de comenzar el estudio, hemos de definir el estado inicial del algoritmo sobre el que luego iremos realizando diversos cambios para estudiar sus efectos.

Para realizar este estudio vamos a usar los mismos operadores genéticos que en [Deb y otros, 2002], conocidos como cruce binario simulado y mutación polinomial, ambos descritos en los apartados 2.7.2 y 2.8 respectivamente, cuando introdujimos un conjunto de operadores usados de forma habitual en AGs. En este trabajo se dan unos valores para los índices de distribución (η_c y η_m) de estos operadores así como del tamaño de la población y de las tasas de

cruce y mutación, pero no se argumenta la razón de dicha elección, si no que se cita a [Deb y Agrawal, 1995], donde este operador es introducido y estudiado en funciones monoobjetivo. Por este motivo, realizaremos diversas pruebas con y tratar de sacar conclusiones. En adelante, el estado inicial del algoritmo estará definido por los siguientes parámetros:

- $\eta_c = 20$
- $\eta_m = 20$
- $p_c = 0,9$
- $p_m = 1/N_{gen}$
- $N_{pop} = 100$

A continuación iremos modificando estos parámetros siguiendo el mismo orden en el que los citamos.

4.2.3.1. Sobre η_C .

El parámetro η_C del cruce, como comentamos en el apartado 2.7.2, controla la probabilidad con la que los genes de los descendientes pueden alejarse de los de los progenitores, de forma que con índices de distribución bajos los genes de los descendientes pueden alejarse mucho de los de los padres, y si es elevado todo lo contrario, al realizarse el cruce los genes transformados mediante la operación aritmética en el punto de corte los genes descendientes estarán cerca, en el espacio fenotípico, de los genes de los progenitores.

A continuación presentamos los resultados de las optimizaciones realizadas sobre las funciones prueba anteriormente definidas variando $\eta_c = \{5, 10, 15, \dots, 100\}$. Para obtener resultados estadísticamente robustos de Δ y Υ realizaremos 50 ejecuciones independientes del algoritmo, cuyos resultados los mostramos en los siguientes diagramas de cajas:

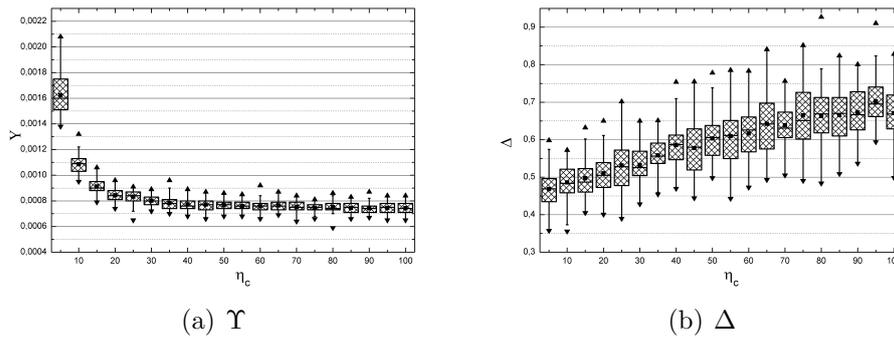


Figura 4.3: ZDT1 para variaciones de η_C .

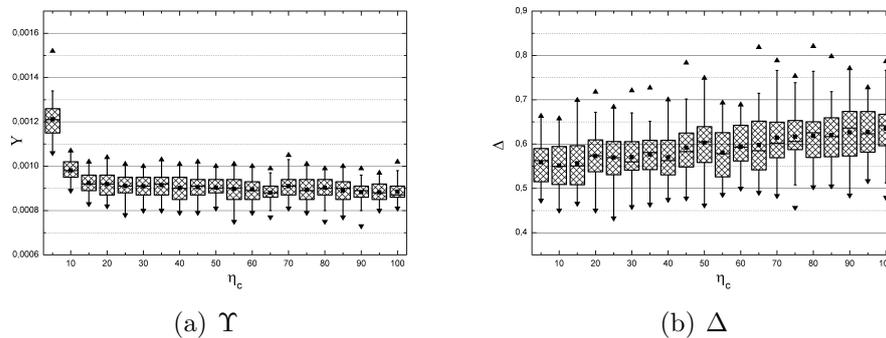


Figura 4.4: ZDT3 para variaciones de η_C .

Como vemos en estos resultados, el comportamiento de Δ es similar en todas las funciones propuestas, Δ crece con η_c (ver Figs. 4.3(b)-4.6(b)). Por otro lado, el comportamiento de Υ es algo más complejo. En las tres primeras funciones prueba, se obtienen frentes no dominados más cercanos al frente de Pareto global cuando se usan valores de η_C elevados, mientras que en *ZDT4* ocurre lo contrario, que las soluciones encontradas están más cerca de las globales usando valores menores de η_c que los recomendados en [Deb y otros, 2002]. Este hecho puede estar relacionado con la naturaleza multimodal, en sentido paretiano, ya que *ZDT4* posee múltiples frentes de Pareto locales de esta función prueba, ya que un operador de cruce con índice de distribución pequeño es más útil para escapar del vecindario de un mínimo local, ya que da mayores probabilidades de generar genes alejados de los paternos.

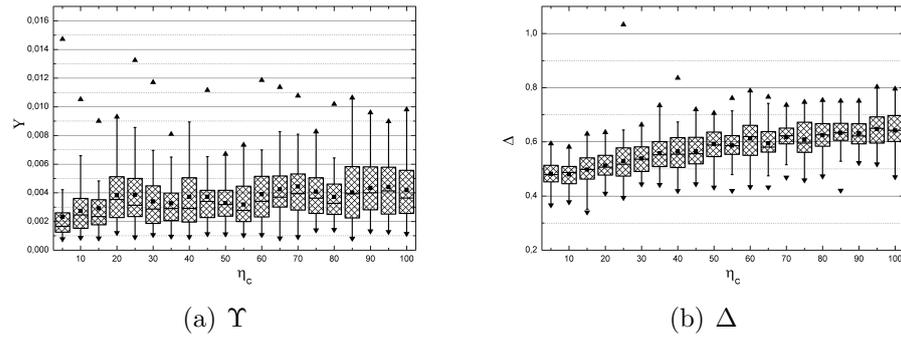


Figura 4.5: ZDT4 para variaciones de η_C .

Por otro lado, la función *ZDT6* parece encontrar el frente de soluciones no dominadas con la misma facilidad independientemente del valor del índice de distribución η_C , ya que no apenas diferencias entre usar un índice de dominación bajo o elevado.

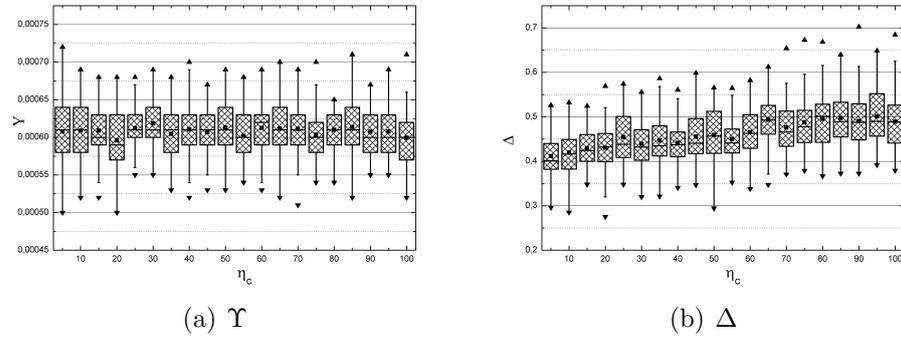


Figura 4.6: ZDT6 para variaciones de η_C .

4.2.3.2. Sobre η_M .

En este apartado vamos a estudiar el efecto que la variación del índice de distribución η_m . Al igual que el índice de distribución del operador de cruce SBX, el parámetro η_m controla la probabilidad de generar genes alejados del paterno mediante la mutación. Al igual que en el estudio anterior, vamos a

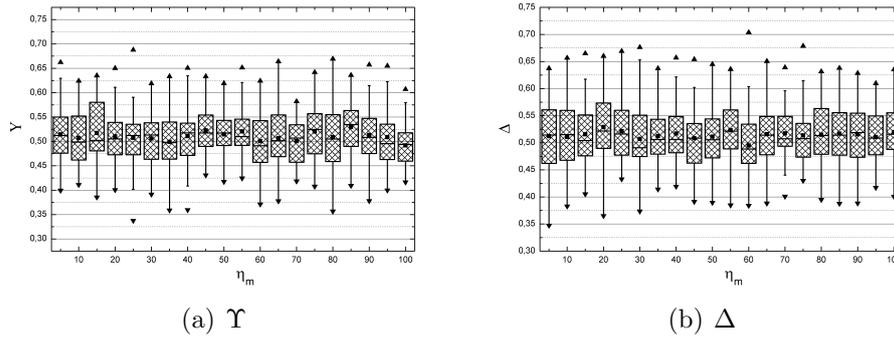


Figura 4.7: ZDT1 para variaciones de η_M .

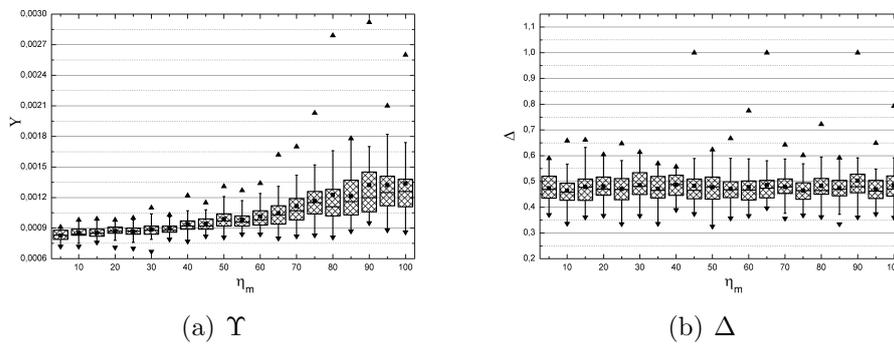


Figura 4.8: ZDT2 para variaciones de η_M .

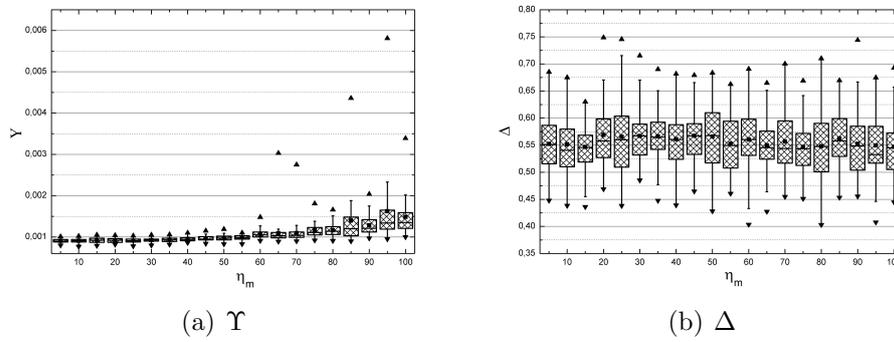


Figura 4.9: ZDT3 para variaciones de η_M .

realizar optimizaciones con $\eta_m = \{5, 10, 15, \dots, 100\}$ y veremos que efectos se producen en los valores de Υ y Δ al final de estas.

Al igual que con la variación del índice de distribución del operador de cruce, en este caso la variación de η_c ofrece, en las funciones *ZDT1*, *ZDT2* y *ZDT3* un comportamiento análogo tanto entre la distancia al frente de Pareto global y el obtenido, como en uniformidad de la distribución. En las gráficas que mostramos para estos experimentos (ver Figs. 4.7, 4.8 y 4.9) podemos observar como a medida que aumentamos η_m los individuos no dominados encontrados al final de las optimizaciones se encuentran mas alejados del frente óptimo de Pareto (Υ cada vez mayor). Sin embargo, en estas mismas figuras se puede comprobar que en el grado de uniformidad de soluciones no se aprecia ninguna tendencia a mejorar ni empeorar al variar este parámetro, permaneciendo aproximadamente constante en todo el intervalo estudiado. En cambio,

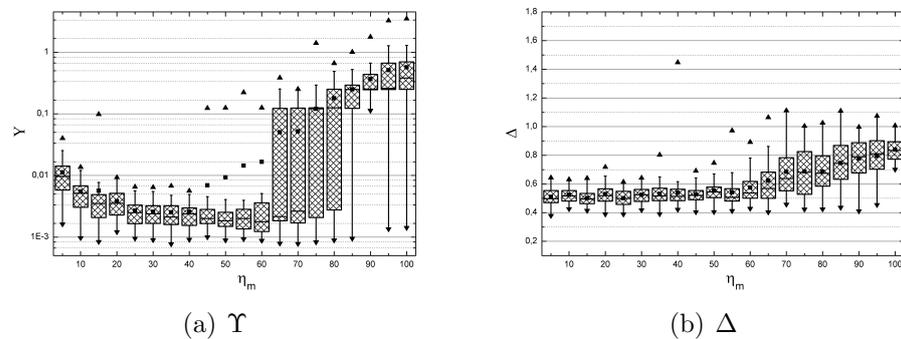


Figura 4.10: ZDT4 para variaciones de η_M .

de nuevo en la función ZDT4 encontramos un comportamiento distinto al resto. En este caso, al aumentar el índice de distribución del operador de mutación polinomial, las prestaciones del algoritmo mejoran, ya que se reduce el valor de Υ mientras que el de Δ permanece prácticamente constante. Sin embargo, a partir de $\eta_m = 30$ se comienzan a detectar síntomas de que el algoritmo comienza a estancarse en regiones subóptimas del espacio, ya que en ocasiones el valor máximo (\blacktriangle) de Υ se aleja mucho de la media y, si se sobrepasa el valor $\eta_m = 60$ las prestaciones del algoritmo se deterioran de forma dramática. Este hecho también puede observarse en la gráfica de Δ , donde a partir de este valor del índice de distribución uniformidad de la distribución de soluciones empeora. Este suceso está relacionado de nuevo con la habilidad del algoritmo

para escapar de óptimo locales, ya que un índice de distribución demasiado grande reducirá, hasta hacer muy improbable, las posibilidades de hacer salir un individuo de una situación de óptimo local.

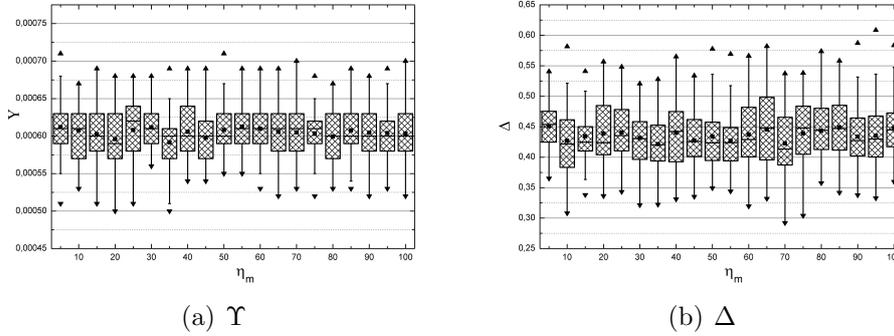


Figura 4.11: ZDT6 para variaciones de η_M .

Por último, parece que $ZDT6$ es inmune a los cambios de η_m , si acaso apreciándose un aumento de la dispersión en Υ al aumentar este índice de distribución.

4.2.3.3. Sobre p_c .

En esta serie de experimentos veremos como es necesaria una tasa de cruce elevada para obtener resultados óptimos tanto en convergencia al frente óptimo de Pareto como en que las soluciones se encuentren distribuidas de forma uniforme sobre él. Como todas las funciones tienen un comportamiento similar, solamente mostraremos resultados numéricos para la función $ZDT4$, que era la que estaba teniendo un comportamiento más singular en las comparativas de η_C y η_M .

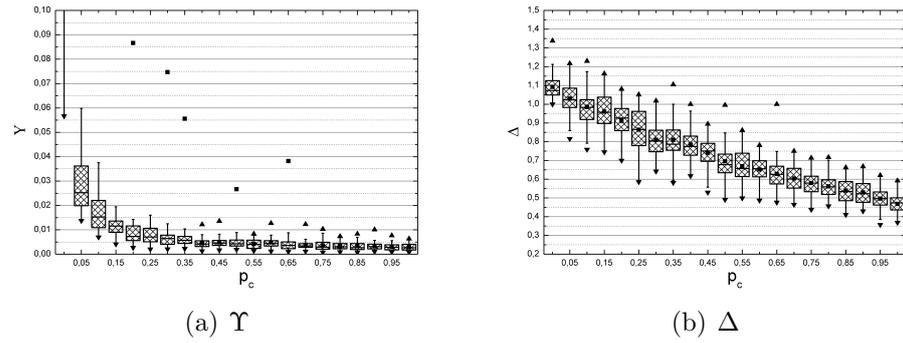


Figura 4.12: ZDT4 para variaciones de p_c .

Como se puede ver en la Figura 4.2.3.3, tanto Υ como Δ disminuyen con el aumento de la tasa de cruce, ajustándose al valor sugerido en [Deb y otros, 2002].

4.2.3.4. Sobre p_m .

Como ha ido sucediendo en estas pruebas, las tres primeras funciones presentan un comportamiento similar ante la variación de alguno de los parámetros. En este caso, el aumento de la tasa de mutación provoca una ligera mejora en las prestaciones del algoritmo como podemos observar en la Figura 4.13.

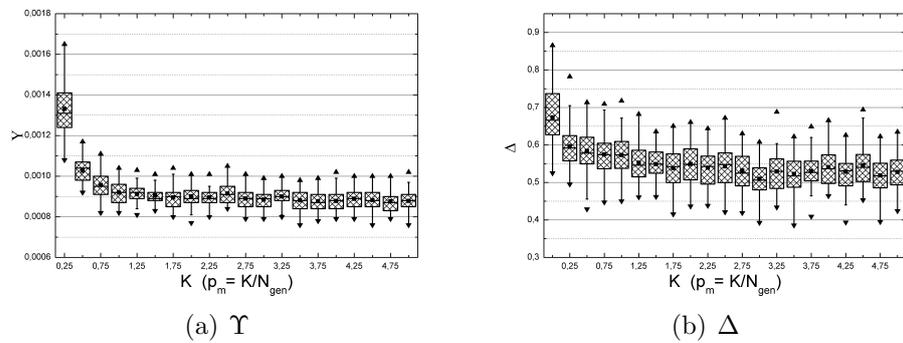


Figura 4.13: ZDT3 para variaciones de p_m .

Sin embargo, en la función ZDT4 (Fig 4.14), el algoritmo trabaja mejor con tasas de mutación algo superiores al valor $1/N_{gen}$ propuesto en [Deb y otros, 2002] en relación a la uniformidad de la distribución empeorando levemente la convergencia al frente de Pareto global.

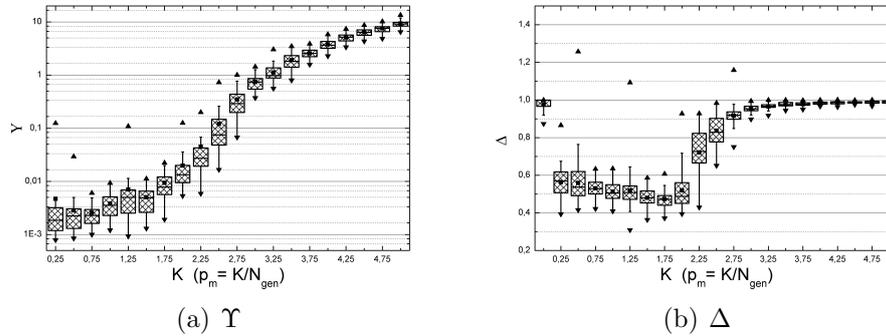


Figura 4.14: ZDT4 para variaciones de p_m .

Por último, en la función ZDT6 el frente obtenido está muy cerca del global (valores de Υ en torno a $6e-4$), por lo que la variación de p_c no afecta en demasía la habilidad del algoritmo situar individuos sobre dicho frente. Sin embargo, si observamos los valores de Δ (Fig. 4.15(b)) constatamos que la distribución de individuos sobre el frente se uniformiza aumentando la tasa de mutación. Esto es debido a que, una vez encontrado el frente global, mediante la alta tasa de mutación se generan nuevos individuos sobre el mismo con una distribución cada vez más uniforme.

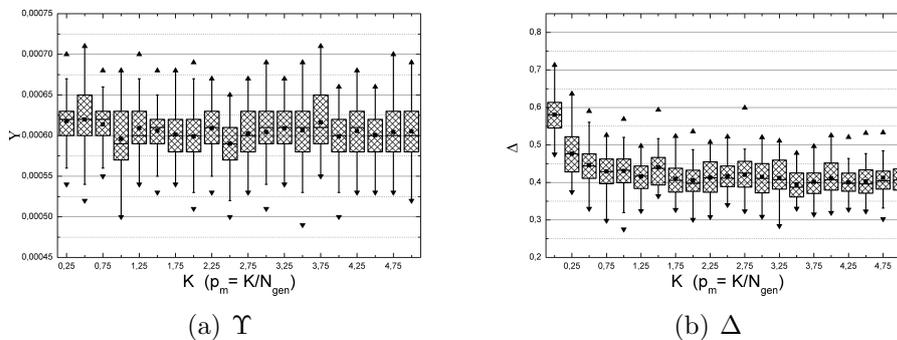


Figura 4.15: ZDT6 para variaciones de p_m .

4.2.3.5. Sobre N_{pop} .

El este apartado comprobaremos el efecto que tiene el tamaño de la población en la dinámica de la optimización. En este caso, en todas las funciones se observa el mismo comportamiento, por lo que sólo mostraremos, los resultados obtenidos en el estudio de la función ZDT2 (ver Fig. 4.16)

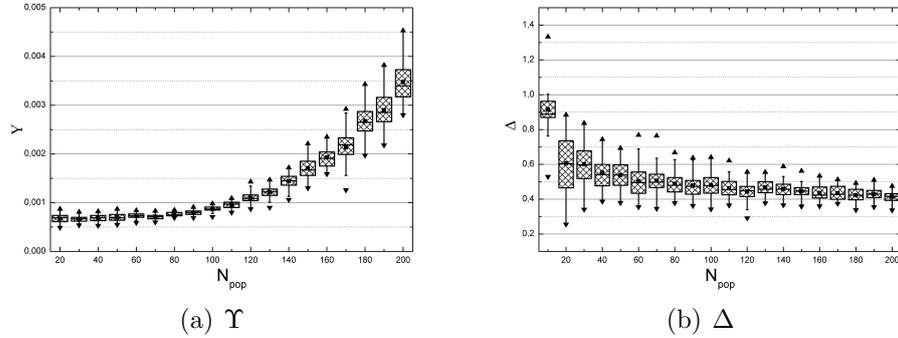


Figura 4.16: ZDT2 para variaciones de N_{pop} .

Los resultados indican que, tamaños pequeños de población resultan en reducción de la distancia entre los frentes obtenido y global a costa de empeorar la uniformidad en la distribución de soluciones. Sin embargo, si se aumenta el tamaño de la población, de forma progresiva se consigue mejorar la distribución de individuos sobre el frente. Teniendo en cuenta estos resultados, será el diseñador el que decida si son necesarias encontrar algunas de las soluciones del frente óptimo global, o si es suficiente con encontrar un conjunto de soluciones distribuidas uniformemente que cumplan unas características mínimas.

4.3. Conclusiones.

En este capítulo hemos presentado un algoritmo multiobjetivo basado en los AGs ampliamente usado en el diseño de sistemas electromagnéticos ([Weile y otros, Aug 1996; Moreno de Jong, van Coevorden y otros, 2005, 2007]), donde, además de detallar su funcionamiento, hemos realizado diversos experimentos numéricos en los que variando sus parámetros estudiamos su grado

de convergencia al frente paretiano global y la diversidad en las soluciones. En este estudio hemos comprobado como, con una elección adecuada de los parámetros, el algoritmo NSGA encuentra el frente global con un conjunto de soluciones con separación uniforme, haciéndolo un excelente candidato para la optimización simultánea de varios objetivos en problemas prácticos.

En el siguiente capítulo comprobaremos la habilidad tanto del algoritmo presentado en este capítulo como en el anterior para el diseño de agrupaciones de antenas, mientras que en el último capítulo de la memoria se realizarán optimizaciones de sistemas radiantes formados por hilos delgados.

Capítulo 5

Diseño optimizado de agrupaciones de antenas

Como se comentó en la introducción de la presente memoria, una de las principales aplicaciones de los AGs a electromagnetismo fué la síntesis de agrupaciones de antenas. En los trabajos que se citaron se incluye la optimización de todos y cada uno de los parámetros posibles en una agrupación de antenas, como por ejemplo el módulo y/o fase de los coeficientes de excitación, la posición de las raíces del polinomio de Schelkunoff o la estructura geométrica de la misma. DE esta forma, los AGs se han aplicado a un amplio abanico de diseños que involucraban la minimización del nivel de lóbulos laterales, el modelado de la forma del campo, la reducción del número de elementos radiantes, o la reconstrucción del diagrama de radiación frente al fallo de determinados elementos radiantes. Viendo esta gran diversidad de aplicaciones, la inclusión en esta memoria de un capítulo de síntesis de agrupaciones de antenas mediante AGs se justifica teniendo en cuenta que esta aplicación nos servirá como banco de prueba a problemas prácticos, en los que además existen, en algunos casos soluciones analíticas, de forma que podremos comprobar la eficacia de los algoritmos propuestos en el diseño optimizado de agrupaciones de antenas

mediante AGs. Por otro lado, la búsqueda de soluciones óptimas en espacios continuos nos permitirá establecer los límites de mejora del algoritmo $\varepsilon HTGA$ respecto a los AGCs.

En este capítulo está dividido en tres secciones. En la primera de ellas introduciremos todos los elementos teóricos y de notación que de los que haremos uso a lo largo del capítulo. En el segundo epígrafe comprobaremos la eficacia de los algoritmos propuestos en problemas complejos de solución conocida. Para concluir el capítulo se procederá al diseño de una agrupación de antenas con geometría bidimensional de 4×4 elementos, en los que se optimizarán tres objetivos de forma simultánea.

5.1. Fundamentos teóricos de la síntesis de agrupaciones de antenas

En esta sección se comentan algunas características generales del campo de radiación producido por una agrupación de antenas. Como es bien conocido [Gómez~Martín, to appear], dicho campo puede ser expresado como el producto de dos magnitudes: una, el campo creado por uno de los elementos del conjunto, y la otra, el factor de agrupación (o factor de *array*), que depende sólo de las excitaciones y las posiciones relativas de los radiadores elementales. El proceso de separación del campo en estas dos partes se conoce como factorización o principio de multiplicación de diagramas.

Supongamos, pues, una agrupación de N_e antenas o elementos radiantes idénticos e igualmente orientados (ver Fig. 5.1) y con distribuciones de corrientes que se diferencian unas de otras sólo por coeficientes complejos¹. Tomando un punto de la distribución de corriente de una antena de referencia A_1 , como origen de un sistema de coordenadas, la posición y la distribución de corriente del elemento A_n de la agrupación pueden ser especificadas respectivamente mediante un vector \vec{r}_n que, aplicado a un punto de la antena de referencia lo traslada a la posición del punto homólogo de la antena n , y mediante la magnitud compleja \hat{C}_n ; que representa el coeficiente de excitación por el cual debe multiplicarse la distribución de corriente de la antena de referencia para

¹Esta afirmación supone despreciable el acoplamiento entre elementos radiantes

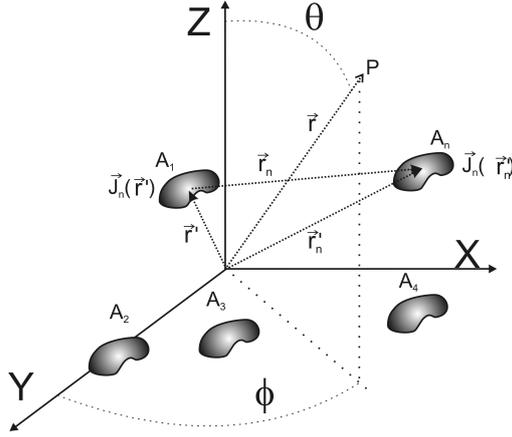


Figura 5.1: Agrupación de N elementos radiantes idénticos con la misma orientación.

obtener la de la antena n . Por tanto, si \vec{r}' es el vector de posición de un punto de la antena de referencia y \vec{r}'_n el que fija el punto homólogo del radiador n , deben cumplirse:

$$\vec{r}'_n = \vec{r}' + \vec{r}_n \quad (5.1a)$$

$$\vec{J}_n(\vec{r}'_n) = \hat{C}_n \vec{J}_1(\vec{r}') \quad (5.1b)$$

siendo \vec{J}_n y \vec{J}_1 las distribuciones de corriente de los elementos A_n y A_1 respectivamente. En estas condiciones, el campo eléctrico de radiación creado por la agrupación en un punto lejano $P(\vec{r})$ viene dado por

$$\vec{E}(\vec{r}) = \vec{E}_1(\vec{r}) AF(\theta, \varphi) \quad (5.2)$$

donde $\vec{E}_1(\vec{r})$ es el campo eléctrico correspondiente a la antena de referencia. La ecuación ((5.2)) indica que el diagrama de radiación de una agrupación resulta del producto del diagrama de radiación de un elemento ($\vec{E}_1(\vec{r})$) y el modulo del factor de agrupación $AF(\theta, \varphi)$ definido por

$$AF(\theta, \varphi) = \sum_{n=1}^{N_e} \hat{C}_n e^{jk\hat{r}\cdot\vec{r}_n} \quad (5.3)$$

que es una magnitud compleja sin dimensiones que, fijada la frecuencia, depende únicamente de los coeficientes de excitación \hat{C}_n y de la posición relativa de los elementos \vec{r}_n , y es independiente del tipo de antena que forme la agrupación. En los siguientes apartados desarrollaremos la expresión (5.3) para los casos particulares de agrupaciones lineales y planas uniformes, cuyos diseños abordaremos en secciones posteriores.

5.1.1. Factor de *array* para agrupaciones lineales uniformes

Consideremos, sin pérdida de generalidad, que la agrupación lineal tiene la dirección del eje Z y el origen de coordenadas del sistema de referencia está situado en un extremo de la agrupación.

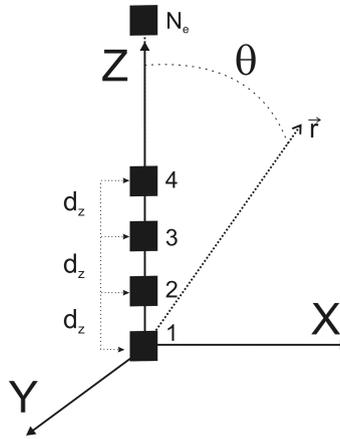


Figura 5.2: Agrupación lineal de N_e elementos radiantes

Si se supone, como es habitual en la práctica, que el espaciado entre las antenas que constituyen la agrupación es uniforme, el factor de *array* para este tipo de agrupaciones viene dado por

$$AF_z(\theta) = \sum_{n=1}^{N_e} \hat{C}_n e^{jk(n-1)d_z \cos \theta} \quad (5.4)$$

dónde \hat{C}_n es el coeficiente de excitación del elemento situado en la posición $z = (n - 1)d_z$, d_z la separación entre elementos, $k = 2\pi/\lambda$ el número de onda y θ el ángulo medido con respecto al cenit, esto es, la dirección con respecto al eje positivo Z .

Si se sustituye

$$w = e^{jkd_z \cos \theta} \quad (5.5)$$

el factor de *array* se convierte en $AF_z(w) = \hat{C}_N f(w)$ donde

$$f(w) = \sum_{n=1}^N \frac{\hat{C}_n}{\hat{C}_N} w^{n-1} = \prod_{n=1}^{N-1} (w - w_n) \quad (5.6)$$

donde, aplicando el teorema fundamental del álgebra, se ha descompuesto el polinomio complejo $f(w)$ como producto de los $N - 1$ monomios de las raíces de este. Como $f(w)$ difiere de $AF_z(\theta)$ sólo por una constante multiplicativa, también puede verse como un factor de *array*. A este polinomio $f(w)$ complejo se le conoce como polinomio de Schelkunoff, y a partir de él se puede sintetizar un diagrama con nulos de radiación siempre que se seleccionen las raíces w_n dentro del rango de variación de w [Schelkunoff, 1943] en la circunferencia de radio unidad del plano complejo. A este proceso de síntesis se le conoce como síntesis de agrupaciones de antenas mediante el método de Schelkunoff.

5.1.2. Agrupaciones planas uniformes

Para encontrar la expresión del factor de array de una agrupación bidimensional, en la que los elementos están colocados en una cuadrícula, de forma rectangular, como se muestra en la Figura 5.3, haremos uso de la expresión general del AF (5.3) y del vector posición de los elementos radiantes \vec{r}_{mn} . Supongamos que existen N_x filas de elementos paralelos al eje Y , con una separación entre estas de d_x . Cada una de estas filas tiene N_y elementos separados por una distancia d_y . Nos referiremos al elemento mn -ésimo como aquel que se encuentra situado en la posición determinada por $\vec{r}'_{mn} = [(m-1)d_x]\hat{x} + [(n-1)d_y]\hat{y}$ dónde $1 \leq m \leq N_x$ y $1 \leq n \leq N_y$. El coeficiente de excitación del elemento mn -ésimo será denotada por C_{mn} . Con esta notación, el factor de array se escribe de la

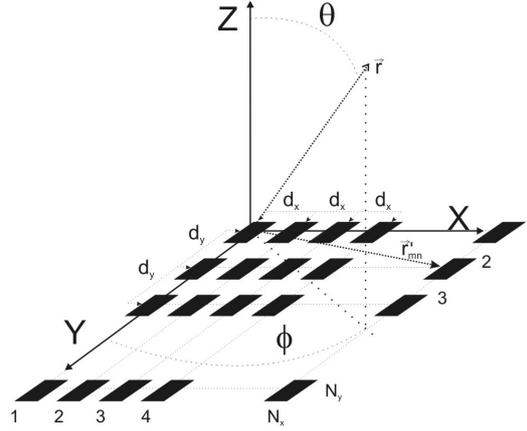


Figura 5.3: Esquema de una agrupación bidimensional de $N_x \times N_y$ elementos radiantes distribuidos sobre una malla.

forma

$$AF(\theta, \varphi) = \sum_{m=1}^{N_x} \sum_{n=1}^{N_y} \hat{C}_{mn} e^{jk \sin \theta (md_x \cos \varphi + nd_y \sin \varphi)} \quad (5.7)$$

Si cada fila tiene la misma distribución de corriente, aunque los niveles de corriente no sean iguales en filas diferentes, esto es, $\hat{C}_{mn} = \frac{\hat{C}_{m1} \hat{C}_{1n}}{\hat{C}_{11}}$, entonces la distribución de corriente se dice que es *separable* y el factor de array se expresa de la forma:

$$AF(\theta, \varphi) = AF_x(\theta, \varphi) AF_y(\theta, \varphi) \quad (5.8)$$

dónde

$$AF_x(\theta, \varphi) = \sum_{m=1}^{N_x} \hat{C}_m e^{jkm d_x \sin \theta \cos \varphi} \quad (5.9a)$$

$$AF_y(\theta, \varphi) = \sum_{n=1}^{N_y} \hat{C}_n e^{jkn d_y \sin \theta \sin \varphi} \quad (5.9b)$$

y

$$\hat{C}_m = \hat{C}_{m1} / \hat{C}_{11}, \quad \hat{C}_n = \hat{C}_{n1} / \hat{C}_{11} \quad (5.10)$$

son las distribuciones de corriente normalizadas en la fila paralela al eje X e Y respectivamente. La ecuación (5.8) es un ejemplo del principio de multiplica-

ción de diagramas. Se reconoce a los factores (5.9a) y (5.9b) como los factores de array de agrupaciones lineales uniformes paralelas a los ejes X e Y, ya que $\hat{r} \cdot \hat{x} = \sin \theta \cos \varphi$ y $\hat{r} \cdot \hat{y} = \sin \theta \sin \varphi$

5.1.3. Los AGs como herramienta de síntesis de agrupaciones de antenas

Para la aplicación de los AGs al diseño optimizado de *arrays*, como en cualquier problema de optimización, se ha de definir por un lado el espacio de búsqueda, y por otro establecer una función fitness adecuada, mediante la cual, el algoritmo guíe la población de individuos hacia el diseño deseado. Esta fase del proceso de optimización es fundamental, y de él puede depender el éxito o el fracaso de una optimización. En el caso que nos ocupa, las variables de entrada de la función fitness son la geometría de la agrupación por un lado, y por otro la excitación relativa de cada uno de los elementos radiantes. Sin embargo el espacio de búsqueda formado por todas las posibles distribuciones de corriente no es la única elección posible, siendo a veces más útil trabajar con otras representaciones, como las raíces del polinomio de Schelkunoff a la hora de minimizar los niveles de lóbulos laterales [Haupt y Werner, 2007].

En lo referente al espacio de búsqueda, este ha de ser lo suficientemente grande como para contener la solución del problema, pero ha de reducirse en la mayor medida posible, tanto en dimensionalidad reduciendo el número de variables aprovechando simetrías, como en el intervalo de variación de las variables, rechazando regiones del espacio en las que se conoce que no se encuentra la solución, para facilitar el proceso de búsqueda de soluciones óptimas.

Ejemplo de esto es el caso de la síntesis de un diagrama con haz sectorial, entre las direcciones determinadas por θ_1 y θ_2 y un nivel de lóbulos laterales establecido en el resto de direcciones del espacio (ver Fig 5.4).

Este problema podría ser tratado directamente optimizando los coeficientes de excitación, sin embargo, debido a que se ha de minimizar el nivel de lóbulos laterales y que el rellenado de ceros se puede conseguir desplazando la posición de algunas de las raíces del polinomio de Schelkunoff fuera de la circunferencia unidad [Rodríguez y Ares, 1997], es más conveniente usar el espacio de las raíces de este polinomio como espacio de búsqueda. Como se

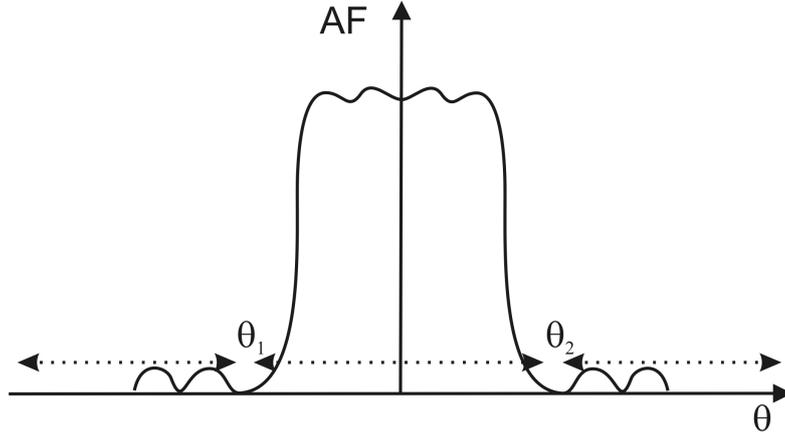


Figura 5.4: Diagrama de radiación sectorial de una agrupación de antenas.

ha comentado con anterioridad, las raíces del polinomio de Schelkunoff que provocan nulos del diagrama de radiación se encuentran sobre la circunferencia unidad y para rellenar ceros en determinadas direcciones (entre θ_1 y θ_2 , en el ejemplo propuesto) basta con desplazar fuera de esta algunas raíces. De esta forma, el espacio de búsqueda se reduce a la corona circular definida por $C_0(\rho_1, \rho_2) = \{w \in \mathbb{C} / \rho_1 \leq |w| \leq \rho_2\}$ (Fig. 5.5). Hasta este punto, no se ha formulado ninguna hipótesis sobre la localización de las raíces en C_0 usando para ello información del problema particular. Si se hace esto, el espacio de búsqueda puede reducirse aún más. Por ejemplo, en este caso el diagrama de radiación es simétrico, por lo que los coeficientes de excitación obligatoriamente han de serlo también. Esto contrae a la mitad el espacio de búsqueda, pues si en un polinomio palindrómico ² complejo $w_n \in \mathbb{C}$ es una raíz, también los es $1/w_n$. Igualmente se rebajaría a la mitad la dimensionalidad del espacio de búsqueda. Por último, para contraer al máximo el espacio de búsqueda se pueden formular hipótesis del emplazamiento de las soluciones. En este caso particular, sabemos que entre $\theta \in [0, \theta_1]$ y $\theta \in [\theta_2, 180]$ no hay necesidad de rellenar ceros para cumplir las especificaciones de este problema, por lo que en estas direcciones de observación podríamos hacer $\rho_1 = \rho_2 = 1$, y buscar únicamente las raíces adecuadas sobre la circunferencia unidad que dieran con el nivel de lóbulos deseado y el resto serían las necesarias para rellenar los ceros

²Un polinomio se dice palindrómico si sus coeficientes se leen igual de derecha a izquierda que a la inversa (ABCBA, $Ax^4 + Bx^3 + Cx^2 + Bx + A$)

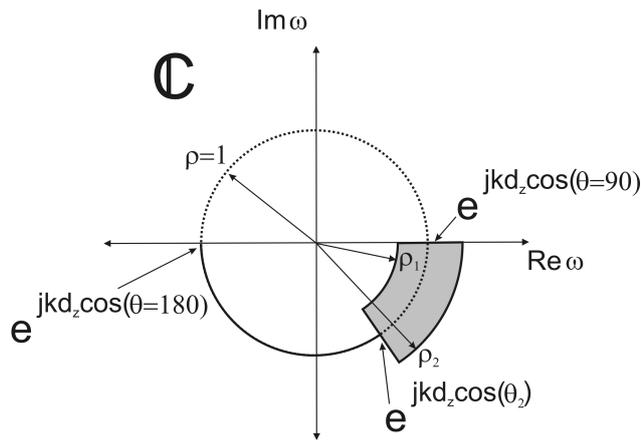


Figura 5.5: Espacio de búsqueda del problema de síntesis de un diagrama de radiación sectorial de una agrupación de antenas.

de forma apropiada (ver Fig. 5.5).

Como hemos dicho al inicio de este epígrafe, el otro elemento determinante para el éxito de una optimización es la adecuada construcción de la función *fitness*. Cuando dijimos que esta función es la encargada de guiar la búsqueda, consideramos que esto se cumple literalmente, ya que a través de ella se construye la imagen del espacio de búsqueda, constituyendo un “hiperrelieve” que contendrá óptimos locales y valles de “fitness”, por el que la población deberá discurrir hasta encontrar el óptimo global, de ahí la importancia de su correcta elección.

En este capítulo vamos a realizar síntesis de agrupaciones lineales, mono y multiobjetivo, con soluciones analíticas conocidas para comprobar la eficiencia de los métodos presentados en los capítulos 3 y 4. En las optimizaciones monoobjetivo, nos propondremos hallar la distribución de corriente que genera un diagrama de radiación deseado sin ninguna restricción sobre esta. Básicamente, las características deseables de un diagrama de radiación puede tener dos regiones claramente diferenciables (ver Fig. 5.4), una en la que se desea una topología de lóbulos laterales y otra en la que se requiere que el diagrama se asemeje en la mayor medida posible a una forma determinada. Si trasladamos este argumento al lenguaje de las matemáticas podemos decir que el grado de bondad de una solución puede medirse, de forma general, como la contribución

de dos sumandos:

$$f_{AF} = c_1 f_{SLL} + c_2 f_{modelada} \quad (5.11)$$

donde c_1 y c_2 son constantes que pueden ser usadas para controlar la importancia de cada uno de los sumandos de la función fitness. En la presente memoria las funciones f_{SLL} y $f_{modelada}$ en la presente memoria definiremos como:

$$f_{SLL} = |N_{maxdes} - N_{max}| + \sum_{i=1}^{N_{max}} \omega(\theta_{max_i}) |mask(\theta_{max_i}) - AF(\theta_{max_i})| \quad (5.12a)$$

$$f_{modelada} = \sum_{\theta_i}^{\theta_f} \Theta(|mask(\theta) - AF(\theta)|, db_{riz}) |mask(\theta) - AF(\theta)| \quad (5.12b)$$

en las que Θ y ω son dos funciones peso definidas por

$$\omega(\theta_{max_i}) = \frac{|mask(\theta_{max_i}) - AF(\theta_{max_i})|}{\sum_{k=1}^{N_{max}} |mask(\theta_{max_k}) - AF(\theta_{max_k})|} \quad (5.13)$$

y

$$\Theta(x, a) = \begin{cases} 0 & \text{if } x \leq a \\ 1 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (5.14)$$

respectivamente. Además, $mask^3$ es una función de θ que representa la magnitud deseada para el factor de *array* y db_{riz} controla el nivel de rizado en la región modelada, definido como la diferencia entre el diagrama obtenido y el deseado en esta región.

En la función f_{SLL} definida en 5.12a, el motivo de la presencia del primer sumando es asegurar la existencia del número de lóbulos que el diseñador desea, ya que una raíz puede provocar o no ceros de radiación dependiendo de su posición dentro de la zona visible de la circunferencia de Schelkunoff. De esta forma forzamos a que el conjunto de raíces seleccionas por el AG genere el número de máximos que se desean y, mediante el segundo sumando, estos tengan el nivel requerido. Por otro lado, hay que comentar el carácter dinámico de la función peso ω . Decimos que su comportamiento es dinámico

³En la bibliografía a esta función también se la denota como *mask*, pero no debe confundirse con aquella usada para realizar los cruces entre individuos.

ya que no sólo varía entre diagramas generados por individuos diferentes, si no que va cambiando a medida que el AG va encontrando soluciones más prometedoras. La esencia de este modo de ponderar las soluciones consiste en dar mayor importancia a los lóbulos cuyo nivel se encuentre más alejado de los deseados. Teniendo en cuenta que el objetivo del algoritmo es minimizar la función *fitness*, el resultado en la topología de lóbulos laterales será el de acercar progresivamente todos los máximos locales del factor de *array* al nivel deseado, dando mayor importancia a acercar los lóbulos más alejados de su nivel deseado que los más cercanos. Para aclarar la dinámica de este novedoso proceso de ponderado, veamos el siguiente ejemplo. Supongamos que nos encontramos ante un problema de síntesis en el que no se requieren regiones modeladas ($c_2 = 0$) y nos encontramos con tres individuos con el número de máximos deseado, siete en este caso (ver Fig. 5.6).

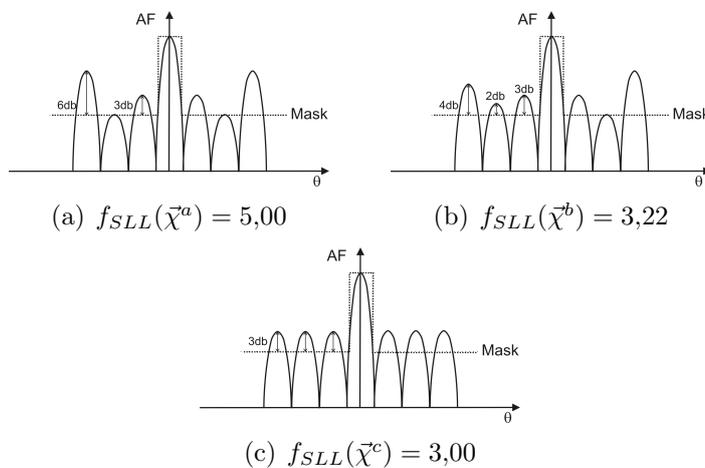


Figura 5.6: Los tres individuos $\vec{\chi}^a$, $\vec{\chi}^b$ y $\vec{\chi}^c$ tienen, en promedio, el mismo error entre la altura de los lóbulos obtenidos y los deseados (9dB), sin embargo si se pondera cada lóbulo usando la función peso dinámico ω , individuos con lóbulos muy alejados del deseado tendrán peor *fitness* que aquellos en los que estos estén cerca del nivel deseado.

Por otro lado, la otra función objetivo definida en 5.12b, contribuye a que el factor de *array* se acerque en la región delimitada por θ_i y θ_f a la forma deseada por el diseñador, establecida por la función *mask* permitiéndose un rizado en torno a este valor de Nr db.

5.1.4. Extensión del método de Schelkunoff mediante AGs

De acuerdo con el método de Schelkunoff, sólo las raíces que están sobre la circunferencia unidad y en el rango visible de la variable z definida en 5.5 contribuyen a los nulos del diagrama de radiación, si bien tanto las situadas sobre la circunferencia unidad como las que no, contribuyen a la forma del diagrama de radiación. Esto sugiere una forma de añadir grados de libertad al esquema de Schelkunoff con objeto de poder sintetizar un diagrama de radiación deseado: introducir la posibilidad de raíces que no se encuentren en la circunferencia unidad y determinar la situación óptima de todas las raíces para obtener un diagrama de radiación deseado. Ello supone calcular la posición radial y angular de todas las raíces, lo que constituye un problema de optimización no lineal que no puede abordarse por métodos clásicos pero si mediante algoritmos genéticos en la forma que nos plantearemos a continuación.

Si permitimos que M raíces de la ecuación 5.6, que denominaremos \tilde{w}_m ($m = 1, \dots, M$), puedan ser colocadas libremente en el plano complejo y el resto fijadas por el diseñador en las direcciones en las que se requieren nulos de radiación, la ecuación 5.6 se puede escribir como

$$f(w) = \prod_{m=1}^M (w - \tilde{w}_m) \prod_{n=1}^{N_c} (w - w_n) \quad (5.15)$$

donde N_c es el número de ceros del diagrama de radiación $N_c = N_e - M - 1$ y $\tilde{w}_m = \mu_m e^{j\zeta_m}$ es un número complejo situado dentro de una corona en el plano complejo. La elección adecuada de los μ y de los ζ permite controlar la forma del diagrama de radiación. En resumen, el diseño de una agrupación lineal de N antenas consiste en seleccionar un conjunto apropiado de $N - 1$ raíces complejas (N_c situadas sobre la circunferencia unidad y M fuera de este) que produzcan un factor de agrupación lo más aproximado al especificado por el diseñador. Las N_c raíces de módulo unidad garantizan nulos de radiación en las N_c direcciones deseadas y se escogen de acuerdo con la ecuación 5.5 mientras que con las M raíces restantes se modela la forma total del diagrama de radiación. En este capítulo, haremos uso de métodos de optimización basados en algoritmos genéticos para determinar estas M raíces. Finalmente, una vez conocidas, el polinomio correspondiente al factor AF, calculado con la expansión de 5.15,

nos dará la amplitud y fase de las corrientes con las que debe excitarse cada elemento de la agrupación.

5.2. Síntesis de Agrupaciones Lineales mediante AGs

En las secciones posteriores hemos presentado todos los elementos, tanto teóricos como los relacionados con el optimizador, necesarios para la realización de diseños optimizados de agrupaciones de antenas mediante AGs. En esta sección vamos a verificar la habilidad de los optimizadores presentados en los capítulos 3 y 4 en la síntesis de agrupaciones de antenas con soluciones analíticas conocidas, como son los arrays de Dolph-Chebichev. Este apartado estará compuesto de dos epígrafes en los que, por un lado estudiaremos el problema de síntesis monoobjetivo utilizando la función *fitness* definida en 5.11, y por otro realizaremos optimizaciones multiobjetivo en las que además de los requerimientos impuestos al campo, optimizaremos el rango dinámico de la distribución de corriente.

5.2.1. Optimización mono-objetivo de una agrupación lineal de radiadores isótropos.

En este epígrafe vamos a realizar la síntesis de un diagrama radiación de una agrupación de $N_z = 51$ radiadores isótropos separados $d_z = \lambda/2$, con un nivel de lóbulos laterales uniforme fijado a -35dB con respecto al máximo, cuyo haz se encuentra en la dirección *broadside* y un ancho sobre este nivel de $6,89^\circ$ ⁴, usando la extensión del método de Schelkunoff descrita en el Epígrafe 5.1.4 y el algoritmo $\varepsilon HTGA$. En principio este es un problema de 50 variables⁵ en \mathbb{C} en y donde los genes óptimos raramente se generan al azar, si no que los operadores operadores genéticos son responsables, con el paso de las generaciones, de obtener dichos valores óptimos. En este apartado demostraremos que

⁴La solución analítica a este problema de síntesis se puede obtener usando el método de Dolph.

⁵El número de raíces es $M = N_z - 1 = 50$, de los que hay que hallar su módulos y fases correspondientes.

el problema de síntesis optimizada mediante AGs es similar a los problemas de optimización de las funciones prueba f_1 , f_7 y f_8 , esto es, que el proceso evolutivo requerirá muchas generaciones con poblaciones pequeñas [Haupt y Werner, 2007], y, por otro lado, que el método de Taguchi ejecuta evaluaciones innecesarias, disminuyendo la tasa de convergencia. Posteriormente, y basándonos en este problema conocido, buscaremos, aún sin hacer un análisis exhaustivo, unos valores de los índices de distribución de los operadores polinomiales de cruce y mutación lo más apropiado posible para problemas de síntesis de agrupaciones de antenas mediante el método de Schelkunoff. Finalizaremos este epígrafe con dos problemas de síntesis, en primer lugar realizaremos un problema de optimización que, aún no constituyendo una aplicación real conocida, servirá para comprobar los beneficios del método dinámico de asignar pesos introducido en la función definida en 5.12a, y en segundo optimizaremos los coeficientes de excitación de una agrupación lineal de 20 elementos para obtener un diagrama sectorial cuyos resultados serán comparados con [Weng y otros, 2007].

Antes de comenzar con las optimizaciones que nos ayudarán a demostrar lo anteriormente dicho, hemos de establecer los parámetros constitutivos del algoritmo, así como los operadores que vamos a usar, el espacio de búsqueda y la *fitness* particular para este problema.

En particular, vamos a usar los operadores polinomiales de cruce a dos puntos y mutación con índices de distribución $\eta_c = 20$ y $\eta_m = 50$, donde hemos aumentado el índice de distribución de mutación para favorecer la búsqueda con mayor precisión en los entornos de las raíces. Hemos elegido estos operadores por su habilidad de explorar en los puntos de corte tanto el intervalo de explotación, que en este caso constituiría el comprendido entre las fases de las raíces de los progenitores, como el de exploración formado por el resto del espacio de búsqueda. Además, la elección de dos puntos de corte está justificada ya que es la más usada en la bibliografía y no hay consenso sobre las ventajas de elegir un número mayor de puntos de corte (ver Apartado 2.7). Por último tomaremos, como tasas de cruce y mutación, los siguientes valores $p_c = 0,8$ y $p_m = 0,04$.

Como hicimos en la sección anterior, vamos a aprovechar las simetrías del problema y del conocimiento que a priori tenemos de la solución. Como este problema es simétrico, no requiere el relleno de ceros y estos deben encontrarse fuera del intervalo $\theta \in [90 - 6,89/2, 90 + 6,89/2]$ podemos reducir el espacio de búsqueda de $\mathbb{C}^{50}(\mathbb{R}^{100}) \rightarrow [kd_z \cos(90 - 6,89/2), 180]^{25} \approx [11, 180]^{25}$.

En lo referente a la función *fitness*, ya que como no existe ninguna región en la que se requiera el modelado del campo, sino que sólo es necesario controlar la topología de lóbulos laterales, la constante c_2 de 5.11 es cero y eliminaremos la posibilidad de raíces múltiples fijando el parámetro $N_{maxdes} = N_z - 1$. Por otro lado definimos la función *mask* mediante la siguiente expresión:

$$mask_1(\theta) = \begin{cases} 0dB & \text{si } 86,45^\circ \leq \theta \leq 93,55^\circ \\ -35dB & \text{en caso contrario} \end{cases} \quad (5.16)$$

Con vistas a demostrar que el algoritmo AGC con elitismo supera al $\varepsilon HTGA$ en la síntesis de antenas, y que esta es más efectiva cuando las poblaciones son pequeñas, vamos a realizar el proceso de síntesis del diagrama de radiación especificado anteriormente mediante la extensión del método Schelkunoff usando ambos algoritmos, en los que con los operadores y parámetros elegidos, variaremos el tamaño de la población $N_{pop} = 20, 40, \dots, 100$. Para obtener resultados estadísticamente estables realizaremos 50 ejecuciones independientes del optimizador en cada caso, siendo el criterio de terminación $f_{AF} < 0,1$ o superar las 100000 evaluaciones. En la Figura 5.7 están representados los diagramas de radiación sintetizados mediante el método de Dolph y una típica solución encontrada mediante AGs tras cumplirse el primero de los criterios de terminación establecidos, que como puede apreciarse es idéntica a la de Dolph, pudiendo decirse que el algoritmo ha encontrado la solución óptima al problema propuesto. Por otro lado, en la Figura 5.8 mostramos los resultados estadísticos de estas optimizaciones que, como viene siendo habitual en la presente memoria, representamos mediante diagramas de cajas para una interpretación intuitiva de los resultados.

Como se puede ver en esta figura, la mejor opción es no usar el algoritmo sin el cruce mediante el método de Taguchi y con poblaciones pequeñas. Esto se debe, como hemos venido apuntando, a la necesidad de ir refinando los valores de los genes, en este caso fases de las raíces del polinomio de Schelkunoff, mediante los operadores genéticos de cruce y mutación, que tras repetida aplicación encontrarán el valor del óptimo global. A continuación, vamos a mostrar los resultados de una serie de optimizaciones que nos permitirán escoger unos valores de η_c y η_m más apropiados para los siguientes problemas de síntesis usando AGCs. Para ello iremos multiplicando el valor de ambos parámetros

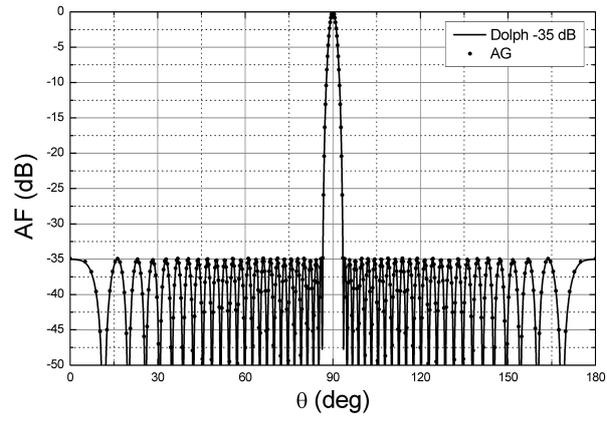


Figura 5.7: Diagramas de radiación sintetizados mediante el método de Dolph-Chebyshev y AGs

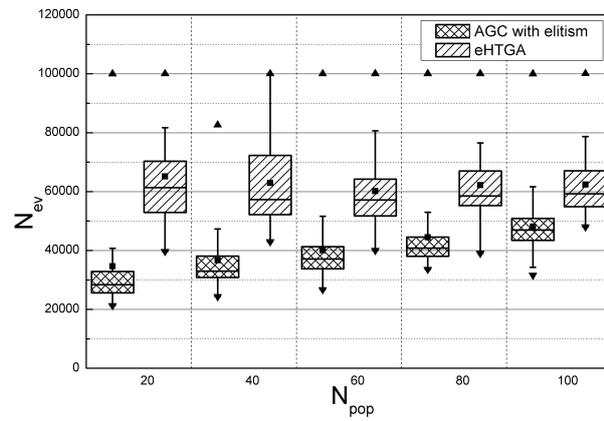


Figura 5.8:

hasta encontrar unos valores satisfactorios. Estos resultados pueden encontrarse en la Figura 5.9

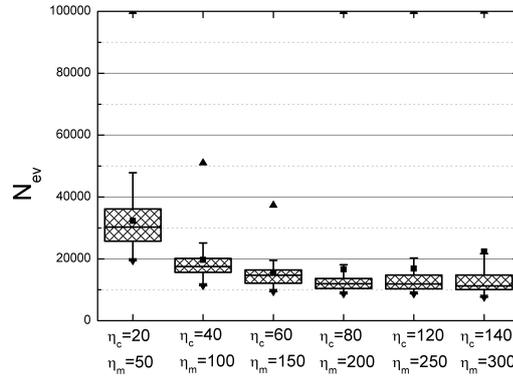


Figura 5.9: Evolución del rendimiento del algoritmo AGCs frente a distintos valores de η_c y η_m

Aún no pretendiendo realizar un estudio exhaustivo de los valores óptimos de los índices de distribución de los operadores genéticos para problemas de optimización de síntesis de agrupaciones de antenas, podemos comprobar como los valores óptimos, en torno $\eta_c = 60$ y $\eta_m = 150$, son mucho mayores que los propuestos en [Deb y otros, 2002] o [Deb y Agrawal, 1995]. En los siguientes ejemplos de problemas de síntesis, usaremos estos valores de índices de distribución.

Ejemplo 1. Diagramas con nivel de lóbulos modulados con una función seno. Para demostrar la mejora en la síntesis de diagramas con una topología determinada de lóbulos laterales que aporta el pesado dinámico de errores que hemos introducido mediante la expresión 5.13, vamos a realizar una serie de experimentos usando este método y el usual, en el que $\omega = 1$ para todos los lóbulos (θ_{max}), en problemas de síntesis de *arrays* de 35 elementos separados uniformemente $\lambda/2$. En estos problemas se desea una topología de lóbulos definida por la siguiente función máscara:

$$mask_2(\theta) = \begin{cases} 0dB & \text{si } 85^\circ \leq \theta \leq 95^\circ \\ (-35 + \lg(|m\theta|))dB & \text{en caso contrario} \end{cases} \quad (5.17)$$

$$\text{y } mask_2(\theta) = -40 \text{ si } mask_2(\theta) < -40.$$

donde m es un parámetro que controla el perfil de lóbulos laterales.

Con el objetivo de obtener datos que nos permitan aseverar que el ponderado dinámico presenta grandes ventajas como elemento que guía la búsqueda de la solución deseada, vamos a realizar 50 optimizaciones independientes con el ω definido en 5.13 y $\omega = 1$ (que de ahora en adelante llamaremos estático en contraposición al dinámico.), usando como funciones máscara las definidas en 5.17 con $m = \{1, 2, 3, 4\}$, y tomando como medida de bondad la fitness alcanzada al final de 3000 evaluaciones de la función objetivo. Los operadores y parámetros del algoritmo son los mismos que en el caso anterior salvo que no se realiza cruce mediante el método de Taguchi y, como los resultados numéricos han demostrado, reducido la población a $N_{pop} = 20$ individuos y fijado los índices de distribución de los operadores de cruce y mutación en $\eta_c = 60$ y $\eta_m = 150$. Ya que la solución es simétrica, el espacio de búsqueda sera el arco de la circunferencia unidad que va desde $\theta = e^{kdz \cos(85^\circ)}$ a $\theta = 180^\circ$. Los resultados de estos experimentos indican, ver Fig 5.10, que el método de ponderado de errores supera, en mucho, al estático, guiando la función fitness con este método a la población de forma más eficiente hacia el óptimo global.

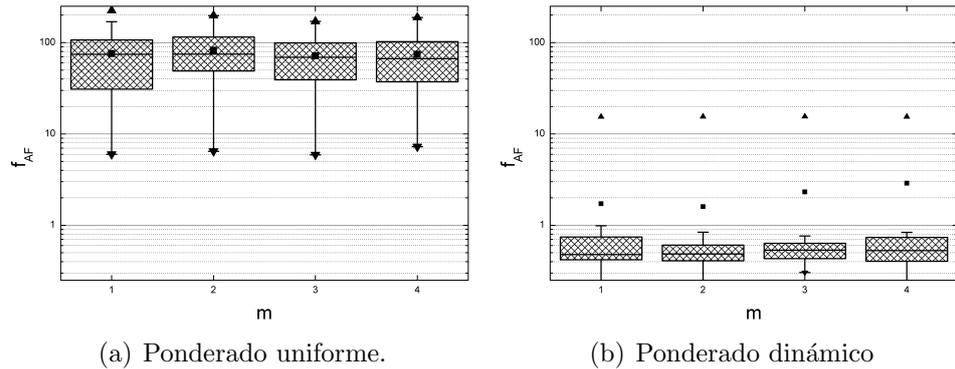


Figura 5.10: Resultados numéricos del estudio de las ventajas de la síntesis de agrupaciones de antenas usando el ponderado dinámico de errores, en la familia de funciones definida por la máscara 5.17.

A continuación representaremos los diagramas sintetizados mediante el método ponderado dinámico, ya que a vista del experimento realizado presenta ventajas en la dirección de la búsqueda en diagramas de radiación en

cartesianas. En la Figura 5.12 están representadas las distribuciones de co-

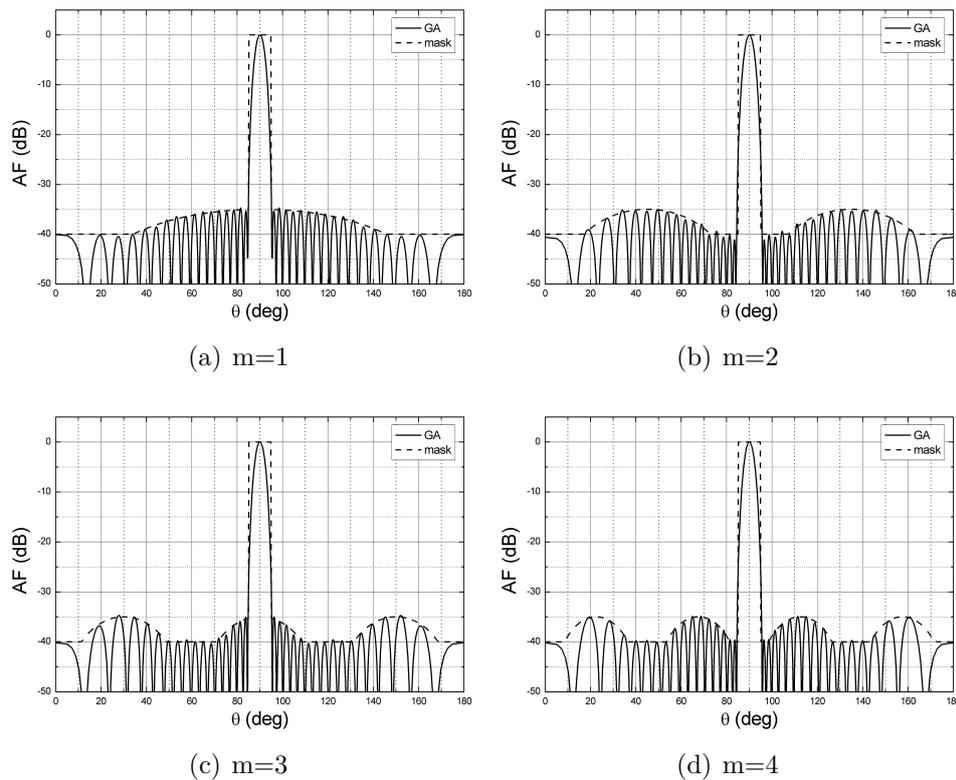
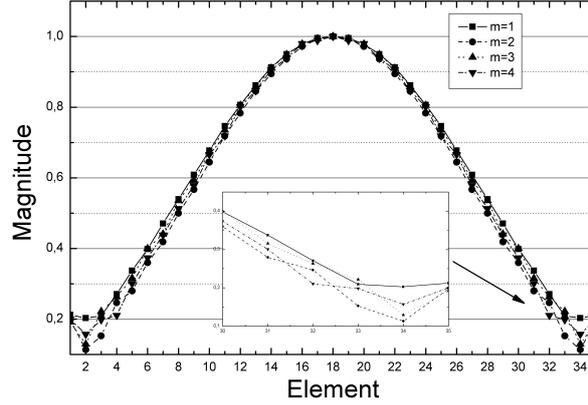


Figura 5.11: Diagramas de radiación obtenidos tras 3000 evaluaciones de la función *fitness*.

riente y las raíces del polinomio de Schelkunoff de los diagramas de radiación sintetizados para cada m . Observamos que no mucha la diferencia entre estas, siendo esto debido a que, una vez encontrado un conjunto de raíces w , que cumplan aproximadamente con la topología de lóbulos predeterminedada, sólo es necesario variar la distancia relativa entre estas en la circunferencia unidad para elevar o deprimir los lóbulos hasta que tengan el valor adecuado.

Ejemplo 2. Diagrama sectorial. En este ejemplo vamos a sintetizar el diagrama de radiación de una agrupación lineal de 20 elementos separados $\lambda/2$ orientados en la dirección del eje Z. Las especificaciones del diseño son



(a) Distribución de corriente.

Figura 5.12: Coeficientes de excitación de las agrupaciones cuyos diagramas de radiación están representados en la Figura 5.11.

una cobertura sectorial en dirección broadside entre $\theta = [78^\circ, 102^\circ]$, lóbulos laterales a -25dB fuera de la región limitada por $\theta = [70^\circ, 110^\circ]$ y rizado menor que 0.2dB en la zona modelada. Para ello tomaremos como valores de las constantes de la función *fitness* definida en 5.11 $c_1 = 1$, c_2 y $db_{riz} = 0,2$. Como en casos anteriores reduciremos el espacio de búsqueda aprovechando las simetrías del problema y el conocimiento que a priori tenemos de la solución. Por ello asignaremos dos ceros de radiación en las direcciones en $\theta = 70^\circ$ y $\theta = 110^\circ$ mediante la fijación de dos raíces en el plano complejo en las posiciones $\tilde{w}_1 = e^{\pi \cos(70^\circ)}$ y $\tilde{w}_1 = e^{\pi \cos(110^\circ)}$. El número de variables será reducido a la mitad por simetría y el espacio de búsqueda está esquematizado en la Figura 5.5, con $\theta_2 = 70$, $\rho_1 = 0,7$ y $\rho_2 = 1$. En este caso no hemos construido el espacio de búsqueda simétrico respecto a la circunferencia unidad ya que por un lado, la inversión con respecto a la circunferencia unidad de una raíz no altera la forma del campo⁶, y por otro no pretendemos optimizar el rango dinámico de la distribución de corriente, en cuyo caso si sería necesario aumentar ρ_2 para

6

$$f^{w_1 \rightarrow 1/w_1^*}(w) = \left| w - \frac{1}{w_1^*} \right| \times \left| \prod_{n=2}^{N-1} (w - w_n) \right| = \frac{1}{|w_1|} |w - w_1| \times \left| \prod_{n=2}^{N-1} (w - w_n) \right| = \frac{1}{|w_1|} f^{w_1 \rightarrow w_1}(w)$$

combinar efectivamente valores de raíces w_1 y $1/w_1^*$ de forma que redujésemos las variaciones en amplitud de los coeficientes de excitación [Rodríguez y Ares, 1997].

Para comparar la eficiencia del optimizador compararemos los resultados con lo presentados en [Weng y otros, 2007], por lo que limitaremos el número de evaluaciones a 5000⁷, realizando 5 ejecuciones independientes del algoritmo y cuyo mejor diseño presentamos en la Figura 5.13.

En este problema de síntesis se han alcanzado todos los objetivos fijados en un tiempo de computación mínimo, mejorando además los resultados previamente publicados con el mismo número de evaluaciones. En la Figura 5.14 presentamos los valores de los coeficientes de excitación resultantes de la expansión de la expresión 5.15 usando para ello las raíces fijadas y las encontradas por el algoritmo.

Como puede observar, la distribución obtenida presenta menor rango dinámico, 3.3 frente a 5.3⁸, que aunque no era objetivo de la optimización, resulta más conveniente para evitar acoplamientos entre elementos y facilita el diseño de la red de alimentación de la estructura.

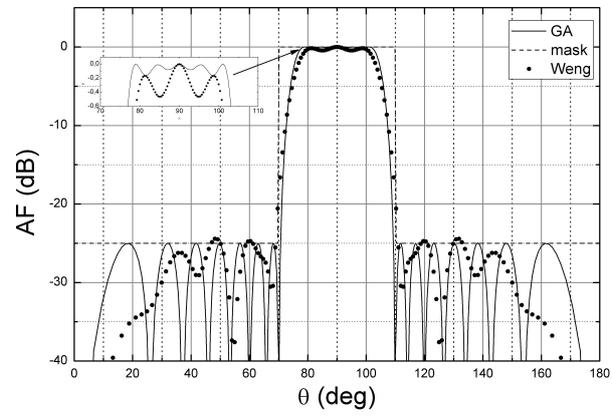
Como hemos visto en este ejemplo, el algoritmo con los parámetros propuestos, junto con la definición de una función *fitness* apropiada y la correcta elección del espacio de búsqueda, encuentra soluciones a problemas de ingeniería de forma rápida y eficaz.

5.2.2. Optimización multi-objetivo de una agrupación lineal de radiadores isótropos.

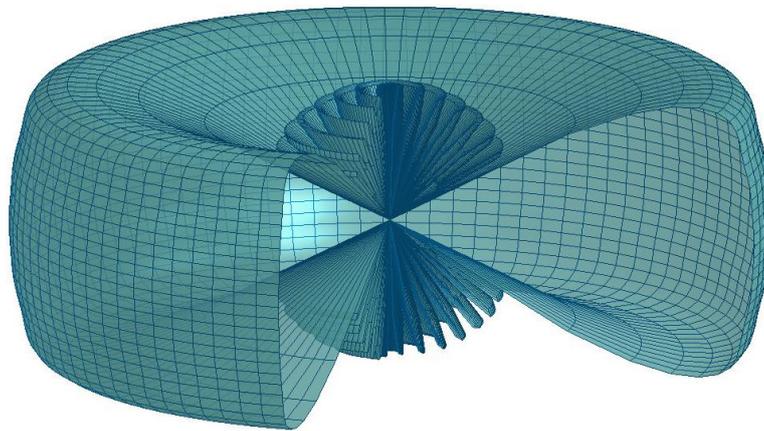
Una vez que hemos ajustado los parámetros de los operadores y comprobado el correcto funcionamiento de la función *fitness*, vamos intentar, mediante el optimizador multiobjetivo NSGAI, optimizar la forma del campo al mismo tiempo que reducimos el rango dinámico entre elementos radiantes adyacentes de la agrupación. Sin embargo, si recordamos el estudio sobre el efecto que el tamaño de la población tenía sobre la eficiencia del NSGAI, donde existía la

⁷Equivalentes a 1.25s en un PC con procesador P4.

⁸Para calcular el rango dinámico del diseño de Weng no se han tenido en cuenta los elementos de amplitud nula.



(a)



(b)

Figura 5.13: Factor de *array* sintetizado representado en diagrama cartesiano (a) y tridimensional (b)

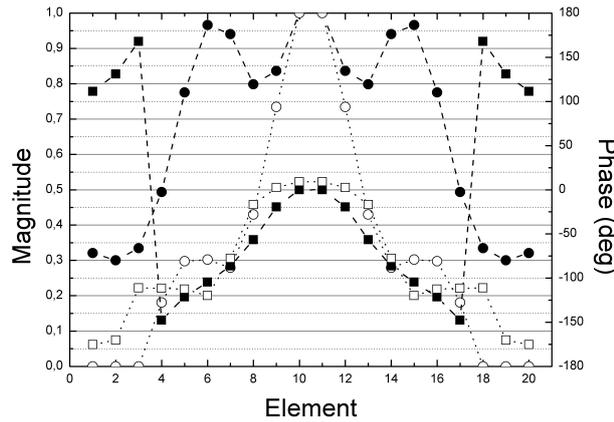


Figura 5.14: Valores optimizados de los coeficientes de excitación de la agrupación lineal con diagrama sectorial mostrado en la Fig. 5.13. Se han comparado los resultados obtenidos (módulo (●) y fase (■)) con los obtenidos por Weng et al. (módulo (○) y fase (□))

necesidad de establecer un balance entre convergencia al frente global y uniformidad en la distribución de soluciones. Por otro lado, acabamos de comprobar, confirmando los resultados de Haupt, que en la síntesis de agrupaciones de antenas, resulta más adecuado usar poblaciones de menor tamaño, pudiéndose de esta manera crear mayor número de poblaciones con las mismas llamadas a la función *fitness*. Por este motivo vamos a realizar tres experimentos usando el NSGAII en el que con el resto de operadores y parámetros que hemos establecido en los apartados anteriores, usaremos una población de $N_{pop} = 20$, $N_{pop} = 100$ y un tercer experimento en el que, comenzando con una población de 20 individuos, una vez el frente de Pareto ha alcanzado una región del espacio a determinar por el diseñador (en este caso $\min RD^k < 1,25$ y $f_{AF}^k < 2$), esta se expande con el objetivo de mejorar la distribución de soluciones ($N_{pop} \rightarrow N_{pop} \times 5$). En esta tres series de experimentos, se ejecutarán 10 optimizaciones independientes con un número máximo de evaluaciones de la función *fitness* de 5×10^5 . Los frentes obtenidos en cada optimización y el conjunto de soluciones no dominadas resultante de la unión de dichos frentes los mostramos en la Figura 5.15.

A tenor de estos resultados, podemos decir que poblaciones pequeñas, a

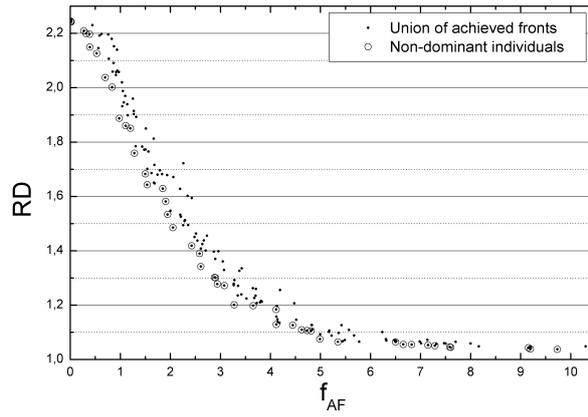
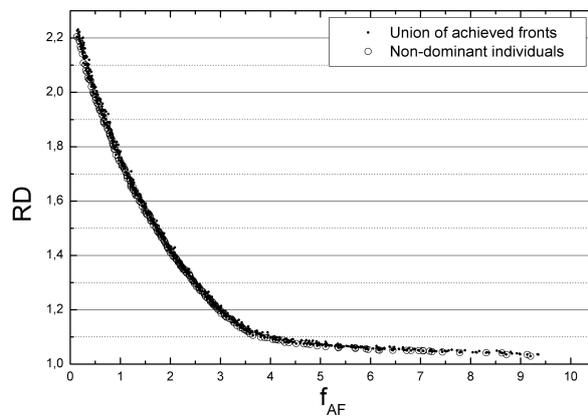
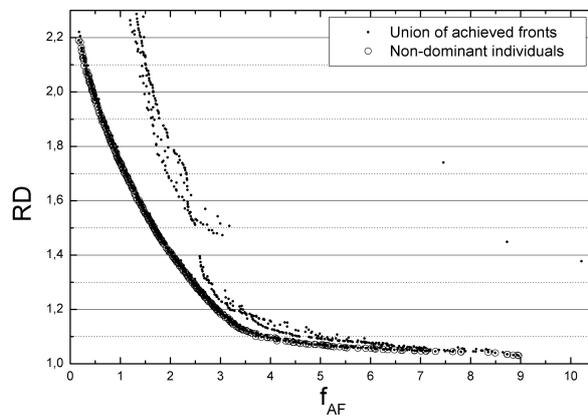
(a) $N_{pop} = 20$ (b) $N_{pop} = 100$ (c) $N_{pop} \rightarrow N_{pop} \times 5$

Figura 5.15: Representación de la unión de los frentes de pareto obtenidos y de los individuos no dominados correspondientes a esta unión.

pesar de presentar la ventaja de acelerar la velocidad del algoritmo⁹, no son buena elección en este tipo de problemas. Por un lado no cubren de forma satisfactoria el frente de Pareto, mientras que por otro, la falta de suficientes individuos en algunas regiones del espacio, en las que se requiere una mayor exploración del espacio, para acercar el frente obtenido al global, hace que no se produzcan avances de este y el algoritmo se estanque en un frente de soluciones no dominadas local.

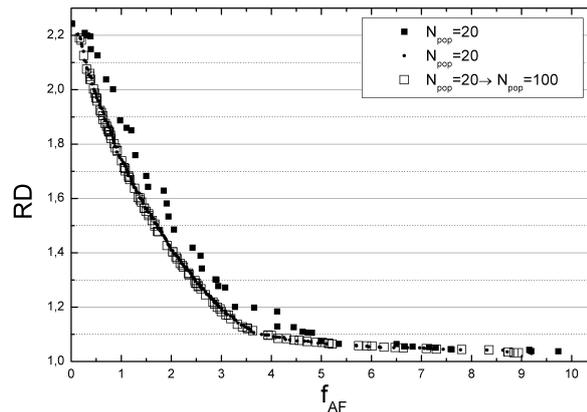


Figura 5.16: Representación de los individuos no dominados resultantes de cada una de las optimizaciones realizadas.

En la Figura 5.16 podemos observar los frentes obtenidos de la unión de los obtenidos con cada conjunto de parámetros, donde los obtenidos variando el tamaño de la población alcanzan la misma región del espacio de fitness que usando una población de gran tamaño en menor tiempo, sin embargo, usando este método se corre mayor riesgo de quedar estancado en frentes locales. Por este motivo usaremos, en las optimizaciones multiobjetivo futuras, poblaciones con muchos individuos para evitar caer en óptimos locales y obtener conjuntos de individuos no dominados bien distribuidos en el espacio.

⁹Si recordamos, la complejidad de este algoritmo es $O(N_{obj} \times N_{pop}^2)$.

5.3. Diseño de una agrupación de antenas de parche microstrip usando un AEMO

Para finalizar este capítulo de síntesis de agrupaciones de antenas mediante algoritmos genéticos vamos a optimizar las características de una agrupación bidimensional de 4×4 con distribución uniforme previamente diseñada en [González~García y otros, 2002]. El *array* está situado sobre el plano $x - y$, con separación entre elementos $d_x = 3,7$ cm y $d_y = 4,7$ cm en las direcciones x e y respectivamente. La geometría de un elemento radiante de la agrupación, junto con sus parámetros de diseño, puede verse en la Figura 5.17. Este sistema está formado por un parche metálico impreso sobre un plástico apoyado en un material dieléctrico con una permitividad muy próxima a la del vacío. También se añadió a la estructura, sobre el parche radiante y sustentado por otra capa más gruesa de dieléctrico, un parche que actúa como elemento parásito para mejorar el ancho de banda y mantener la forma del diagrama de radiación constante en toda la banda de trabajo (3.4-3.6 GHz). Con una alimentación uniforme, este *array* tiene su lóbulo principal en la dirección broadside con directividad 22.24 dBi a 3.5 GHz, un ancho del haz de $18^\circ \times 18^\circ$, y el nivel de lóbulos laterales está situado por debajo de los 24 dBi.

A continuación realizaremos una optimización, mediante el NSGAI, con el objetivo de obtener un conjunto de soluciones en los que se establezca un compromiso entre los tres parámetros involucrados, que son nivel de lóbulos laterales, ancho del haz de potencia mitad y rango dinámico.

Una vez establecido el marco general del problema, a continuación comentaremos algunas consideraciones que se han tenido al hora de plantear la optimización de esta agrupación de antenas, y terminaremos presentando los resultados obtenidos.

5.3.1. Consideraciones previas.

El objetivo de este proceso de optimización es el de diseñar nuevas configuraciones que disminuyan el nivel de lóbulos laterales y estrechen el ancho del haz principal sin aumentar dramáticamente el rango dinámico de la distribución de corriente. Para modificar la topología de lóbulos laterales se pueden

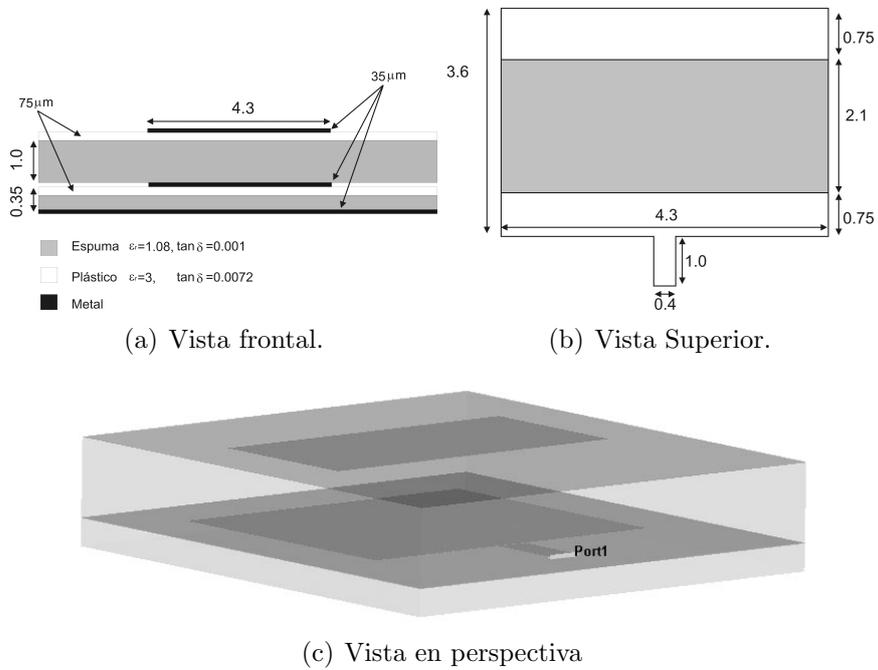


Figura 5.17: Esquema del sistema radiante empleado. En (a) se detalla la estructura de capas empleada y en (b) las dimensiones tanto del elemento radiante como del parásito. En (c) se muestra una visión en perspectiva de la estructura. Todas las unidades, salvo indicación explícita, están en *cm*.

modificar bien las amplitudes de los coeficientes de excitación [Elliott, 1986], a costa de aumentar el ancho del haz principal, o bien acercando o alejando los elementos radiantes de la agrupación hasta obtener el nivel de lóbulos deseado sin presentar apenas crecimiento en el ancho del haz principal [Yu, 1996]. En este problema de optimización usaremos ambas opciones de forma simultánea de forma que el optimizador encuentre las combinaciones de excitaciones y posiciones de elementos radiantes más apropiada. Por otro lado para asegurar que el haz principal esta en la dirección marcada por $\theta = \pi/2$ tomaremos todos los elementos de la agrupación en fase. Por otro lado, y para facilitar el diseño de la red de alimentación, vamos a considerar que la geometría de la agrupación es simétrica en cuadrantes (ver Fig. 5.18), lo que nos deja con un diseño de 3 parámetros por elemento radiante, dos de posición y la amplitud del coeficiente de excitación, que hacen en total, considerando la simetría de la agrupación, 12.

El rango de variación de los parámetros del diseño en el espacio de búsqueda es el siguiente:

	min	max
C^i	0.5	1
Δ_x^i	1.0 cm	8.0 cm
Δ_y^i	2.5 cm	8.0 cm

Por lo que el rango dinámico estará limitado a 2.

En este caso particular vamos a aprovechar que el acoplamiento entre elementos, cuando la elección de parámetros hace que estos se encuentren lo más proximo permitido, es suficientemente pequeño como para no considerarlo (ver. Fig 5.19), por lo que podremos calcular la intensidad de radiación de la agrupación usando el principio de multiplicación de diagramas (Ec. 5.2), ahorrando de esta forma tiempo de computación.

Una vez definidos los parámetros por cuales un diseño está definido lo único que falta es definir la función fitness. De este modo, para caracterizar la bondad

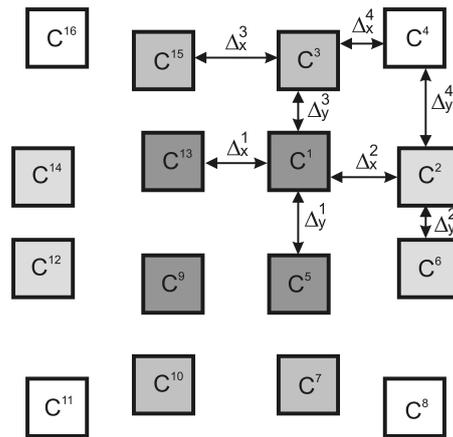


Figura 5.18: Parámetros del diseño de la agrupación de 4×4 elementos radiantes con simetría por cuadrantes.

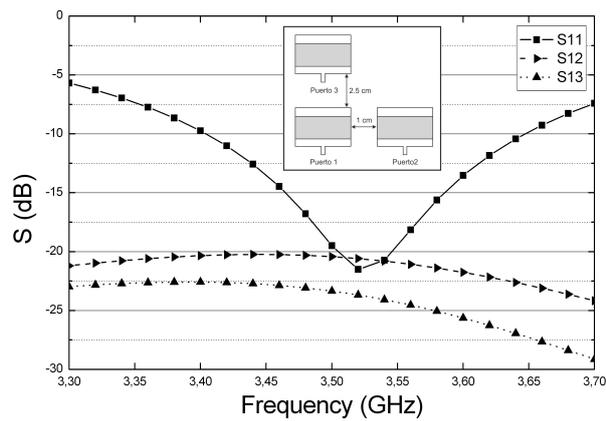


Figura 5.19: Parámetros S ($Z_0 = 50\Omega$) de del sistema formado tres elementos radiantes separados por la mínima distancia $\Delta_x^i = 1,0$ y $\Delta_y^i = 2,5\text{cm}$. (Datos simulados obtenidos mediante ENSEMBLE.)

de un individuo como solución, usaremos las siguientes funciones:

$$f_1 = SLL, \quad (5.18a)$$

$$f_2 = \text{máx}(HPBW^{\phi=0^\circ}, HPBW^{\phi=45^\circ}, HPBW^{\phi=90^\circ}), \quad (5.18b)$$

$$f_3 = \text{máx}(C^i) / \text{mín}(C^i); i = \{1, 2, 3, 4\} \quad (5.18c)$$

donde donde SLL es la amplitud del mayor lóbulo secundario en dB, HPBW es el ancho del haz principal a mitad de potencia en grados y los C^i los coeficientes de excitación. Mediante la minimización simultánea de estas tres funciones obtendremos el conjunto de soluciones deseado. Por medio de f_1 se irán buscando soluciones con el segundo lóbulo cada vez de menor amplitud, de igual forma f_2 favorece soluciones con haces estrechos, ya que toma el ancho del haz mayor de entre los calculados en los planos determinados por $\theta = 0^\circ$, $\theta = 45^\circ$ y $\theta = 90^\circ$. Con las dos funciones anteriores el algoritmo buscará diseños con nivel bajo de lóbulos laterales y haces estrechos, mientras que con f_3 se tratará de limitar el rango dinámico de las soluciones, de forma que aquellas con distribuciones de corriente con mayor uniformidad dominarán a aquellas en las que la corriente presente una gran variación entre el elemento de mayor amplitud y el de menor. Para el cálculo de las funciones 5.18a y 5.18b, se hace necesario la evaluación del campo en todas las direcciones del espacio muestreadas. Por un lado se ha de medir el ancho del haz, y por otro se han de encontrar todos los óptimos locales del diagrama de radiación, para seleccionar el segundo en amplitud y determinar de esta forma el nivel de lóbulos laterales. Este último proceso representa la mayor contribución a la carga computacional del proceso de evaluación de soluciones prueba, dependiendo en gran medida de la precisión con la que se muestree el espacio. Con el objetivo de no cargar en exceso esta parte del algoritmo, vamos a considerar que el diagrama de radiación del elemento radiante también es simétrico por cuadrantes, con lo cual reduciremos en aproximadamente un 25% el tiempo de evaluación de la función f_1 . En la Figura 5.20 está representada la amplitud del campo eléctrico de un elemento radiante de la agrupación. Como se puede ver, este es perfectamente simétrico respecto a la dirección *broadside* en $\phi = 0$, mientras que en el plano $\phi = 90^\circ$ sufre de un pequeño sesgo hacia los valores positivos de θ que, como veremos cuando se presenten los resultados, afecta poco al diagrama de radiación de la agrupación.

Una vez realizadas todas las consideraciones previas necesarias y definido

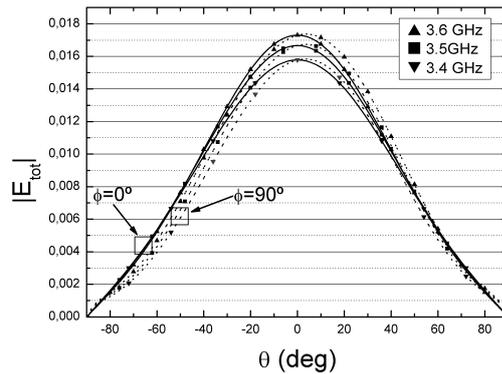


Figura 5.20: Amplitud del campo eléctrico radiado por un elemento radiante.

los parámetros de diseño del sistema, en el siguiente apartado presentamos los resultados obtenidos.

5.3.2. Resultado de la optimización

En este apartado vamos a presentar los resultados obtenidos en la síntesis optimizada de la agrupación bidimensional propuesta. Como se ha apuntado con anterioridad, mediante las optimizaciones multiobjetivo se obtiene un conjunto de diseños óptimos, el conocido frente de Pareto, en lugar del único diseño óptimo que resulta de las optimizaciones en las que sólo se toma como indicador de bondad solamente una característica del diseño. Con el objetivo de asegurar la convergencia del frente de Pareto obtenido al global, se realizaron cinco ejecuciones independientes del optimizador, uniendo a posteriormente los frentes obtenidos manteniendo únicamente las soluciones no dominadas. El frente obtenido tras la unión de los obtenidos se muestra en la Figura 5.21, donde, para una mejor interpretación de los resultados, se han proyectado las soluciones en el plano $SLL - HPBW$ y el rango dinámico se indica mediante color.

Analizando el conjunto de soluciones no-dominadas obtenido, comprobamos como para niveles de lóbulos entre $-5dB$ y $-17,5dB$ y anchos de 13° a 17° , se pueden conseguir diseños en los que la distribución de corriente sea casi

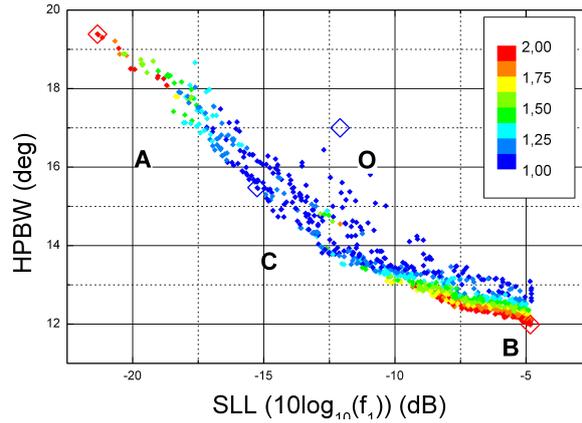
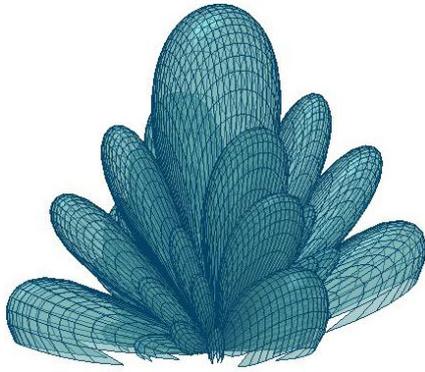


Figura 5.21: Representación del conjunto de individuos no dominados resultante de la optimización multiobjetivo de una agrupación bidimensional de 4×4 elementos radiantes. Cada rombo representa un diseño no dominado y el color su rango dinámico. Marcados con triángulos, y etiquetados con la letras se encuentran los diseños presentados (“O” indica el diseño original).

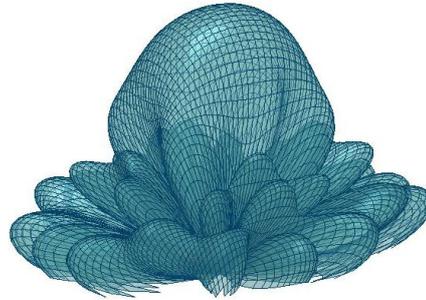
uniforme (individuos marcados en azul), mientras que si lo que se desea es un menor nivel de lóbulos o anchos aún mas estrechos, se hace necesario elevar la diferencia entre amplitudes para conseguir este efecto, no siendo esto posible alcanzable únicamente con una geometría adecuada de la agrupación. A continuación presentamos algunos de los diseños obtenidos mediante la optimización multiobjetivo, que hemos etiquetado con las letras A, B y C, y marcados con triángulos en la Figura 5.21, de los que presentamos sus diagramas de radiación en coordenadas esféricas en la Figura 5.22

En los siguientes párrafos mostraremos, además de los parámetros óptimos resultantes, sus diagramas de potencia en los planos $\phi = 0^\circ$ y $\phi = 90^\circ$ comparados con los del array original, así como los parámetros de *scattering* entre los puertos de los elementos radiantes más próximos, cuya magnitud nos dará el grado en el que estos se acoplan para cada frecuencia. Por último, realizaremos un estudio de la sensibilidad del diseño C ante errores aleatorios de los parámetros de diseño.

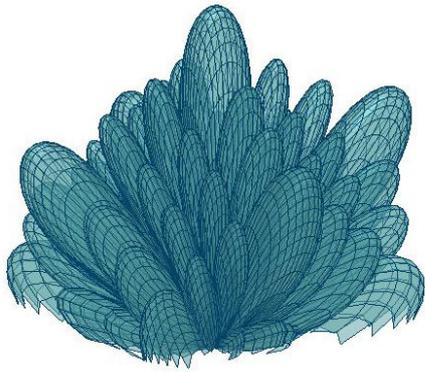
Solución A: Mínimo nivel de lóbulos laterales. El primer diseño del frente de individuos no-dominados que vamos a presentar es aquel con menor



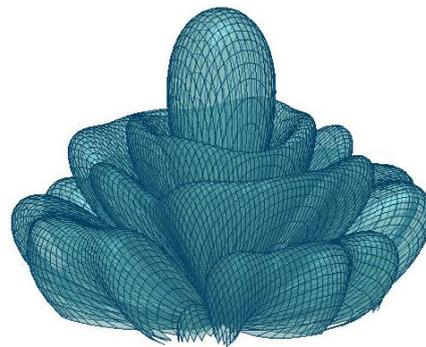
(a) Diagrama de radiación de "O".



(b) Diagrama de radiación de "A".



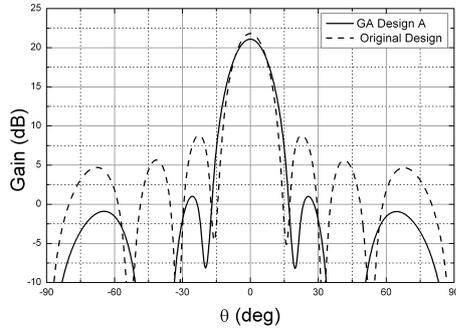
(c) Diagrama de radiación de "B"



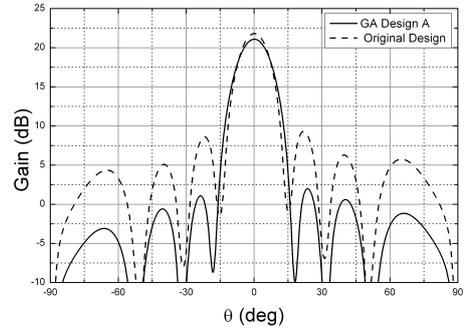
(d) Diagrama de radiación de "C"

Figura 5.22: Diagramas de radiación en coordenadas esféricas de los diseños original, A, B y C.

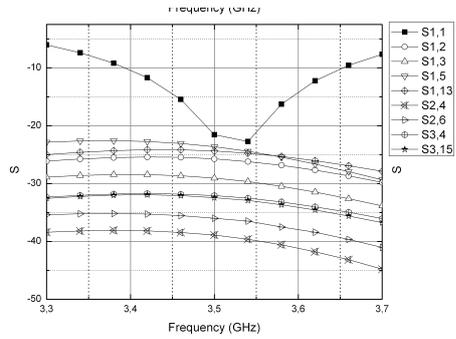
nivel de lóbulos lateral, y por lo tanto mayor ancho del haz, que se encuentra representado por un rombo de color rojo indicando su rango dinámico, y etiquetado con la letra A (ver Fig. 5.21). En la Figura 5.23 mostramos los diagramas de potencia de esta agrupación, tanto para el plano $\phi = 0^\circ$ como el $\phi = 90^\circ$, junto con el parámetro de *scattering* de los elementos radiantes más próximos y los parámetros del diseño. Con este diseño se ha conseguido



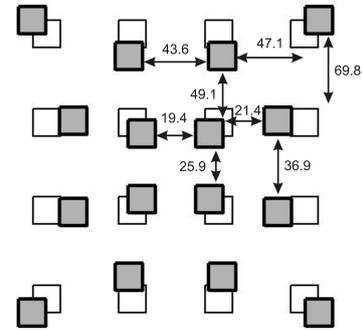
(a) Ganancia $\phi = 0^\circ$.



(b) Ganancia $\phi = 90^\circ$.



(c) Parámetros S entre elementos vecinos más próximos.



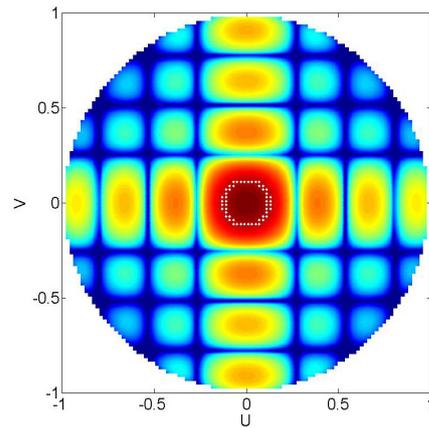
(d) Geometría de la agrupación (\square la original), las distancias están en mm y los coeficientes de excitación son $C^1 = 1,00$, $C^2 = 0,79$, $C^3 = 0,83$ y $C^4 = 0,51$

Figura 5.23: Características del diseño A simuladas mediante ENSEMBLE junto con sus parámetros de diseño.

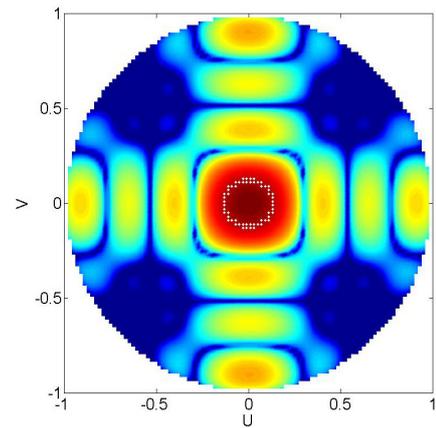
do reducir el nivel de lóbulos laterales hasta $21dB$ con respecto al máximo, logrando esto a costa de ensanchar el haz dos grados. En la Figura 5.23(d), podemos comprobar que esto se ha conseguido reduciendo la amplitud de los

coeficientes a medida que nos alejamos del centro de la agrupación, técnica comúnmente usada para reducir el nivel de lóbulos en agrupaciones de antenas, y desplazando los elementos radiantes de forma que, aparentemente, estas soluciones con simetría en octantes (tanto las posiciones como los coeficientes de excitación son casi simétricos respecto a la bisectriz que divide cada cuadrante) son favorables para el algoritmo en tanto en cuanto reducen el nivel de lóbulos sin ensanchar en exceso el haz. Por otro lado, podemos comprobar como este desplazamiento de los elementos radiantes no resulta en un aumento excesivo del acoplamiento entre elementos radiantes (Fig. 5.23(c)).

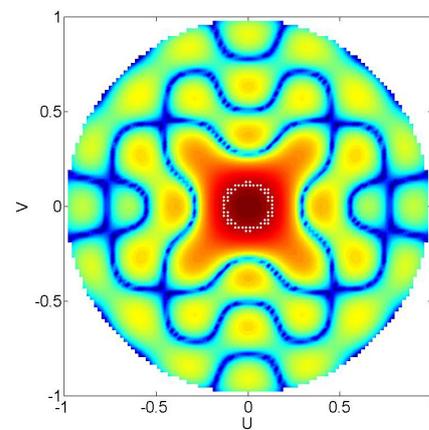
En la Figura 5.24 hemos mostrado como en la agrupación original (Fig. 5.24(a)) puede ser reducido el nivel de lóbulos bien usando los coeficientes optimizados (Fig.5.24(b)), o bien emplazando los elementos radiantes según la geometría óptima determinada por el AG (Fig.5.24(c)).



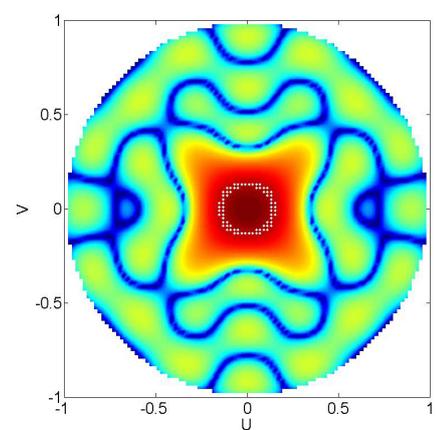
(a) Diseño original.



(b) Diseño original con coeficientes optimizados



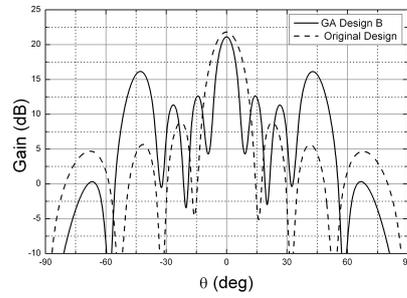
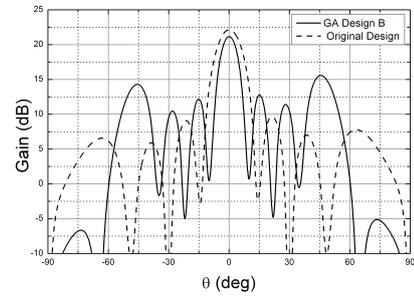
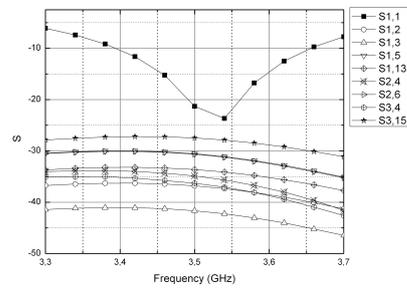
(c) Diseño original con geometría optimizada.



(d) Diseño optimizado "A"

Figura 5.24: Reducción del nivel de lóbulos laterales por medio de variación de coeficientes (b) o geometría de la agrupación. Mediante puntos se ha marcado el nivel de -3dB .

Solución B: Mínimo ancho del haz principal. La segunda solución elegida es aquella marcada con la letra “B”, donde se ha minimizado el ancho del haz a costa de elevar el nivel de lóbulos. En la Figura 5.25 podemos ver los diagramas de potencia de la agrupación resultantes de su simulación, con los parámetros resultantes del AG, mediante ENSEMBLE. En la figura 5.25(c) se representan los parámetros de *scattering* entre los puertos de elementos radiantes más próximos, y como es de esperar, el acoplamiento es menor que en el diseño anterior al estar los elementos más separados, de hecho, el optimizador los ha situado con la máxima separación que hemos permitido. Algo similar ha ocurrido con los coeficientes de excitación, eligiendo el algoritmo estos de forma que, para obtener un diagrama de radiación con ancho de haz mínimo, el rango dinámico entre los elementos de las esquinas y el resto, ha de ser el máximo permitido, en este caso 2. En la Figura 5.26 se puede ver el efecto que tiene tanto el aumento de la separación entre elementos como la modificación de la amplitud de la excitación en los elementos localizados en las esquinas de la agrupación.

(a) Ganancia $\phi = 0^\circ$.(b) Ganancia $\phi = 90^\circ$.

(c) Parámetros S entre puertos de elementos vecinos más próximos.

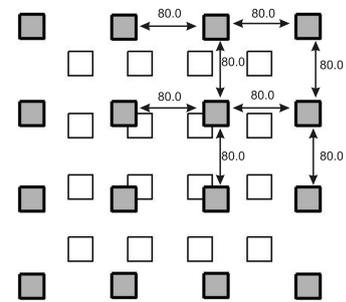
(d) Geometría de la agrupación (\square la original), las distancias están en mm y los coeficientes de excitación son $C^1 = C^2 = C^3 = 1,00$ y $C^4 = 2,00$

Figura 5.25: Características del diseño B simuladas mediante ENSEMBLE junto con sus parámetros de diseño.

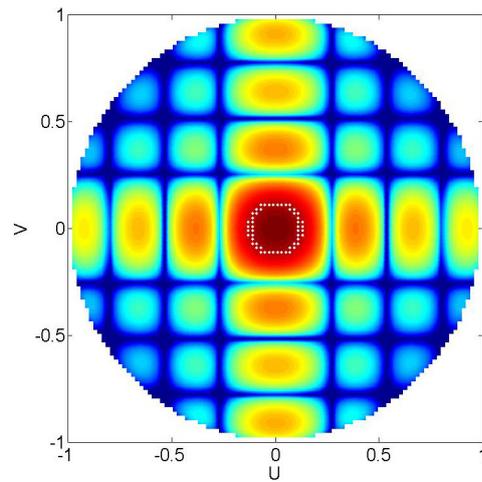
Solución C: Compromiso entre nivel de lóbulos laterales y ancho del haz. Por último, presentamos un diseño en el que, consiguiendo un compromiso entre ancho del haz y nivel de lóbulo laterales, se ha mejorado el diseño original (Figs. 5.27(a) y 5.27(a)), manteniendo el rango dinámico a la unidad 5.27(d). Esto se ha conseguido a costa de incrementar el tamaño de la antena en 7cm en cada eje, y modificando la geometría de la agrupación de forma que esta se asemeje a una configuración en la que los elementos se distribuyan en circunferencias concéntricas, adoptando de nuevo una simetría en octantes (Fig. 5.27).

Ya que este diseño se ha conseguido únicamente mediante el desplazamiento de los elementos radiantes a posiciones más favorables, en la Figura 5.28 mostramos, junto al de la estructura radiante original, el diagrama en coordenadas $U - V$ resultante tras realizar dicho desplazamiento.

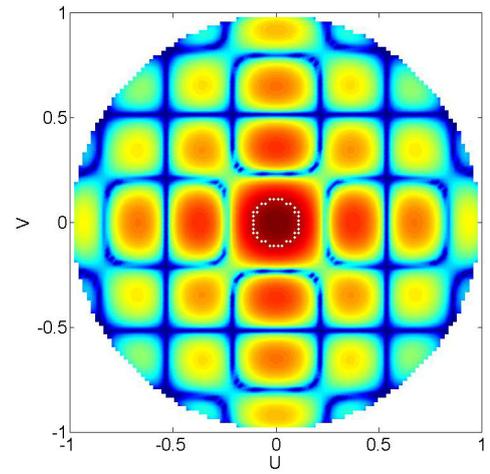
Al igual que en el diseño “B”, al estar los elementos más separados entre sí, el acoplamiento entre estos es menor (Fig. 5.27(c)).

Estudio de la sensibilidad del diseño C ante errores aleatorios en su fabricación. En el caso que alguno de los diseños obtenidos mediante AGs fuese a ser construido, es necesario antes realizar un estudio paramétrico sobre la estabilidad de la solución escogida, de forma que pequeñas variaciones, resultantes de errores en manufacturación, no deriven en un deterioro dramático de las prestaciones del dispositivo. Para ello modificaremos, de forma aleatoria tanto la amplitud de los coeficientes de excitación como las posiciones de los elementos radiantes en un 5% y 5mm respectivamente. Para tener resultados estadísticamente estables realizaremos 100 modificaciones aleatorias, dentro de los límites establecidos, mediremos el nivel máximo de lóbulos laterales y el ancho del haz y representaremos los resultados en un diagrama de cajas (Fig. 5.29)

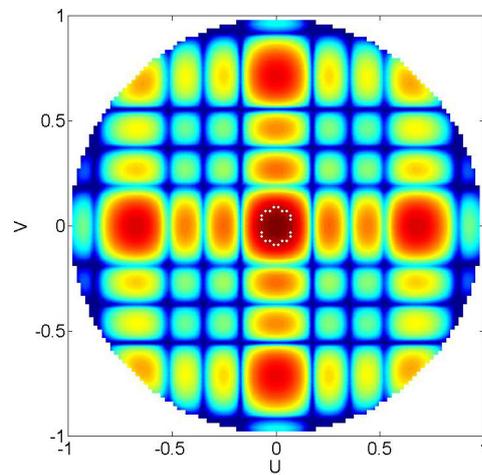
Estos resultados indican que, si bien el diseño original es más robusto que el “C” a la hora de mantener el nivel de lóbulos laterales, con diferencias entre valores máximos y mínimos alcanzados de $1,73\text{dB}$ frente a los $2,16\text{dB}$ del diseño optimizado, el ancho del haz de este es más estable, con variaciones de $0,18^\circ$ frente a $0,64^\circ$ del diseño original. No obstante si bien el diseño “C” presenta menor tolerancia para mantener el nivel de lóbulos ante errores de fabricación, presenta en cualquier caso niveles más bajos que los del diseño



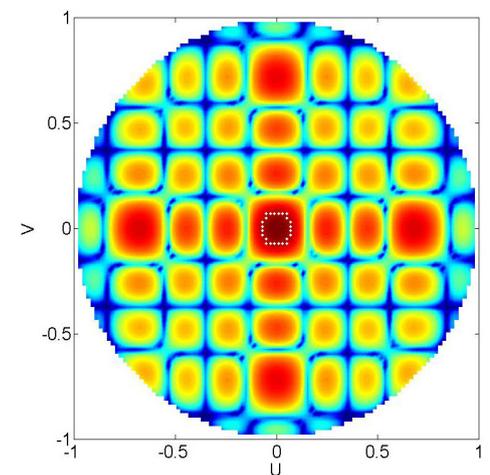
(a) Diseño original.



(b) Diseño original con coeficientes optimizados

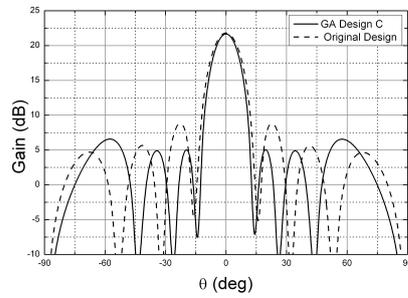
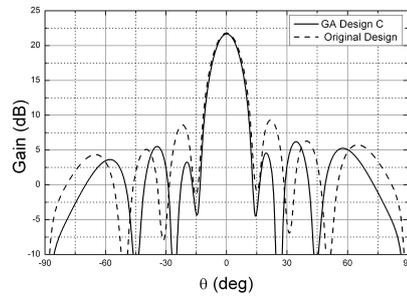
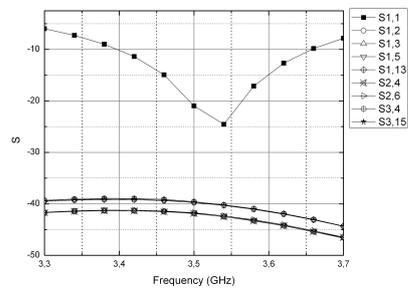


(c) Diseño original con geometría optimizada.



(d) Diseño optimizado "A"

Figura 5.26: Reducción del nivel de lóbulos laterales por medio de variación de coeficientes (b) o geometría de la agrupación. Mediante puntos se ha marcado el nivel de -3dB .

(a) Ganancia $\phi = 0^\circ$.(b) Ganancia $\phi = 90^\circ$.

(c) Parámetros S entre puertos de elementos vecinos más próximos

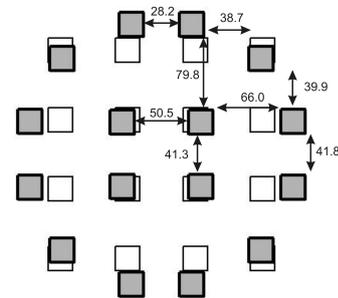
(d) Geometría de la agrupación, las distancias están en mm y los coeficientes de excitación son $C^1 = C^2 = C^3 = C^4 = 1,00$

Figura 5.27: Características del diseño C simuladas mediante ENSEMBLE junto con sus parámetros de diseño.

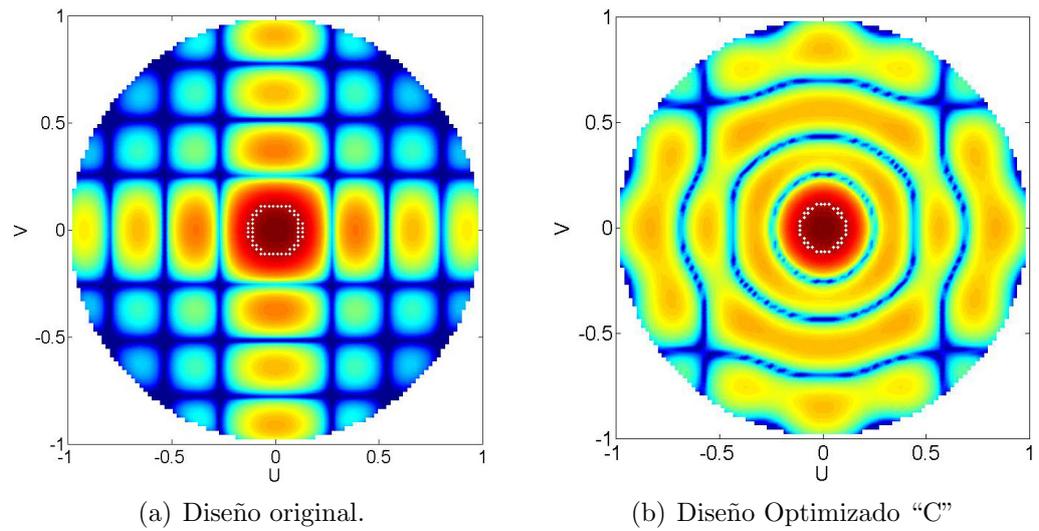


Figura 5.28: Reducción del nivel de lóbulos laterales por medio de variación de la geometría de la agrupación. Mediante puntos se ha marcado el nivel de -3dB.

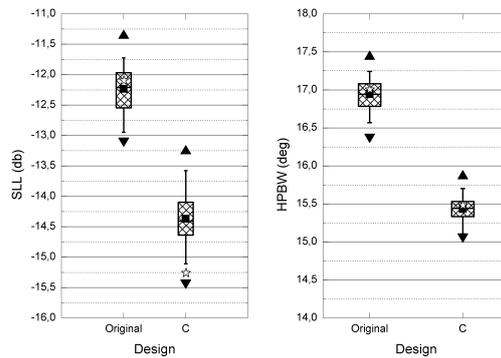


Figura 5.29: Resultados del estudio sobre la sensibilidad del diseño ante errores de manufacturación. Marcados con estrellas se encuentran los valores de los diseños sin perturbar.

original, mejorándolo en más de $3dB$ a la vez que estrecha el haz principal en torno a $1,5^\circ$

5.4. Conclusiones

En el presente capítulo hemos estudiado como los algoritmos propuestos se desenvuelven en el problema de síntesis de agrupaciones de antenas. Hemos comprobado como el eHTGA, al tratarse de un problema en el que los genes óptimos rara vez se generan al azar, sino que son los operadores genéticos los que, generación tras generación, exploran el espacio y refinan los valores de los genes hasta encontrar aquellos que proporcionan buenas características, se ve superado por el AGC con elitismo y los mismos operadores y parámetros que este. Por otro lado hemos comprobado la validez del método de síntesis mono-objetivo en un problema de solución conocida, así como de la eficacia de la función *fitness* propuesta, en la que se hace uso de un ponderado dinámico de nivel de lóbulos laterales. De igual manera se ha estudiado la dinámica de la síntesis multiobjetivo de agrupaciones de antenas, llegando a la conclusión que poblaciones pequeñas alcanzan con mayor rapidez zonas buenas de fitness, aunque a menudo estas poblaciones quedan estancadas en regiones subóptimas, por lo que el uso de poblaciones mayor tamaño, asegura tanto la obtención de un conjunto de individuos no-dominados muy próximos a los globales como que estos se distribuyan de forma más homogénea que usando poblaciones pequeñas. Por último hemos realizado la síntesis multiobjetivo de un problema de ingeniería del mundo real, en el que tomando como elemento radiante un parche *microstrip* de bajo coste diseñado por [Hsu y Wong, 2001], se ha obtenido un conjunto de soluciones óptimas de pareto de entre las cuales hemos seleccionado tres y discutido sus propiedades.

Capítulo 6

Diseño de antenas de hilo delgado mediante AGs

Las antenas de hilo forman parte de una variedad de radiadores electromagnéticos que han venido siendo usados desde los primeros días de las transmisiones de radio, siendo aún en la actualidad una de las opciones más populares en una amplia gama de sistemas de comunicación con el diseño de antenas lineales, rómbicas, Beverage, Yagi, logoperiódicas, en bucle, helicoidales, espirales, etc. El modelado y simulación numérica de este tipo de sistemas radiantes no presenta hoy en día demasiadas dificultades y puede llevarse a cabo usando alguna de las técnicas disponibles basadas en el método de los momentos (MoM) o en el de las diferencias finitas (FD). Sin embargo, la síntesis de una antena con ciertas características deseadas no es un problema de fácil solución. La aproximación usada por los ingenieros es limitar la complejidad de la antena de forma que su funcionamiento pueda ser predicho por expresiones analíticas, con lo cual estas son usadas para encontrar los parámetros óptimos. Si no es posible encontrar expresiones cerradas del funcionamiento de la antena, se trabaja con aproximaciones para obtener un modelo inicial con las dimensiones y parámetros adecuados para simular su funcionamiento mediante

un simulador numérico. Si el resultado no es satisfactorio, el diseñador, usando su intuición, experiencia, ecuaciones aproximadas, o resultados experimentales determina que parámetros cambiar para mejorar las prestaciones de la antena. Esta técnica de diseño ha venido siendo utilizada con éxito, sin embargo, es muy laboriosa y si son muchos los parámetros definen una antena, suele conducir a diseños subóptimos. Además, esta técnica se limita a diseños de los que se tiene una idea intuitiva de su funcionamiento, donde las simetrías están siempre presentes y las estructuras se simplifican para facilitar el análisis y el entendimiento de los fenómenos electromagnéticos. No obstante, configuraciones no intuitivas tienen prestaciones similares, y en ocasiones superiores, a los mostrados por los diseños desarrollados en estructuras intuitivas. Con la idea de explorar y explotar nuevas familias de antenas, en los que la complejidad de diseño no sea una traba, se han desarrollado algoritmos híbridos en los que un optimizador, apoyándose en un simulador numérico de sistemas radiantes, va variando de forma iterativa los parámetros del diseño hasta que sintetiza la antena cuyo funcionamiento se asemeja en la mayor medida posible a las requeridas por el diseñador. Es común, incluso en los sistemas más sencillos, que estos algoritmos de optimización deban tratar con problemas altamente no lineales, multimodales y con funciones objetivo que no son diferenciables. Es bien sabido que los AGs son capaces de tratar con este tipo de problemas, lo que los ha convertido en una potente herramienta para el diseño de sistemas electromagnéticos. Por ejemplo, esta técnica de diseño ha sido aplicada exitosamente al diseño de antenas de hilo cargadas, tanto en el dominio de la frecuencia [Boag y otros, May 1996; Altman y otros, 1997] como en el dominio del tiempo [Pantoja y otros, 2000], la optimización de la geometría de antenas de hilo prefractales y euclídeas en el dominio del tiempo [Pantoja y otros, 2003, 2006], antenas de hilo "torcido" [Altshuler y Linden, 1997b], agrupaciones tipo Yagi-Uda [Jones, 1997], etc.

En el presente capítulo realizaremos varios diseños optimizados¹ de antenas de hilo delgado. En el primero de ellos modelaremos una antena tipo *bow-tie* con hilos delgados cargados para aplicaciones de detección no destructiva o georadar GPR². Para ello hallaremos, mediante un optimizador basado en AG, la geometría y el perfil de carga de cada uno de los hilos de la estructura. De

¹El significado físico de la palabra "óptimo" variará de una diseño a otro y será definido en detalle en cada diseño.

²Acrónimo anglosajón de Ground Penetrating Radar

la misma forma procederemos en la síntesis de antenas de hilo logoperiódicas.

6.1. Diseño de antenas *bow-tie* modeladas con hilos para aplicaciones GPR mediante GA

Las antenas bicónicas (Fig. 6.1(a)) son una clase de radiadores cuyas características de banda ancha los hacen idóneos para aplicaciones GPR donde son necesarios el envío de pulsos estrechos de energía. Sin embargo, para la mayor parte de las frecuencias de uso, este tipo de antena es en la práctica de poca utilidad debido a sus dimensiones y peso. Debido a que sus características de radiación son muy atractivas, comparadas con otras antenas simples, se han realizado variaciones en su estructura reteniendo lo máximo posible las propiedades de banda ancha del diseño bicónico. La aproximación geométrica más común a la antena bicónica es el dipolo formado por dos placas triangulares planas enfrentadas por uno de los vértices (Fig. 6.1(b)). Este tipo de antenas han sido estudiadas por numerosos autores tanto en vacío como frente a diversos tipos de tierra [Brown y Woodward Jr., 1952; Leat y otros, 1998; Nishioka y otros, 1999; Pantoja, 2000]. Sin embargo, para este tipo de aplicaciones, las *bow-tie* de perfil circular (Fig. 6.1(c)) han demostrado [Shlager y otros, 1994] poseer mejores características ya que las reflexiones con los extremos de la estructura ocurren en el mismo instante temporal [Lestari y otros, 2004].

Las *bow-tie* formadas por placas son muy atractivas debido a su sencillez y sus propiedades de banda ancha, que puede ser ampliada de manera considerable añadiendo en su estructura un perfil resistivo, razón por la cual es un tipo de antena muy usado en aplicaciones GPR. Este tipo de antenas puede ser simulado por hilos, facilitando aún más la inclusión de cargas que mejoren sus características de banda ancha [Wu y King, May 1965; Pantoja y otros, 2000] y reduciendo aún más su peso y resistencia al aire. Por este motivo, en el presente capítulo se va a proceder al diseño de este tipo de estructura radiante, optimizando su geometría y su perfil de carga, de forma que maximicemos sus prestaciones como antena de banda ultra-ancha en la banda con frecuencias comprendidas entre los $0,2\text{GHZ}$ y $1,6\text{GHZ}$.

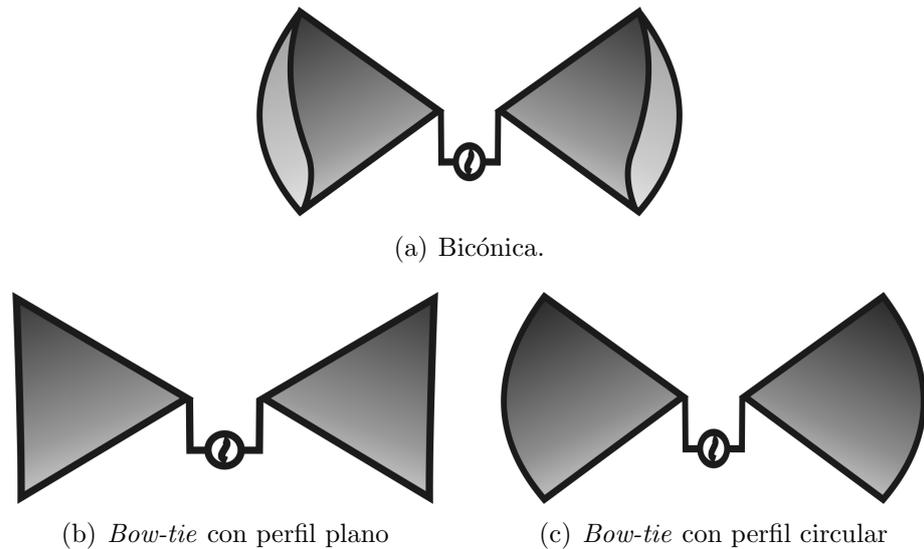


Figura 6.1: Simplificación de antenas bicónicas en tipo *bow-tie*.

6.1.1. Modelado de una antena tipo bow-tie mediante hilos delgados.

Existen varias formas de modelar una antena tipo bow-tie mediante hilos. En [Balanis, 1982] se propone modelar, tanto la antena bicónica como la *bow-tie*, mediante hilos formando una estructura conforme al contorno de estas, de forma que, en el caso que nos ocupa, cada brazo del dipolo estará formado por hilos delgados con geometría triangular.

Sin embargo, esta primera opción (ver Fig. 6.2(a)) no es válida para aplicaciones GPR, ya que se trata de una estructura muy resonante [Balanis, 1982; Smith y otros, 1979] en la que posibles blancos quedarían enmascarados por el rizado remanente de la señal debido a las resonancias que se producen en esta estructura 6.3(a) y en la que la energía que se propaga en la dirección *broadside* es muy baja comparada con otros dispositivos del mismo tipo.

Teniendo en cuenta los resultados obtenidos mediante simulación con el software *CST Microwave Studio*³ presentados en la Figura 6.3, parece ser más

³En adelante se informará que software se ha usado para la simulación de la estructura radiante mediante el nombre comercial de este entre corchetes.

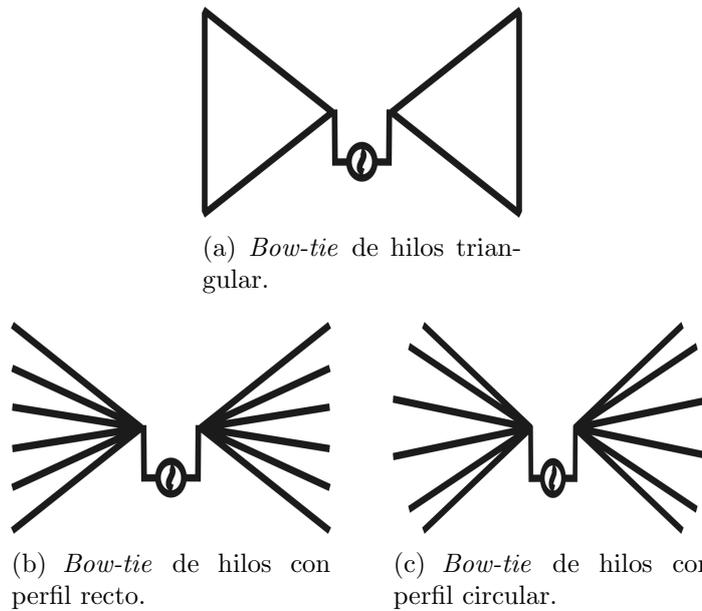
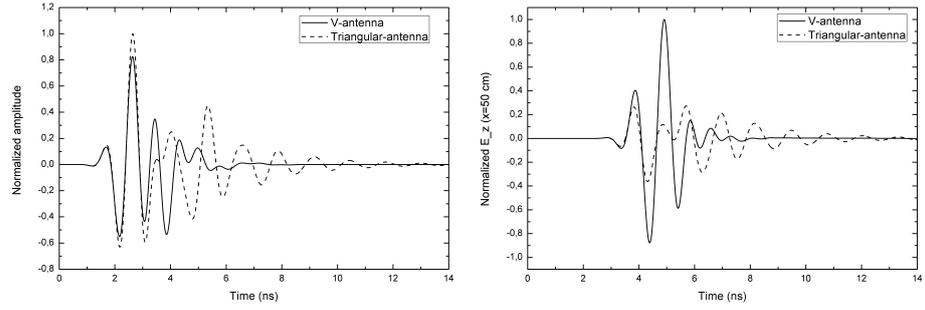


Figura 6.2: Estrategias de modelado de antenas tipo *bow-tie* mediante hilos delgados.

conveniente el uso de estructuras abiertas en las que los hilos que forman el dispositivo tan sólo estén unidas en la alimentación. Al igual que las *bow-tie* sólidas, existen dos posibles perfiles para terminar la estructura de las antenas de hilo, que como se ha comentado, consisten en un perfil recto (Fig. 6.2(b)) o en uno circular (6.2(c)). En la presente memoria sólo haremos uso de esta segunda configuración, siendo esta la que mejores resultados presenta en aplicaciones de emisión de pulsos estrechos de energía [Lestari y otros, 2004, 2005]. A continuación realizaremos un breve estudio sobre las *bow-tie* modeladas con hilos y perfil circular donde analizaremos algunos aspectos concernientes al modelado de estas estructuras.

6.1.1.1. Estudio numérico de la estructura considerada.

Un cuestión de suma importancia que necesita respuesta antes de comenzar con el proceso de diseño mediante AGs es la de conocer el número de hilos necesarios para modelar de manera efectiva una antena *bow-tie* sólida. Esto es importante por dos motivos, por un lado tenemos, como se ha comentado, que



(a) Amplitud de la corriente normalizada en la alimentación. (b) Amplitud del campo eléctrico a 50cm de la fuente en la dirección *broad-side*.

Figura 6.3: Comparación de la corriente en la alimentación (a) y de características de radiación entre una antena en V y otra triangular con ángulo interno $\alpha_{flare} = 100^\circ$ y Longitud de hilos $L_w = 0,15\text{cm}$. La señal de entrada consiste en un pulso gaussiano con amplitudes significativas entre $0,25\text{GHz}$ y $1,6\text{GHz}$ [CST Microwave Studio].

se han de utilizar el número de hilos suficiente para modelar eficientemente a estructura, mientras que que por otro estamos obligados a simplificarla en la mayor medida posible para con ello reducir el tiempo computacional necesario en su simulación.

La estructura básica sobre la que vamos a realizar los experimentos numéricos es la que se muestra en la Figura 6.4, consistente en una agrupación de N_h dipolos formando una estructura en forma de pajarita (esto es *bow-tie*) en la que los hilos tienen un punto de alimentación común y se encuentran angularmente equiespaciados. Ya que el objetivo es el diseño de una antena para aplicaciones GPR, esta se ha diseñado de forma que se refuerce la radiación en la dirección *broadside*. Gracias a la geometría escogida, se consiguen dos fuentes de radiación, una primaria en la alimentación y otra secundaria al final de los hilos, cuando la longitud de la estructura es $L_w = \lambda_c/4$ [Lestari y otros, 2007], donde λ_c es la frecuencia central del pulso de excitación.

Comenzaremos el estudio con una estructura de dos hilos de longitud $L_w = 0,15\text{cm}$ ⁴ con $rad_w = L_w/150$, ángulo interno $\alpha_{flare} = 100^\circ$ y distancia entre

⁴ $\lambda_c = 0,6\text{m}$.

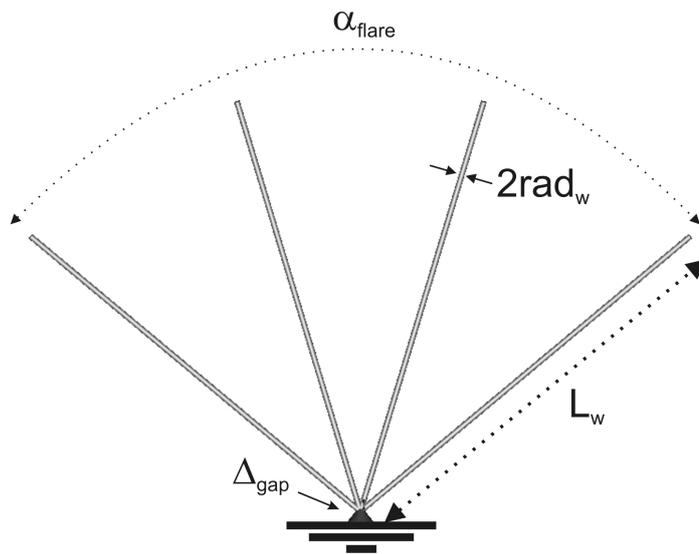


Figura 6.4: Esquema de la geometría de una antena bow tie modelada con hilos de perfil circular. En este caso concreto se ha representado un diseño con 4 hilos (por mitad). En las simulaciones mediante ordenador se hará uso de un plano de tierra infinito para aprovechar las simetrías del sistema.

unión de hilos y plano de tierra $\Delta_{gap} = L_w/300$, a partir de la cual iremos añadiendo hilos y estudiando su efecto en el funcionamiento del dispositivo primero en el dominio de la frecuencia, y posteriormente en el del tiempo.

Estudio numérico en el dominio de la frecuencia de una *bow-tie* formada por hilos. En la Figura 6.5 se muestra la variación de la impedancia de entrada cuando se van introduciendo hilos de forma simétrica en la estructura en la banda con frecuencias que van desde los $0,2GHz$ hasta los $1,6GHz$.

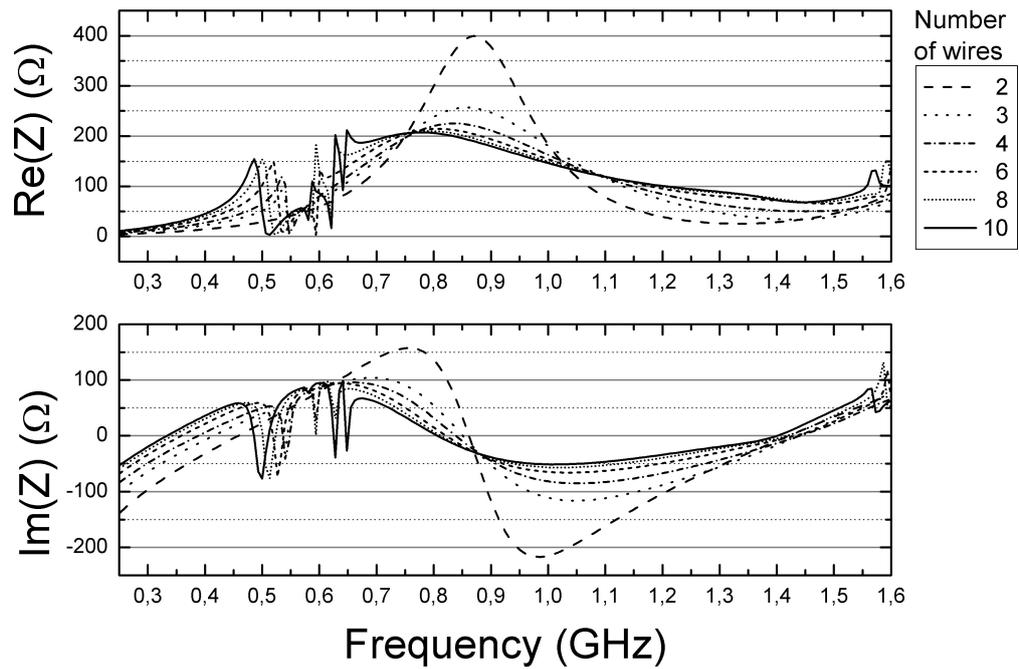


Figura 6.5: Impedancia de entrada de la estructura propuesta al variar el número de hilos [NEC2].

En esta figura se observa como, tanto la resistencia como la reactancia de entrada, disminuyen en amplitud a medida que se van introduciendo nuevos hilos a la estructura, incrementando por tanto sus características de banda ancha. De igual forma, podemos comprobar como tanto el valor de la parte

real de la impedancia como la de la imaginaria tiene un carácter convergente a medida que se agregan hilos al sistema. Esto sin duda constituye un resultado importante ya que nos permitirá establecer un compromiso entre tiempo computacional e idoneidad del modelado. Además del resultado que acabamos de comentar, podemos ver como, para frecuencias entre $200MHz$ y $700MHz$, se producen una serie de resonancias, que si bien en principio podrían pasar por errores numéricos, veremos que estas tienen un significado físico. Para poder observar en detalle que ocurre entre estas dos frecuencias, vamos a realizar nuevas simulaciones mediante NEC2 aumentando el muestreo de frecuencias hasta disminuir el paso a $100KHz$ para describir el comportamiento de la antena entre este rango de frecuencias. En particular, vamos a centrar nuestra atención en los valores de la corriente que se dan en cada uno de los hilos justo después de la unión. En las Figuras 6.6(a)-6.6(d) hemos representado la parte real de estas corrientes en los casos de antenas *bow-tie* modeladas con 2, 4, 6 y 8 hilos (por hemisferio ya que estamos usando plano de tierra y numerados de hilos exteriores a interiores). Dentro de cada una de estas, y en las frecuencias donde se produce picos de corriente, hemos insertado un esquema de la antena en cuestión, donde los hilos, cuya corriente esté en fase a lo largo del mismo, se encuentran dibujados del mismo color. Esto es así debido a que el tamaño total de los hilos (contando la imagen producida por el plano de tierra) es menor que λ para todas las frecuencias.

Las Figuras 6.6(a)-6.6(d) nos muestran que es lo que ocurre entre los $200MHz$ y los $700MHz$. Como podemos ver en estas figuras, en el entorno de frecuencias de $500MHz$ se producen una serie de picos en la corriente de los hilos, donde la dirección de la corriente no es la misma para todos hilos ni para todas las resonancias. Dentro de cada una de estas figuras hemos representado los signos de la corriente mediante colores, de forma que todos los hilos con corrientes positivas estén representados por un color diferente a los hilos cuya corriente sea negativa. Como ejemplo comentamos la Figura 6.6(c). En esta figura tenemos tres picos correspondientes a tres frecuencias resonantes. En la primera de ellas todas están en fase, mientras que en la segunda y tercera, son los hilos interiores e intermedios los que se encuentran en oposición de fase con el resto respectivamente. Estas resonancias responden a la formación de distintas ondas estacionarias a lo largo de los hilos, cuyo origen debe estar relacionado con los acoplamientos entre los hilos de la estructura.

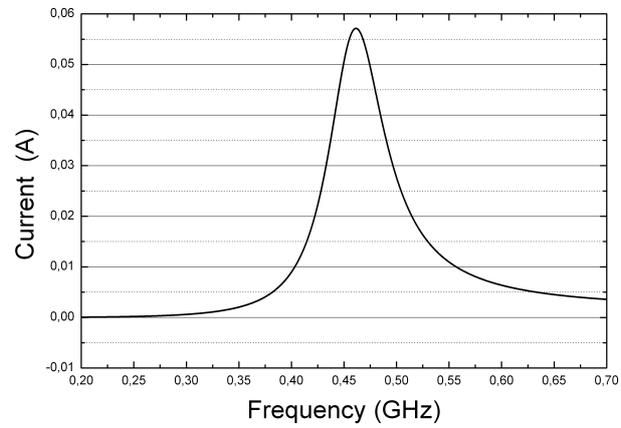
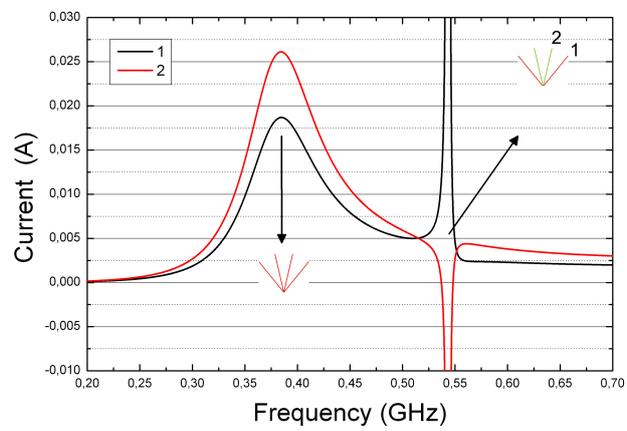
(a) *Bow tie* modelada con 2 hilos.(b) *Bow tie* modelada con 4 hilos.

Figura 6.6: Parte real de la corriente al inicio de cada uno de los hilos que modelan una *bow-tie* con 2 y 4 hilos. Sólo se representan las correspondientes a un cuadrante, ya que esta es simétrica respecto a un plano paralelo que contiene al segmento de alimentación y antisimétrica respecto al perpendicular [NEC2].

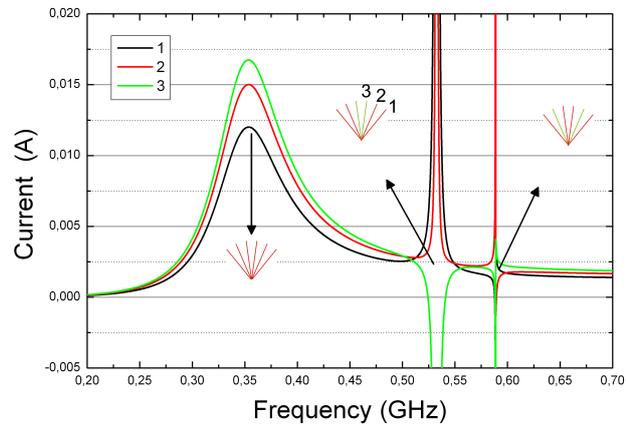
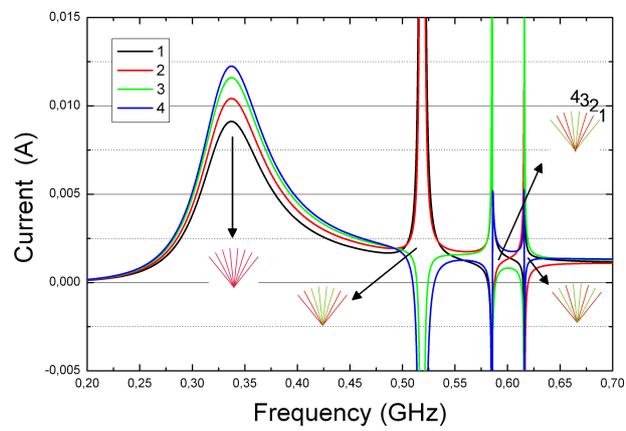
(c) *Bow tie* modelada con 6 hilos.(d) *Bow tie* modelada con 8 hilos.

Figura 6.6: Parte real de la corriente al inicio de cada uno de los hilos que modelan una *bow-tie* con 6 y 8 hilos. Sólo se representan las correspondientes a un cuadrante, ya que esta es simétrica respecto a un plano paralelo que contiene al segmento de alimentación y antisimétrica respecto al perpendicular [NEC2].

Estudio numérico en el dominio del tiempo de una *bow-tie* formada por hilos. A continuación veamos que consecuencias, esta vez en el dominio del tiempo tiene la inclusión de hilos en la estructura radiante. En primer lugar, en la Figura 6.7 hemos representado la intensidad en la alimentación para distintos diseños en los que se ha variado el número de hilos de la estructura. Como se aprecia en ella, el rizado de la corriente disminuye a medida que aumentamos el número de hilos, con lo que se demuestra que con este aumento se mejora la fidelidad de la señal, que es equivalente al incremento del ancho de banda. Por otro lado, si nos fijamos en la corriente cuando han transcurrido unos $10ns$, nos encontramos con que, para estructuras modeladas con más de dos hilos por hemisferio, se ha formado una onda estacionaria de periodo $T \approx 2ns$. Esta onda estacionaria está relacionada con las resonancias en las que existían hilos con oposición de fase, ya que por un lado el periodo de esta es aproximadamente el de una señal con frecuencia $0,5GHz$, justo donde se concentran las este tipo de resonancias; y por otro, que esta onda no aparece en la estructura de dos hilos, en la que las corrientes en los hilos siempre están en fase en la resonancia.

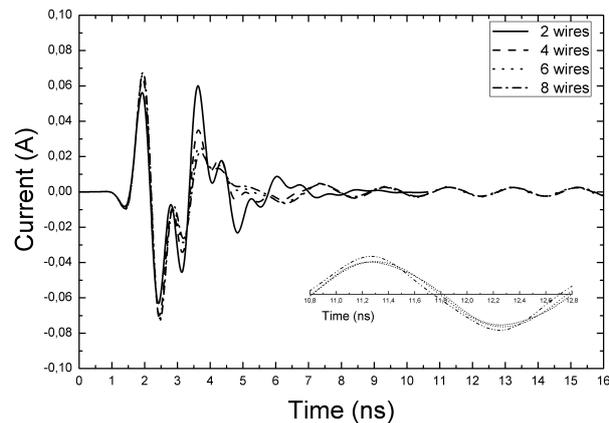


Figura 6.7: Señal de salida en la alimentación en el dominio del tiempo para antenas *bow-tie* modeladas con distinto número de hilos (Señal de entrada gaussiana con componentes significativas entre 0.005 y 1.6GHz) [CST Microwave Studio].

En aplicaciones GPR, además de antenas con alta fidelidad, se requieren sistemas que emitan hacia el subsuelo la mayor cantidad de energía posible. En

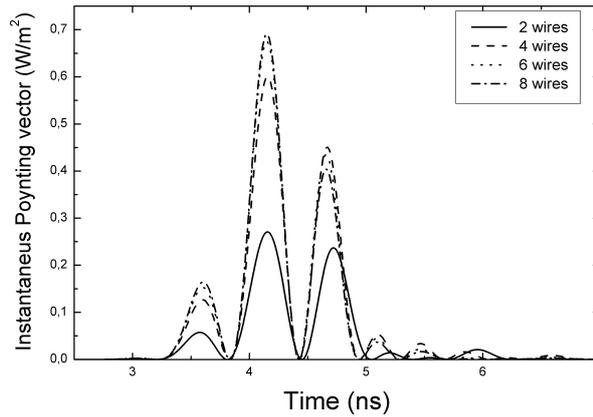


Figura 6.8: Densidad de potencia generada por *bow-tie* modeladas con distinto número de hilos a $0,5m$ de la alimentación en la dirección *broadside* [CST Microwave Studio].

la Figura 6.8 está el vector de Poynting instantáneo a $0,5m$ de la alimentación en la dirección *broadside*, como se puede ver, a medida que aumentamos el número de hilos en el modelado de la estructura crece la densidad de potencia hasta que converge a un valor máximo de $0,7W/m^2$ aproximadamente. Como se ve en la Figura 6.9, el primero de los tres máximos principales en la densidad de potencia es debido a la radiación en la alimentación del mínimo de la señal de entrada, el segundo corresponde a la suma de la radiación del máximo de la corriente en la alimentación más la producida por la reflexión de la corriente en los extremos de los hilos, mientras que el tercero y subsiguientes se deben únicamente a la radiación producida por las reflexiones de la corriente en los extremos de los hilos. Esto puede comprobarse viendo que la densidad de potencia del segundo pico es aproximadamente la suma del primero y del segundo.

Conclusiones En este apartado hemos estudiado los fenómenos electromagnéticos que se producen en antenas tipo *bow-tie* modeladas con hilos. Se ha comprobado como, al incrementar el número de hilos con los que se modela la *bow-tie* sólida, se aumentan tanto las propiedades de banda ancha de la estructura como la potencia, al igual que su potencia radiada en la dirección *broadside*, hasta alcanzar un valor límite a partir del cual no se producen me-

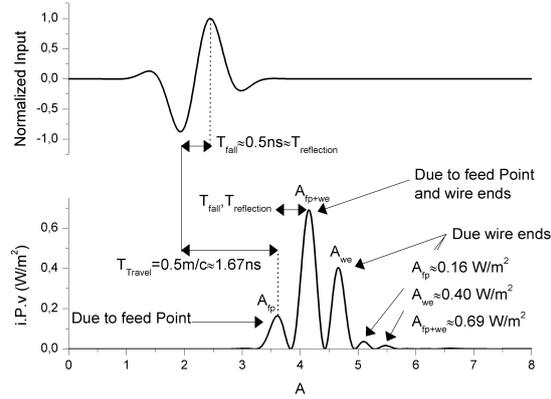


Figura 6.9: Señal de entrada y densidad de potencia generada por *bow-tie* modeladas con 8 hilos a $0,5m$ de la alimentación en la dirección *broadside* [CST Microwave Studio]. Se observa como con esta geometría y señal de entrada se consigue

mejoras sustanciales en dichas propiedades. Por otro lado, hemos visto que, como consecuencia del modelado de la antena *bow-tie* mediante hilos, se producen distintas resonancias que provocan un rizado de la intensidad en la alimentación indeseable en aplicaciones GPR. Por otro lado hemos comprobado como mediante una geometría y señal de entrada adecuadas es posible aumentar la densidad de potencia en la dirección *broadside*.

En el siguiente apartado estableceremos las definiciones previas necesarias a todo proceso de optimización, como los parámetros de diseño elegidos, el espacio de búsqueda así como los operadores específicos que vayan a usarse en el algoritmo optimizador.

6.1.2. Consideraciones previas.

En el apartado anterior se ha visto que, para diseñar una *bow-tie* modelada mediante hilos para aplicaciones GPR, esta ha de tener el número necesario de hilos para disminuir, en la mayor medida posible, los valores máximos tanto de la resistencia como de la reactancia. De igual forma hemos visto que el aumento de hilos favorece la ganancia en la dirección *broadside*. Sin embargo,

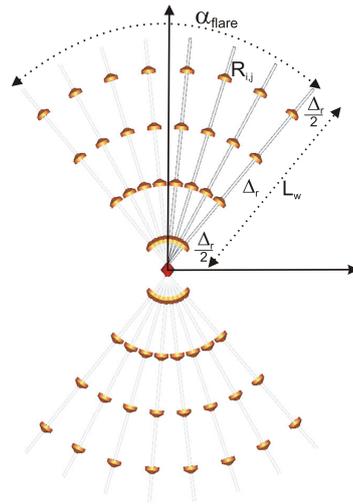


Figura 6.10: Esquema de la geometría de una antena bow tie modelada con hilos con cargas resistivas.

mediante la adición de hilos, no es posible obtener un ancho de banda como los requeridos en este tipo de aplicaciones. Por este motivo vamos a colocar resistores en determinadas posiciones de los hilos, de forma que consigamos ampliar con esto la banda de operación de la antena.

La estructura elegida para la optimización es la que se muestra en la Figura 6.10, donde 8 hilos de longitud $L_w = 0,15m$ forman un abanico de ángulo externo α_{flare} . Este número de hilos se ha elegido estableciendo un compromiso entre las propiedades de banda ancha demostradas por la estructura sin cargas, que como vimos no se veían mejoradas notablemente a partir de este número de hilos, y la carga computacional del simulador electromagnético usado para calcular las propiedades de banda ancha de la antena, en este caso el basado en el método de los momentos en el dominio de la frecuencia NEC2.

Por otro lado nos proponemos cargar de forma resistiva cada hilo con un perfil de carga formado por cuatro resistencias distribuidas a lo largo de los hilos como se muestra en la Figura 6.10, donde los perfiles de carga de los hilos serán idénticos en las optimizaciones mono-objetivo, mientras que en las multiobjetivo se permitirá que este varíe entre hilos, manteniendo siempre

una simetría por cuadrantes. En esta estructura, el ángulo α_{flare} variará de forma continua entre $[60^\circ, 120^\circ]$, y las resistencias tomarán valores discretos según $X_1X_2E^{X_3}$ donde $X_{1,2} \in \{0, 1, \dots, 9\}$ y $X_3 \in \{0, 1\}$. De esta forma un individuo estará formado por un gen de naturaleza continua junto con 12 valores de un conjunto discreto, por lo que será necesario la definición de los operadores genéticos apropiados para realizar las operaciones de cruce y mutación. Pero antes de esto, vamos a definir las funciones *fitness* que usaremos a lo largo de esta sección tanto para optimizaciones monoobjetivo como en las multiobjetivo, que proporcionarán una forma efectiva de búsqueda de diseños de antenas tipo *bow-tie* para aplicaciones GPR.

6.1.2.1. Funciones fitness para el diseño de antenas tipo *bow-tie* para aplicaciones GPR.

Las aplicaciones GPR requieren sistemas radiantes que emitan pulsos de corta duración en la dirección *broadside*, con la máxima potencia posible, con el fin de alcanzar zonas más profundas, y con mínimo rizado de la señal para no enmascarar posibles blancos. Estos requerimientos, en el dominio de la frecuencia, se traducen en una antena de gran ganancia cuya impedancia sea puramente resistiva y constante. Sin embargo, en la práctica, este último requerimiento se ve relajado de forma que la razón de onda estacionaria (VSWR⁵) sea menor que dos en la banda de trabajo. Para conseguir estos objetivos proponemos las siguientes funciones fitness:

Función fitness para la maximización del ancho de banda en VSWR
 F_{VSWR} Para obtener diseños de banda ultra-ancha, vamos a hacer uso de la razón de onda estacionaria, definida por:

$$SVWR(\nu) = \frac{1 + |\Gamma(\nu)|}{1 - |\Gamma(\nu)|} \quad (6.1)$$

donde Γ es el coeficiente de reflexión

$$\Gamma(\nu) = \frac{Z(\nu) - Z_0}{Z(\nu) + Z_0} \quad (6.2)$$

⁵Acrónimo de *Voltage Standing Wave Ratio*.

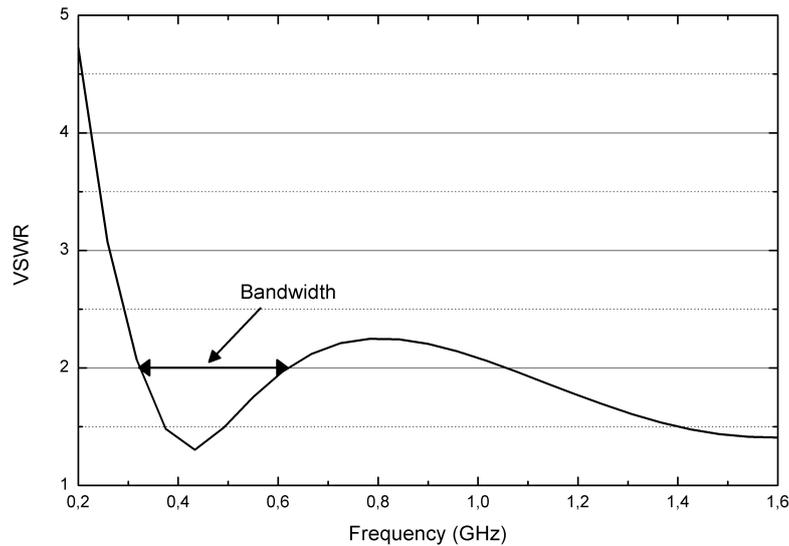


Figura 6.11: Medida del ancho de banda en relación al VSWR.

y Z y Z_0 la impedancia de entrada y la de la alimentación.

Para seleccionar individuos con una impedancia con la parte imaginaria lo más próxima a cero, y parte real con mínima variación, nos proponemos tomar como impedancia característica la media de la parte real de la impedancia de la antena, $Z_0 = Re(\bar{Z})$, de forma que aquellos individuos con poca variabilidad en la resistencia de entrada y reactancia cercana a cero, tendrán un valor de SVWR bajo en toda la banda de operación. Teniendo en cuenta esto, asignaremos como F_{SWVR} el ancho de la banda de frecuencias por las cuales SVWR está por debajo de 2.

Funciones fitness para la maximización del ancho de banda en ganancia F_{BWGain} y $F_{maxGain}$. Como función fitness que evalúen el comportamiento ganancial de la antena, vamos usar dos magnitudes, por un lado tendremos en cuenta el ancho de banda para el cual la ganancia se encuentra entre el máximo y los valores en frecuencia correspondientes a la caída de $3dB$ y, además, el máximo valor de esta. Maximizando estas dos magnitudes mediante el algoritmo multiobjetivo propuesto encontraremos un conjunto de diseños en los que se establece un compromiso entre pico de ganancia y ancho

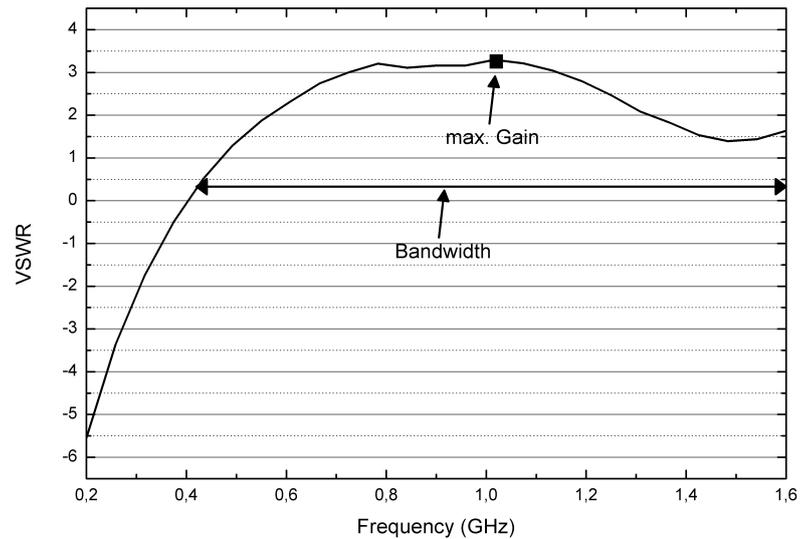


Figura 6.12: Medida del ancho de banda en ganancia y del pico máximo de esta.

de banda de esta.

6.1.2.2. Operadores específicos para la optimización de antenas *bow-tie* modeladas con hilos.

En este apartado vamos a definir los operadores genéticos específicos que usaremos en esta aplicación de AGs al diseño optimizado de antenas. Entre estos, encontramos un operador específico para el algoritmo monoobjetivo basado en un torneo binario con ligaduras [Deb y otros, 2002], y unos operadores de cruce y mutación que usaremos tanto en aplicaciones mono como en multiobjetivo. La necesidad de un operador de selección como el que vamos a usar, que tiene en cuenta ciertas restricciones sobre los genes de los individuos que veremos a continuación, surge de la necesidad de buscar soluciones en las que no se degrade en exceso la ganancia del sistema al introducir las cargas en los hilos. Durante una serie de optimizaciones previas, nos dimos cuenta que el optimizador elegía rápidamente un valor muy alto de las resistencias que se encuentran a menor distancia de la alimentación, y esto reducía enormemente

la ganancia de la antena. Por este motivo, vamos a definir como soluciones “válidas” aquellas en las que el valor de las cargas crece conforme están más alejadas de la alimentación. Con esto conseguiremos que la corriente se atenúe de forma gradual.

Como se ha comentado con anterioridad, los individuos que representan a cada diseño están formados por una componente continua, que define el ángulo externo α_{flare} , y otra discreta con la que se definen los valores de los resistores, por lo que los operadores genéticos tendrán que ser capaces de tratar de forma efectiva con ambos tipos de variables. Los operadores que vamos a definir están inspirados en los propuestos en [Deb y Goyal, 1996], donde se aplican este tipo de operadores de forma efectiva a problemas prácticos. En primer lugar estableceremos la definición del operador de selección con ligaduras, pasando a continuación con los de cruce y mutación.

Operador de selección con ligaduras. Como se ha comentado al inicio de este epígrafe, en esta aplicación se hace necesario favorecer soluciones con valores crecientes de las resistencias a medida que estas están localizadas a mayor distancia de la alimentación, que hemos llamado soluciones “válidas”. En contraposición a estas soluciones “válidas” nos encontramos con las “inválidas”, en las que las cargas no siguen un perfil creciente. Mediante esta clasificación de los individuos según su validez como soluciones, podemos guiar a la población hasta un estado en el que la mayoría de esta está formada por soluciones con perfil de carga creciente, de modo que podremos obtener soluciones que se ajusten a nuestros requerimientos y cumplan la ligadura que hemos impuesto a la solución. Con esta clasificación de las soluciones en válidas o inválidas podemos encontrarnos en el torneo binario, con tres situaciones, que enumeramos a continuación donde establecemos el criterio con el cual se dilucida el individuo seleccionado. Tenemos que pueden los siguientes supuestos:

1. Ambos individuos del torneo son “válidos”. En este caso se elige como vencedor del torneo al individuo más adaptado, en este caso con menor F_{VSWR} .
2. Si un individuo es “válido” y el otro no, el primero sobrevive y formará parte de los progenitores de la siguiente generación.

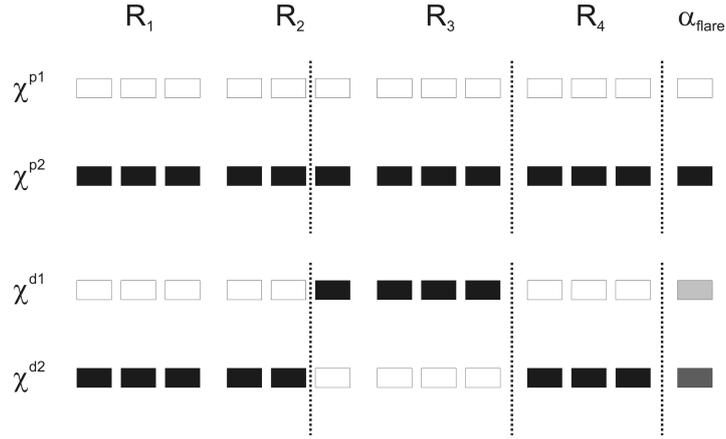


Figura 6.13: Esquema del cruce híbrido usado.

3. En caso de que ambas sean “inválidas” se elegirá aquella con menor violación de las ligaduras, dada por la función Λ que definimos a continuación.

1: **Función** $\Lambda(\vec{R})$ \triangleright \vec{R} contiene los valores de las resistencias, estando en la primera posición el mas cercano a a la alimentación.

2: $\Lambda \leftarrow 0$

3: **for** $i \leftarrow 1, N_{res} - 1$ **do**

4: **for** $j \leftarrow i + 1, N_{res}$ **do**

5: **if** $R_i > R_j$ **then** $\Lambda \leftarrow \Lambda + 1$ \triangleright Si se produce una violación de la ligadura, se incrementa en uno el valor de Λ .

Operador de Cruce. En el operador que vamos a presentar, el cromosoma discreto se recombina en el cruce como si sobre el un operador binario de cruce a dos puntos se aplicase, mientras que el ángulo externo se genera mediante una distribución de probabilidad polinomial como la usada en el operador SBX presentado en el apartado 2.7.2, de forma que los ángulos de los descendientes se encuentran en el entorno de los progenitores. En la Figura 6.13 mostramos un esquema de este operador.

Operador de mutación. En el operador de mutación que hemos definido para esta optimización, cada resistencia o el ángulo externo son mutados de

forma independiente con un 20 % de probabilidad. Para cada tipo de variable se aplica una estrategia diversa, por un lado cada componente continua cambia de valor mediante la distribución polinomial introducida en [Deb, 1998] mientras las componentes discretas cambian de valor según

Algoritmo 19 Mutación discreta de resistencias.

```

1: for  $j \leftarrow 1, 3$  do
2:    $u \leftarrow U[0, 1]$ 
3:   if  $u < p_{res}(j)$  then  $\triangleright$  Se decide si se cambia uno de los valores que definen
   el resistor.
4:      $\chi_j^d \in U[0, 9]$ 

```

En este estudio, aún no habiendo hecho un análisis exhaustivo sobre los probabilidades óptimas de p_{res} , hemos encontrado que los valores $p_{res} = (0.2, 1.0, 0.05)$ proporcionan buenos resultados.

6.1.3. Resultados numéricos de la optimización mono-objetivo mediante $\varepsilon HTGA$.

En este apartado vamos a realizar diseños de antenas tipo *bow-tie* en los que queremos reducir el valor de VSWR en toda la banda de trabajo. En primer lugar presentaremos cual ha sido la estrategia de búsqueda, así como los parámetros y operadores auxiliares que se han usado para ello. Posteriormente presentaremos algunos de los diseños obtenidos mediante AGs, pasando por último a su análisis.

En lo referente a la estructura del AG empleado hemos de apuntar que en esta aplicación, al ser todos los genes, menos el que define α_{flare} , elementos de un conjunto discreto de elementos, vamos a utilizar el cruce de Taguchi, que se vio en el Capítulo ?? que introducía grandes mejoras al algoritmo en estos casos, como operador de cruce complementario junto con los definidos específicamente en esta aplicación. Por otro lado hemos elegido un tamaño de población de $N_{pop} = 50$ soluciones prueba y tasas de cruce y mutación determinadas por $p_c = 0,3$ y $p_m = 0,2$. Se realizaron varias optimización hasta 10000 evaluaciones de la función *fitness* usando $N_\nu = 25$ muestras frecuenciales, donde se encontraron dos clases de diseños cuyos parámetros de diseño se

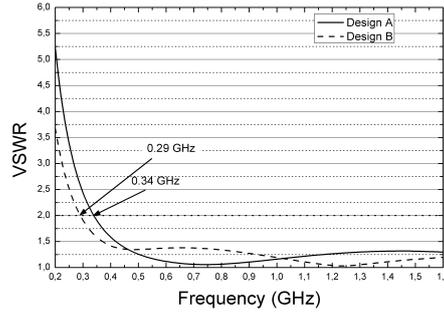


Figura 6.14: VSWR de entrada de los dos diseños obtenidos mediante AGs mono-objetivo ($Z_0^A = 117\Omega$ y $Z_0^B = 116\Omega$) [NEC2].

muestran en la Tabla 6.1.3, con prácticamente el mismo ángulo α_{flare} y normalizados casi a la misma impedancia ($Z_0^A = 117\Omega$ y $Z_0^B = 116\Omega$) y que con dos tipos de perfil resistivo obtienen un ancho de banda muy similar (un 3% de diferencia). donde las resistencias están en ohmios y α_{flare} en grados.

Diseño	R_1	R_2	R_3	R_4	α_{flare}
A	10	99	630	630	77.13
B	99	420	420	420	77.14

Tabla 6.1: Parámetros resultantes en optimización mono-objetivo.

En la Figura 6.14 mostramos el SVWR de estas dos soluciones, cuyo análisis tanto en el dominio de la frecuencia como en el del tiempo realizaremos a continuación.

6.1.3.1. Análisis en el dominio de la frecuencia de la antena *bow-tie* optimizada mediante AG.

Como se ha visto en la Figura 6.14, los dos diseños que hemos presentado de las diferentes soluciones obtenidas mediante el optimizador, presentan un ancho de banda muy similar, diferenciándose tan sólo en un 3%. Como puede verse en la Figura 6.15, el ancho de banda conseguido en el VSWR, se ha obtenido bien acercando el valor medio de la reactancia a cero (Diseño A)

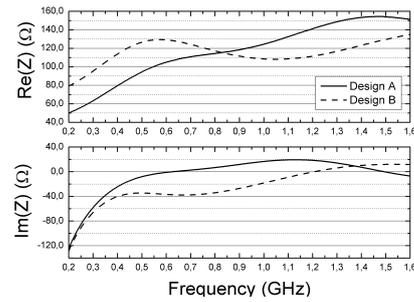


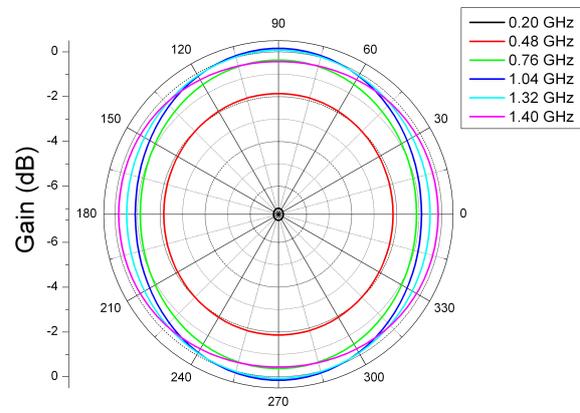
Figura 6.15: Impedancias de entrada de los dos diseños obtenidos mediante AGs mono-objetivo.

o bien minimizando las variaciones en amplitud de la resistencia de entrada (Diseño B).

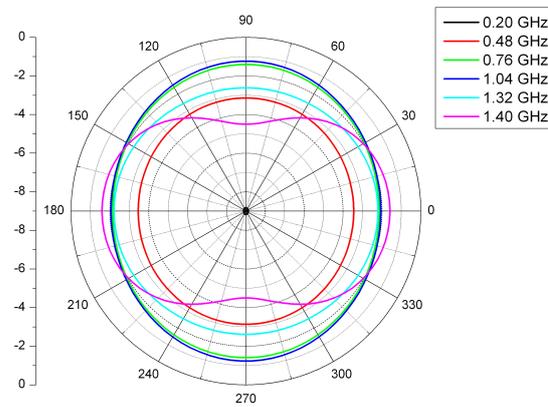
Como se observa en esta figura, mediante la inserción de las cargas resistivas se han eliminado las resonancias que aparecían en torno a los 500MHz . Sin embargo, esto a deteriorado la ganancia de forma muy severa como se puede comprobar en las Figuras 6.16(a) y 6.16(b). En estas antenas las pérdidas óhmicas son demasiado elevadas para poder ser llevadas a la práctica, por lo que emplearemos un optimizador multiobjetivo para obtener diseños en los que además de maximizar el ancho de banda en VSWR se maximicen las prestaciones en ganancia de estas de forma simultánea. Los diseños obtenidos mediante esta técnica los mostramos en la siguiente sección.

6.1.4. Resultados numéricos de la optimización multi-objetivo mediante *NSGAI*.

Como se vio en el apartado anterior, mediante la inserción de un mismo perfil de cargas para todos los hilos de la estructura conseguimos aumentar el ancho de banda en VSWR. Sin embargo, a pesar de forzar que los valores de las cargas más alejados de la alimentación fuesen mayores que los encontrados más cerca de esta, los valores máximos de ganancia obtenidos en la optimización monoobjetivo no son suficientes, ya que estos apenas sobrepasan los $0,2\text{dB}$. Por este motivo se hace necesario el uso de un algoritmo multiobjetivo que, además de maximizar las prestaciones de banda ancha en VSWR, encuentre



(a) Diseño A



(b) Diseño B

Figura 6.16: Ganancia en el plano H de las antenas *bow-tie* obtenidas mediante optimización monoobjetivo [NEC2].

diseños maximizando la ganancia en la dirección broadside. Para ello vamos a emplear el algoritmo NSGAI con los operadores específicos para el diseño de antenas presentados en el Epígrafe 6.1.2.2 para el diseño optimizado de antenas tipo *bow-tie* modeladas con hilos mediante la maximización de las funciones *fitness* F_{VSWR} , F_{BWGain} , $F_{maxGain}$ definidas en el Apartado 6.1.2.1.

Como se ha visto en el apartado anterior, debido a las interacciones mutuas entre hilos, las distribuciones de corriente de los que forman un cuadrante son diferentes, por lo que parece lógico permitir que los valores de las cargas mediante las cuales pretendemos aumentar las propiedades de banda ancha de la antena difieran en valor de un hilo a otro. De este modo el optimizador elegirá, además del ángulo externo, dieciséis resistores, cuatro para cada uno de los hilos de un cuadrante de la estructura con el fin de maximizar los anchos de banda tanto del VSWR como de la ganancia, así como el valor máximo de esta. Por lo tanto, usando la misma codificación que en la optimización monoobjetivo, un individuo estará formado por $N_{gen} = 17$ genes, dieciséis de ellos codificados mediante tres alelos tomados del conjunto de los números naturales que representaran las cargas resistivas y un último gen representado por un número real que definirá el ángulo externo α_{flare} de la estructura.

Para asegurar la convergencia del frente de Pareto obtenido con el global, se han realizado diez ejecuciones independientes del algoritmo usando una población de $N_{pop} = 100$ individuos y tasas de cruce y mutación $p_c = 0,8$ y $p_m = 0,04$. El conjunto de soluciones no-dominadas obtenido se muestra en la Figura 6.1.4 donde hemos marcado las soluciones con mayor ancho de banda en VSWR (diseño C), con mayor ancho de banda en ganancia (diseño D), con mayor ganancia (diseño E) y una con un balance adecuado de estas tres magnitudes. En las Figuras 6.1.4 y 6.1.4 están representados los valores del VSWR y de la ganancia en función de la frecuencia de cada uno de estos diseños, cuyos parámetros de diseño mostramos en la Tabla TAL.

Mediante la optimización multiobjetivo, hemos obtenido un amplio conjunto de soluciones con anchos de banda que van de 6.7:1 a 4:1 en VSWR, de 2.6:1 a 5.7:1 en ganancia y máximos valores de esta de 0,5dB a 7,1dB, de entre los que el diseñador o usuario puede escoger la que mejor se adapte a la situación en particular. A continuación presentaremos un breve análisis tanto en el dominio del tiempo como de la frecuencia del diseño F.

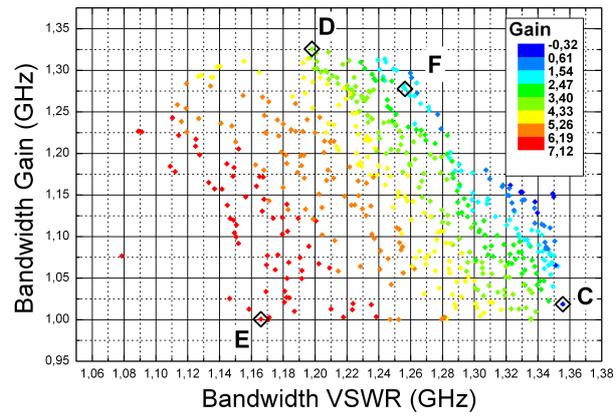


Figura 6.17: Representación bidimensional del frente óptimo de Pareto obtenido.

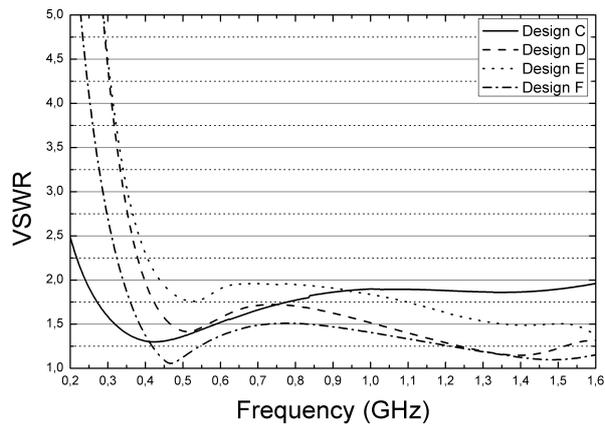


Figura 6.18: VSWR en función de la frecuencia para los diseños seleccionados del frente de Pareto [NEC2].

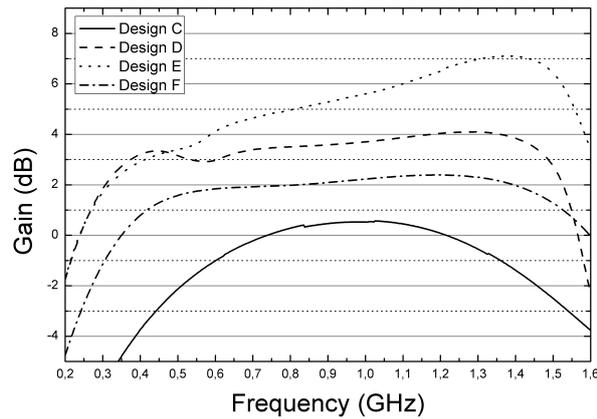


Figura 6.19: Ganancia en la dirección *broadside* en función de la frecuencia para los diseños seleccionados del frente de Pareto [NEC2].

6.1.4.1. Análisis de la solución E en el dominio de la frecuencia

Antes de comenzar el análisis, para asegurarnos de la validez del diseño, vamos a comparar las impedancias de entrada obtenidas mediante el programa basado en el método de los momentos NEC, con el basado en XXX en el dominio del tiempo CST Microwave Studio que mostramos en la Figura 6.20.

Como se observa, tanto la resistencia como la reactancia obtenidos con NEC se ajustan razonablemente a los calculados usando CST, por lo que las propiedades electromagnéticas de un prototipo de esta antena no variará muchos de las predichas al ser estas unas herramientas suficientemente testadas y validadas.

En este diseño, como hemos visto en la Figura 6.1.4, hemos incrementado considerablemente la ganancia con respecto a los diseños A y B. Esto se ha conseguido gracias a la combinación de dos factores. Por un lado se han reducido los valores de los resistores empleados en el diseño de la estructura, con lo que las pérdidas óhmicas se ven reducidas; y por otro se ha conseguido modelar en cierta el diagrama de radiación, consecuencia de una distribución de corriente determinada que es posible ya que se ha permitido cargar de forma distinta cada uno de los hilos. En la Figura 6.21 mostramos el diagrama de radiación del diseño F. Como se Puede ver en esta figura, se ha conseguido

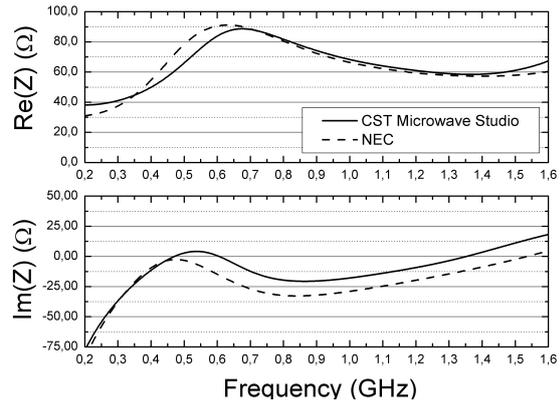


Figura 6.20: Impedancias de entrada de los dos diseños obtenidos mediante AGs mono-objetivo.

aumentar la radiación en la dirección *broadside* a la vez que se reduce en la dirección *endfire*.

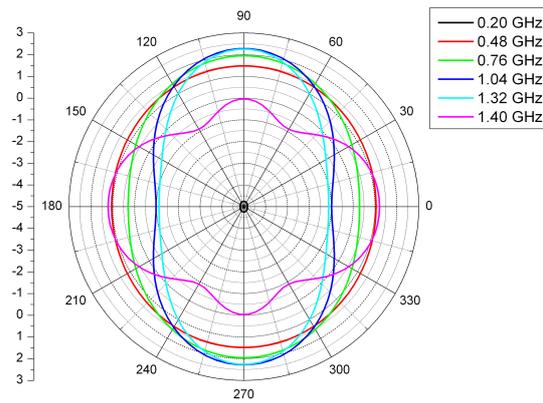


Figura 6.21: Impedancias de entrada de los dos diseños obtenidos mediante AGs mono-objetivo.

6.1.4.2. Análisis de la solución E en el dominio del tiempo

En este apartado vamos a ver las propiedades en el dominio del tiempo del diseño F, en particular de la corriente en la alimentación y la densidad de potencia en la dirección *broadside*, que mostramos en las Figuras 6.22 y 6.23. En este caso, para obtener un sólo pulso, hemos usado como señal de entrada un pulso Gaussiano con componentes significativas en frecuencia entre 0 y 1,6GHz.

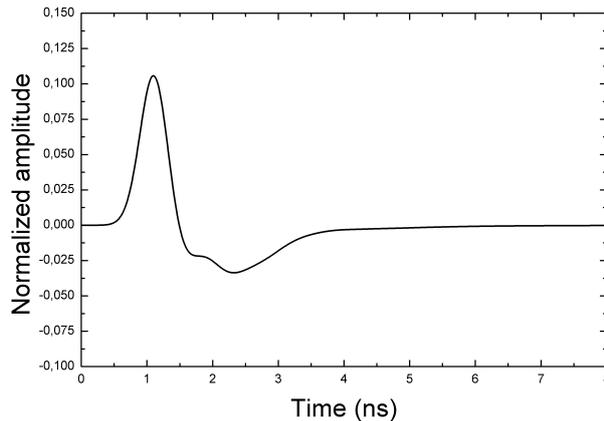


Figura 6.22: Señal de salida en la alimentación en el dominio del tiempo para antenas *bow-tie* modeladas con distinto número de hilos (Señal de entrada gaussiana con componentes significativas entre 0.005 y 1.6GHz) [CST Microwave Studio].

Como podemos ver en estas figuras el diseño es válido para aplicaciones GPR, ya que si bien hemos reducido a un cuarto el máximo de la potencia radiada, se ha reducido totalmente el rizado de la señal de salida, con lo que posibles blancos a detectar no quedarían enmascarados por dicho rizado.

En la siguiente sección optimizaremos tanto el ancho de banda como el diagrama de radiación de estructuras con geometría logoperiódicas.

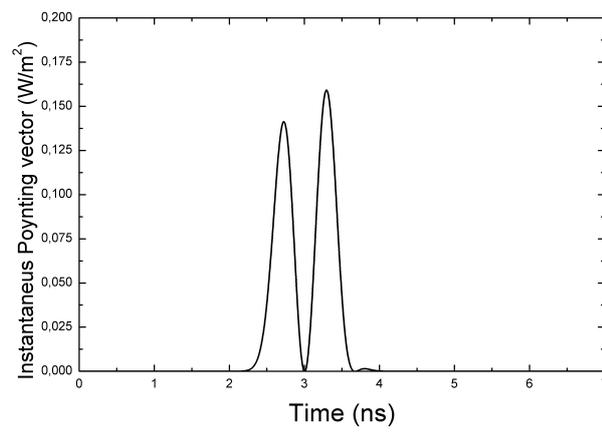


Figura 6.23: Impedancias de entrada de los dos diseños obtenidos mediante AGs mono-objetivo.

6.2. Diseño de antena zig-zag logo-periódica modelada con hilos delgados.

En este apartado vamos a realizar el diseño optimizado de una estructura de hilo con geometría zig-zag logo-periódica (LP), la cual debe cumplir las siguientes especificaciones a lo largo de la banda operativa, con frecuencias inferior y superior dadas por $\nu_{inf} = 0,45GHz$ y $\nu_{sup} = 1,23GHz$, respectivamente:

1. VSWR menor que 2 ($Z_0 = 75\Omega$).
2. Variación de la ganancia (GR)⁶ menor que $3dB$.
3. Ganancia (G) mayor que $5dB$.
4. *Front to back ratio* (FTB)⁷ mayor que $15db$
5. Ancho del haz (BW)⁸ mayor que 120° en acimut.
6. Polarización vertical.

Además, como la antena debe ser montada en un mástil, su impacto ambiental debe ser reducido, por lo que la máxima dimensión de la estructura no ha de superar la media longitud de onda a la frecuencia inferior de la banda ($\lambda_{inf}/2 = 0,33m$). Para satisfacer estas especificaciones hemos considerado las antenas LP simétricas como un buen punto de partida para nuestros diseños ya que están polarizadas verticalmente, tienen el máximo de radiación en la dirección *endfire*, y poseen buen FTB [Johnson y Jasic, 1984].

6.2.1. Geometría de una antena LP

Las antenas LPs son radiadores para los cuales la geometría es elegida de forma que las propiedades eléctricas se repitan de forma periódica con el logaritmo de la frecuencia. El primer diseño con resultados notables basado en esta

⁶Acrónimo de Gain Range

⁷Hemos usado el término FTB en lugar de relación delante atrás, al estar el primero más extendido entre los hispanohablantes.

⁸Acrónimo de beam width.

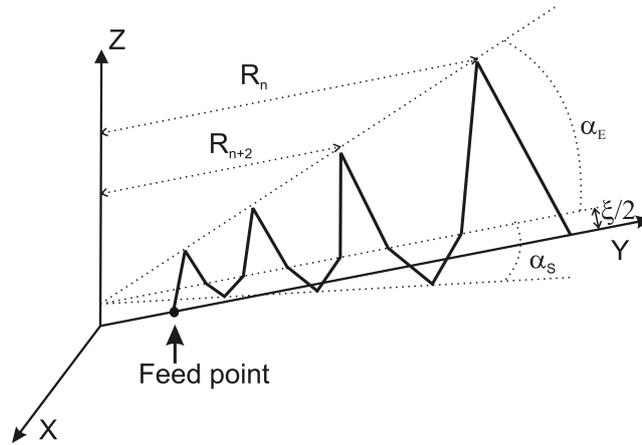


Figura 6.24: Geometría de una antena ALPZZP.

geometría fue el propuesto por DuHammel e Isbell [R.H. DuHamel and D.E. Isbell, 1957], estableciendo un nuevo punto de partida de diseños LP para una variedad de estructuras formadas por láminas metálicas o hilos delgados [R.H. DuHamel and F. Ore, 1958; D. Isbell, 1960]. Entre esta familia de antenas, las antenas LP simétricas [D.G. Berry and F. Ore, 1961] centran nuestra atención ya que proporcionan un modelo prometedor para ser optimizado mediante AGs en un intento de satisfacer todas las especificaciones propuestas al inicio de la sección. En particular, las antenas LP en zig-zag plegadas (ALPZZP), como las que se han estudiado en [Greiser y Mayes, 1964], han sido consideradas como punto de partida de nuestro diseño ya que no necesitan transformadores que inviertan la fase para alcanzar las características de banda ancha, siendo además menos sensibles que la antena LP formada por dipolos plegados [Johnson y Jasic, 1984]. Un ejemplo de antena ALPZZP modelada con hilos delgados podemos verla en la Figura 6.24, donde sólo se ha representado uno de los dos brazos que forman la antena, ya que esta es simétrica respecto al plano XY .

Entre los parámetros que gobiernan la estructura de esta antena, tenemos el factor de geometría τ que mide el cociente entre dos dimensiones similares de la antena ($\tau = R_{n+2}/R_n < 1$); α_E y α_S son los ángulos entre puntas de los picos en los planos vertical y horizontal de la estructura respectivamente; ξ controla la distancia entre los dos brazos de la antena y N_p el número de picos de la antena (en particular, en la Figura 6.24 la estructura tiene $N_p = 7$

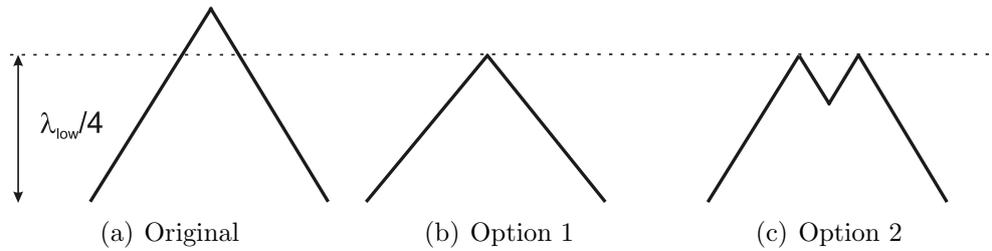


Figura 6.25: Miniaturization techniques applied to an oversized tooth (a): by decreasing the tooth height (b) by bending the tooth on a quasi-fractal way (c)

picos). La antena está alimentada mediante una fuente de voltaje en el centro de la misma (ver Fig. 6.24). En los diseños que proponemos, el radio (r) de la estructura es constante, que si bien rompe la logo-periodicidad, facilitará la futura construcción del dispositivo radiante.

A continuación, modificamos la geometría de la ALPZZP con el fin de reducir su tamaño de forma que se cumpla con las especificaciones relacionadas con el tamaño compacto de la antena. Con este objetivo hemos considerado dos estrategias para mantener el tamaño máximo de la estructura de hilos por debajo de $\lambda_{inf}/2$ cuando alguno de los picos supera el tamaño permitido:

1. Este se reduce a $\lambda_{inf}/4$ (ya que la antena es simétrica respecto al plano XY).
2. Siguiendo la estrategia presentada en [Sharma y Shafai, 2004], los picos se van plegando de forma quasi-fractal hasta que el tamaño de la antena se reduce a las dimensiones adecuadas.

Con la primera de las opciones se mantiene invariante el número de picos, mientras que con la segunda es la longitud total del hilo la que permanece constante.

Además, para incrementar el tamaño eléctrico de la antena sin agrandarla físicamente, proponemos cargar de forma resistiva los hilos que forman su estructura, siendo esto crucial para poder operar dentro de la banda establecida y cumplir con las especificaciones requeridas. Esto es debido al hecho de que, en las antenas LPs, la mayor parte de la radiación se produce en la región de la

antena en la que la altura de los picos se encuentra entre $\lambda/4$ y $3\lambda/4$. Entonces, ya que la máxima altura de los picos de nuestra antena no debe superar $\lambda_{inf}/4$, energía con longitud de onda superior a $\lambda_{inf}/3$ no será radiada en su totalidad si la antena esta construida con hilos conductores perfectos. Esto quiere decir, ya que $\lambda_{sup} = \lambda_{inf}/3$, que la mayor parte de la energía suministrada no será radiada, permaneciendo por lo tanto confinada. Una forma de solucionar esto es alargar eléctricamente los hilos mediante la incorporación de un perfil resistivo a los hilos de la estructura.

6.2.2. Consideraciones previas.

En este apartado, vamos a describir como el algoritmo *varepsilonHTGA* se ha usado, en conjunción con el código basado en el método de los momentos NEC2, para optimizar el funcionamiento de las ALPZZPs. Los parámetros de diseño son α_E , α_S , τ , ξ , el valor de la resistencia por unidad de longitud (Ω) con la que se cargarán cada uno de los dientes de la estructura en zig-zag, y el tipo de estrategia de miniaturización de picos demasiado grandes. El radio de toda la estructura estará fijado en 2mm, y el número de picos $N_p = 25$, además, por razones prácticas, hilos menores que 2cm no están permitidos en los diseños. El rango de variación de los parámetros usados se muestra en la Tabla 6.2.

Tabla 6.2: Parameter design range

Parámetro	Valor Mín.	Valor Max.
α_E	25 (grad)	65 (grad)
α_S	25 (grad)	65 (grad)
τ	0.8	0.95
ξ	6 (mm)	20 (mm)
Ω	0 (Ω/m)	100 (Ω/m)

Al igual que en el diseño de antenas *bow-tie*, los individuos estarán formados por una parte continua (α_E , α_S , τ y ξ) y una discreta (Ω y T_m), estando Ω definida mediante $X_1X_3X_3$ con $X_1 = 0, 1$ y $X_{2,3} \in \{0, 1, \dots, 9\}$, y T_m un número binario indicando el tipo de técnica de miniaturización. Como operadores genéticos se han usado el mismo tipo de operadores empleados en el

diseño de *bow-tie* formadas por hilos delgados, adaptando el número de genes de carácter continuo o discreto a esta aplicación particular.

Para medir la bondad como solución de los individuos de la población, vamos a definir una función fitness mediante la suma ponderada de los distintos objetivos descritos al inicio de la sección como:

$$F = \frac{1}{N_\nu} \sum_{i=1}^{N_\nu} \varpi(\nu_i) \times \left[\frac{1}{4} \Theta \left(\frac{2}{SVWR(\nu_i)} \right) + \frac{1}{8} \Theta \left(\frac{3}{GR(\nu_i)} \right) + \frac{1}{8} \Theta \left(\frac{G(\nu_i)}{5} \right) + \frac{1}{4} \Theta \left(\frac{FTB(\nu_i)}{15} \right) + \frac{1}{4} \Theta \left(\frac{BW(\nu_i)}{120} \right) \right] \quad (6.3)$$

donde

$$\Theta(x) = \begin{cases} 1 & \text{if } x \geq 1 \\ x & \text{en caso contrario} \end{cases} \quad (6.4)$$

y $\varpi(\nu) = C(1/\nu^3 + \nu^8)$ es una función peso normalizada que adjudica mayor importancia al cumplimiento de los objetivos en los bordes de la banda de frecuencias. N_ν es el número de muestras en frecuencia y ν la frecuencia en GHz . Esta función está definida de manera que valga la unidad en el caso que una antena cumpla con todos los objetivos propuestos para este diseño.

6.2.3. Resultados numéricos de la optimización.

Para esta optimización hemos usado el algoritmo $\varepsilon HTGA$ con parámetros una población de 50 individuos y tasas de cruce y mutación dadas por $pc = 0,3$ y $pm = 0,033$ respectivamente. El algoritmo ha sido ejecutado en 5 ocasiones, como viene siendo habitual para asegurar que el mismo no quede atrapado en óptimos locales, encontrando un individuo con fitness 0.99, indicando que prácticamente se han alcanzado todos los objetivos requeridos en el diseño. Su geometría, que mostramos en la Figura ??, corresponde a $\tau = 0,815$, $\alpha_E = 45^\circ$, $\alpha_S = 41^\circ$ y $\xi = 7mm$. Por otro lado los dientes de la estructura han sido reducidos en altura mediante la técnica quasi-fractal y el perfil resistivo para cada diente se muestra en la Figura ??.

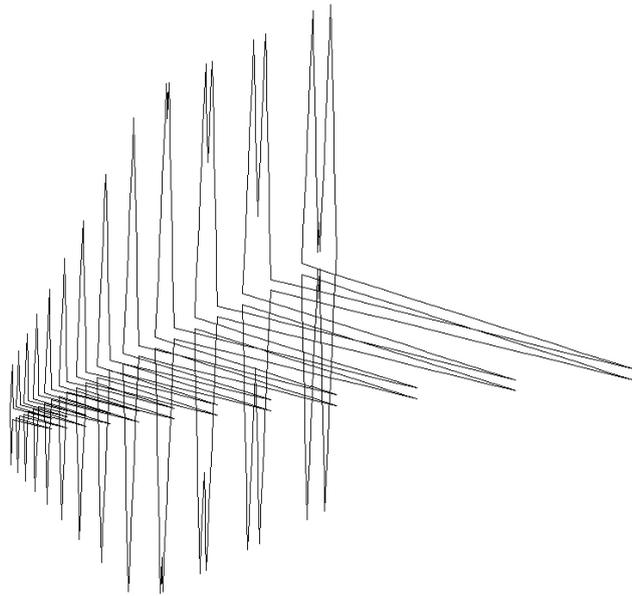


Figura 6.26: Geometría de una antena ALPZZP optimizada mediante AGs.

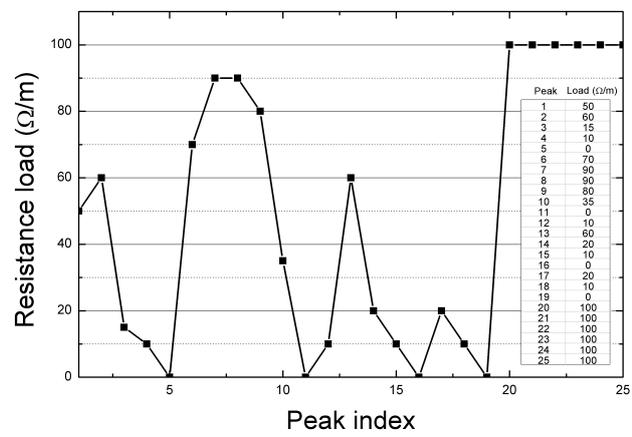


Figura 6.27: Perfil optimizado de resistencia.

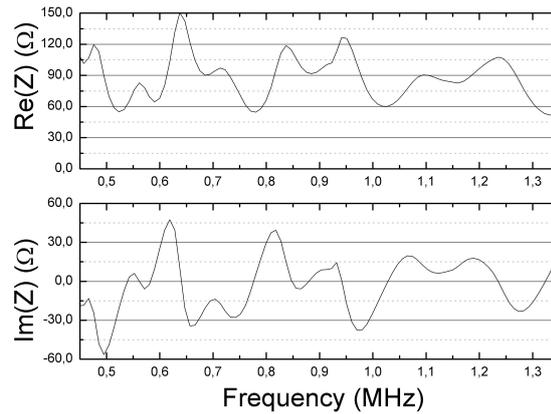


Figura 6.28: Impedancia de entrada de la ALPZZP optimizada [NEC2].

Como puede apreciarse en la Figura 6.27, el AG ha seleccionado, para los últimos picos de la estructura, el máximo valor de la carga resistiva permitida, en un intento de evitar, como veremos posteriormente, la reflexiones de energía con componentes de baja frecuencia. El funcionamiento de la antena ha sido analizado usando NEC y los resultados están representados en las Figuras 6.28-6.33. Podemos comprobar en la Figura 6.28 que la variación de la impedancia es muy baja, aproximadamente $\pm 50\Omega$, tanto de su parte real como imaginaria. La impedancia de entrada también está representada en la Figura 6.29 en forma de VSWR, con impedancia característica $Z_0 = 75\Omega$. Como puede verse, el valor de VSWR se mantiene por debajo de 2 en toda la banda de frecuencia, revelando una muy buena adaptación de impedancia con un cable coaxial comercial de 75Ω sin necesidad de emplear un transformador de impedancia. La Figura 6.30 representa la ganancia en la dirección *endfire* en función de la frecuencia, y puede verse que esta varía entre 5dB y 8dB a lo largo de toda la banda, satisfaciendo los objetivos 2 ($GR \leq 3$) y 3 ($GA \geq 5$). Por otro lado, en la Figura 6.31 comprobamos como el objetivo 4 se cumple prácticamente en toda la banda de frecuencias, salvo un rango de frecuencias de ancho 13MHz al principio de esta, atribuible a que en dichas frecuencias la altura efectiva de la antena es demasiado reducida. En la Figura 6.32 encontramos representado el ancho del haz (BW) en función de la frecuencia, que resulta ser mayor que 120° en toda la banda salvo en el corte superior de esta que, en cualquier caso, corresponden a valores que se encuentran muy cerca del valor requerido, por

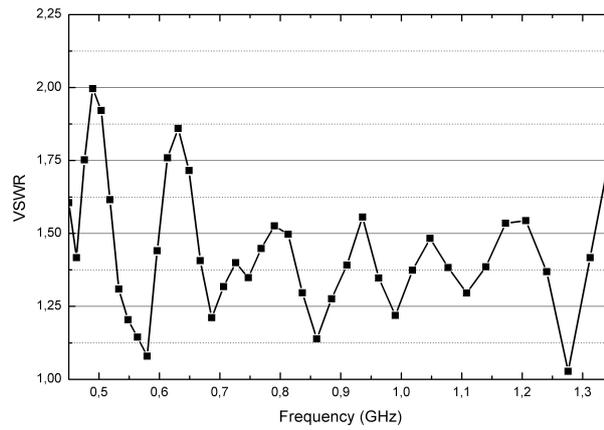


Figura 6.29: VSWR referenciado a $Z_0 = 75\Omega$.

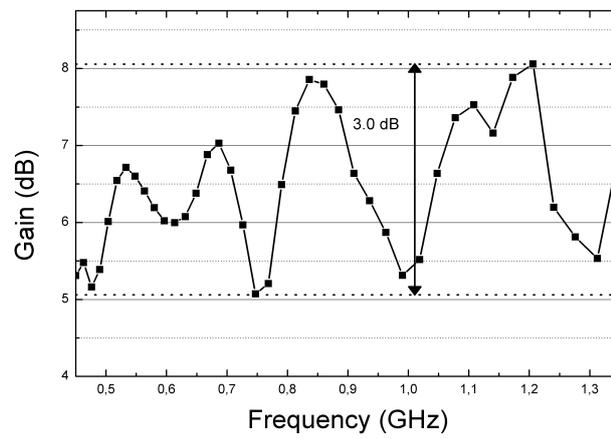


Figura 6.30: Ganancia de la ALPZZP en la banda operativa de frecuencias [NEC2].

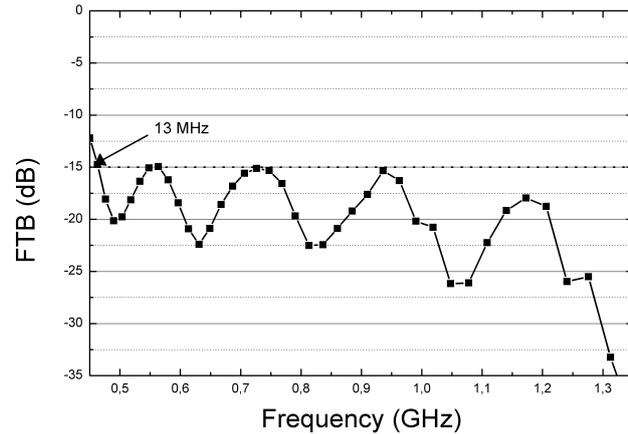


Figura 6.31: FTB [NEC2].

lo que de forma aproximada también se cumple este último objetivo.

En la Figura 6.33 hemos representado la ganancia en el plano H, para cinco frecuencias de entre las de la banda de funcionamiento de la antena, en función del ángulo horizontal ϕ . El comportamiento ganancial con la frecuencia es muy similar en los cinco casos, por lo que se corroboran las prestaciones de banda ancha de la antena. Además, esta figura también confirma el cumplimiento de los objetivos propuestos en términos de ganancia, ancho del haz y FTB, en las cinco frecuencias seleccionadas.

Por último presentamos los diagramas de radiación para las frecuencias inferior, media y superior de la banda en coordenadas esféricas tridimensionales, donde se puede apreciar de forma cualitativa el buen funcionamiento del diseño en todo el rango de frecuencias.

6.2.4. Análisis del diseño obtenido.

En el apartado anterior se ha realizado un diseño de antena LP optimizado mediante AGs en el que se cumplen prácticamente todas las especificaciones que se le requerían. En este epígrafe vamos a estudiar que parámetros de diseño hacen bueno a este, centrándonos en el perfil de carga y en el criterio de miniaturización de picos excesivamente grandes. Para ello partiendo del diseño

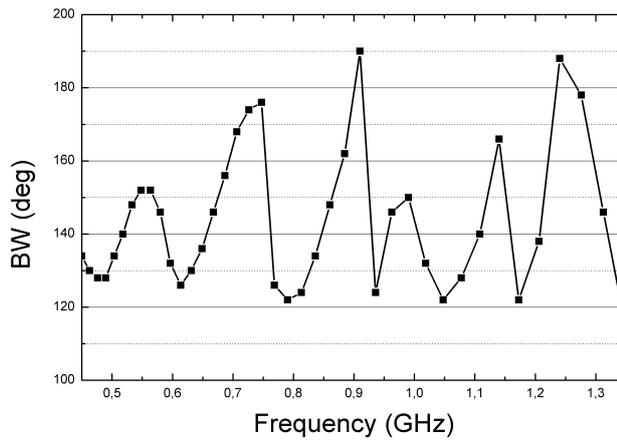


Figura 6.32: Ancho del haz de la ganancia en el plano H [NEC2].

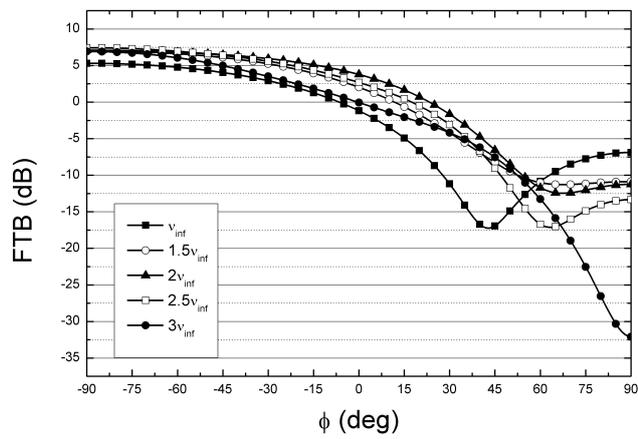
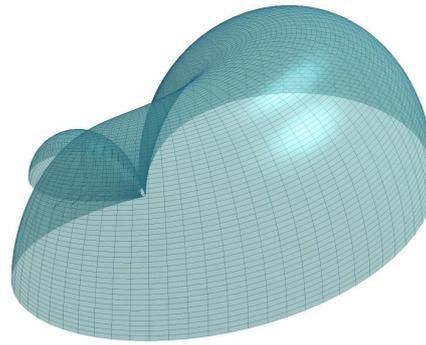
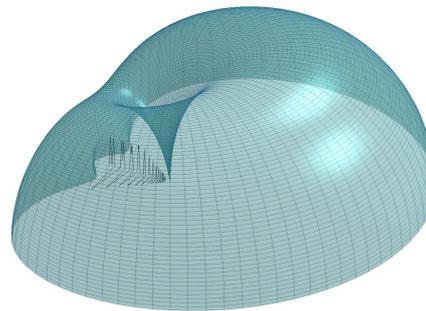


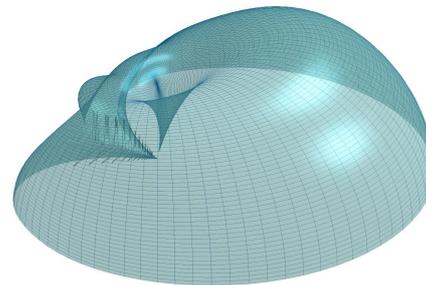
Figura 6.33: Ganancia de la ALPZZP optimizada en el plano H.



(a) 450MHz



(b) 900MHz



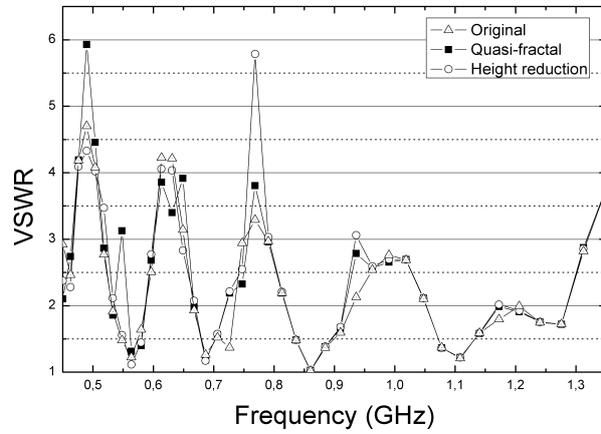
(c) 1350MHz

Figura 6.34: Diagramas de radiación tridimensionales para la frecuencia inferior (a), central (b) y superior de la banda de operación junto con un esquema de la antena optimizada (Sólo se ha representado un hemisferio ya que el otro es simétrico) [NEC2].

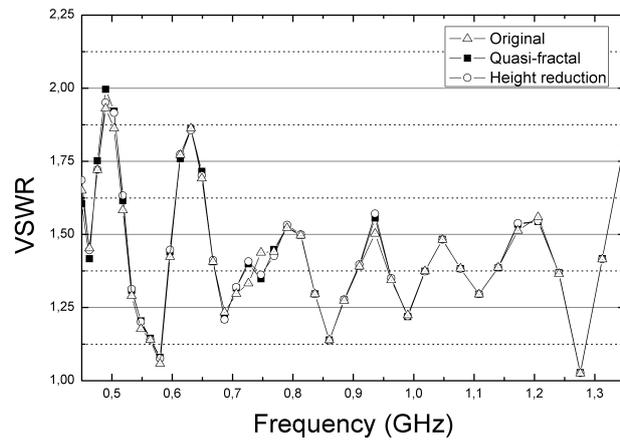
optimizado, compararemos las propiedades de este con los obtenidos con los diseños resultantes al anular el perfil de carga y/o modificar el método de miniaturización. Además, para comparar el efecto de la reducción del tamaño de los dientes excesivamente grandes de la antenna, incluiremos resultados del diseño, caracterizado con los mismos parámetros geométricos que el obtenido mediante AGs, cargado y sin cargar, en el que no se reduce el tamaño de los dientes que sobrepasan las dimensiones máximas permitidas por las exigencias del diseño. Comenzaremos con el estudio del VSWR, pasando luego al resto de magnitudes optimizadas. Por ultimo comprobaremos como el perfil de carga efectivamente aumenta el tamaño eléctrico de la estructura, manifestándose esto en un desplazamiento de la región activa hacia la fuente de alimentación.

En la Figura 6.35 están representadas las VSWR obtenidos mediante simulación en NEC variando tanto el tipo de estrategia de miniaturización como la inclusión o no del perfil resistivo (ver Figs. 6.35(b) y 6.35(a) respectivamente). Podemos decir, observando esta figura que, cuando no se ha incorporado el perfil resistivo a la estructura, el comportamiento de todos los diseños es muy similar, salvo en determinados puntos en la región de baja frecuencia de la banda. Esto es debido a que, en contraposición a la energía con componentes de alta frecuencia que encuentran picos de la antenna con altura adecuada para ser radiada cuando los tres diseños son todavía iguales⁹, las componentes de baja frecuencia, en cambio no son radiadas en su totalidad, por lo que encuentran la región de la antenna en la que ya la estructura de esta difiere de una a otra, teniendo como consecuencia un diferente comportamiento de las antenas en este rango de frecuencia. Sin embargo, una vez añadido el perfil de carga a las estructuras (Fig. 6.35(b)), vemos como el VSWR es prácticamente el mismo, incluso en la región de baja frecuencia de la banda, para los tres diseños contemplados. Esto es debido al aumento del tamaño eléctrico de la antenna provocado por la inclusión del perfil de carga, de forma que la mayor parte de la energía es radiada antes de llegar al final de la estructura, atenuándose por tanto la corriente reflejada con la consecuente disminución del VSWR y, como veremos en este apartado, mejora del FTB. Esto puede verse en la Figura 6.36 donde, por medio de la inclusión del perfil resistivo, se produce una notable reducción de la amplitud de parte imaginaria de la impedancia, lo cual indi-

⁹Dado que los parámetros geométricos son los mismo en todas las antenas que estamos describiendo, si partimos de la región donde se encuentra la alimentación, estas son idénticas hasta que alguno de los picos de esta supera la altura $\lambda_{inf}/4$.



(a) ALPZZP optimizada sin perfil de carga.



(b) ALPZZP optimizada con perfil de carga.

Figura 6.35: SVWR ($Z_0 = 75\Omega$) de los diseños resultantes de modificar el criterio de miniaturización sin perfil de carga (a) y con perfil de carga optimizado por AGs (b).

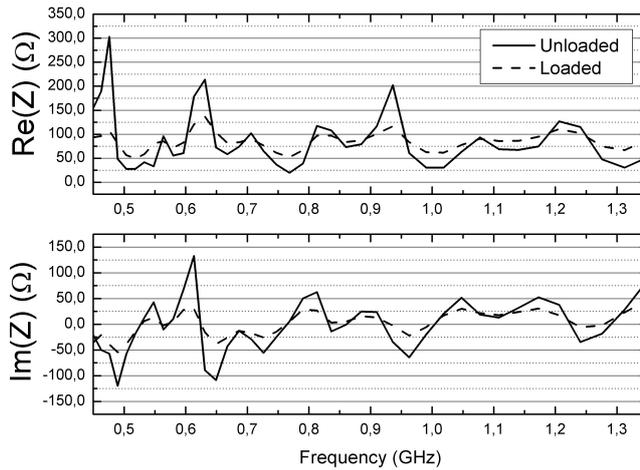
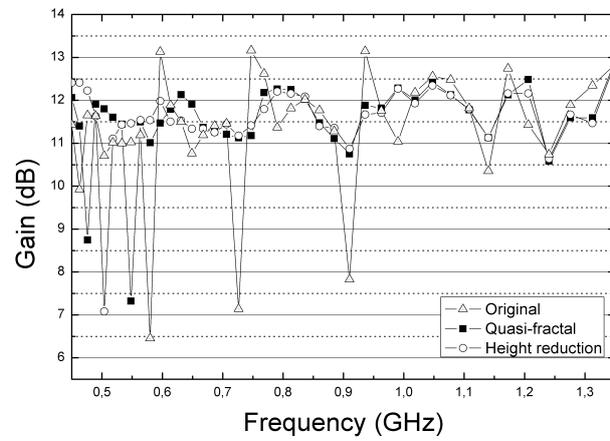


Figura 6.36: Impedancia de entrada de la ALPZZP optimizada [NEC2].

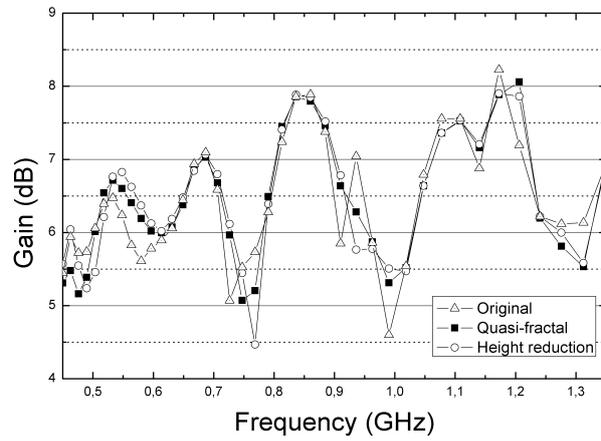
ca una reducción de la corriente reflejada tanto en los vértices de la antena como en el final de la estructura [Lee y Mei, Nov 1970]. Como veremos más adelante esto se manifiesta en un desplazamiento de la región activa hacia la alimentación.

La inclusión de un perfil resistivo reduce, como hemos visto la amplitud de la onda reflejada mejorando la adaptación de la antena con la alimentación. Sin embargo, como es lógico, esto tendrá una contrapartida en una disminución de la ganancia, que en este caso se puede cuantificar de unos $5dB$ (ver Figs. 6.37(a) y 6.37(b)). En este caso, la miniaturización de la estructura previene de variaciones bruscas de la ganancia, siendo además la única que mantiene la ganancia del diseño cargado por encima de $5dB$ en toda la banda.

Uno de los requisitos más difíciles de alcanzar, debido las reducidas dimensiones impuestas a la estructura, son los $-15dB$ de FTB en la región de baja frecuencia de la banda. Como se puede ver en la Figura 6.38, esto ha sido posible a la inclusión del perfil resistivo que, como se ha comentado, por un lado aumenta el tamaño eléctrico de la antena, permitiendo una mayor radiación hacia atrás, y por otro reduce la amplitud de la corriente reflejada, disminuyendo el campo radiado hacia delante, lo que en suma contribuye a disminuir notablemente el FTB. Un aspecto a destacar es la mejora, respecto al FTB, del uso del técnica de miniaturización cuasi-fractal respecto a la simple reducción del tamaño de los picos excesivamente grandes. Esto se debe a que, tanto la



(a) ALPZZP optimizada sin perfil de carga.



(b) ALPZZP optimizada con perfil de carga.

Figura 6.37: Ganancia de los diseños resultantes de modificar el criterio de miniaturización sin perfil de carga (a) y con perfil de carga optimizado por AGs (b).

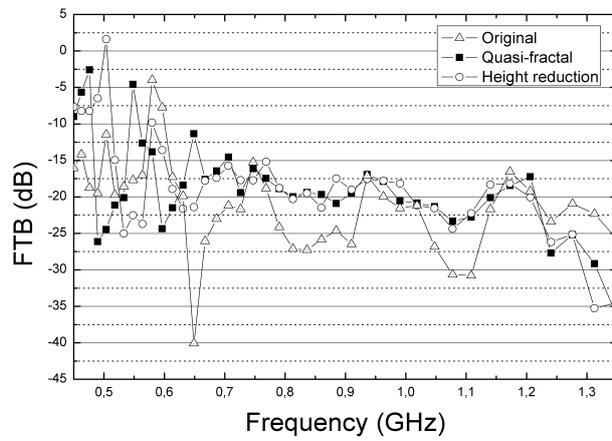
estructura original como en la reducida con la estrategia cuasi-fractal¹⁰ tienen una longitud de hilo total mayor que en el caso en el que la altura de los hilos excesivamente grandes se reducía a $\lambda_i n f / 4$, por lo que las pérdidas óhmicas son mayores, atenuando por tanto en mayor medida la corriente, disminuyendo aún más la componente reflejada de esta.

En cuanto al ancho del haz, podemos comprobar en la Figura 6.39 como la inclusión del perfil resistivo ayuda a disminuir la variación de este con la frecuencia, permitiendo mantenerlo por encima de 120° en casi toda la banda de frecuencias, sobre todo cuando se aplica la técnica cuasi-fractal de miniaturización.

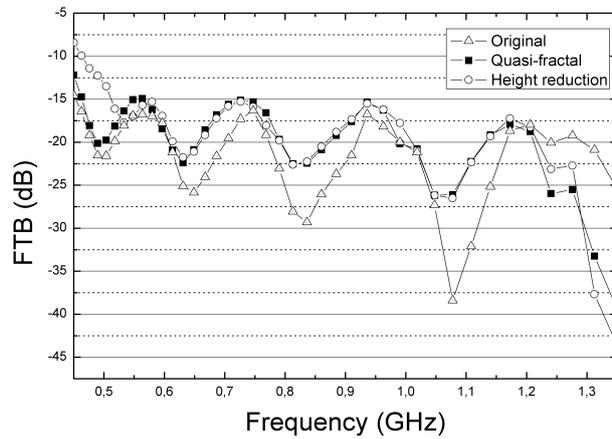
Para concluir este análisis vamos a mostrar, mediante resultados obtenidos con NEC, el efecto que la inclusión del perfil resistivo tiene en la distribución de corrientes y campos sobre la antena optimizada. En las Figuras 6.40(a) y 6.40(b) podemos ver la distribución de corriente existente en la estructura de hilo en función de la frecuencia. En estas figuras se aprecia como la corriente al final de la estructura es mucho menor en la antena con perfil resistivo, indicando que la mayor parte de la energía con estas componentes frecuenciales ya ha sido radiada.

Por último vamos a presentar diagramas del valor absoluto del campo eléctrico sobre la superficie de la antena para mostrar como se modifica la posición de la región activa con la inclusión del perfil resistivo en la estructura de hilos. En las Figuras 6.41 y 6.42 podemos ver estos diagramas para la antena optimizada sin y con el perfil optimizado de carga. Como se puede ver en estas figuras, el campo sobre la estructura al final de esta es menor, para las tres frecuencias mostradas, en la antena cargada que en la que no se ha incluido perfil resistivo, indicando que la región activa se encuentra más cerca de la alimentación en la primera.

¹⁰Si recordamos la longitud de hilo total se conserva usando la técnica de miniaturización cuasi-fractal

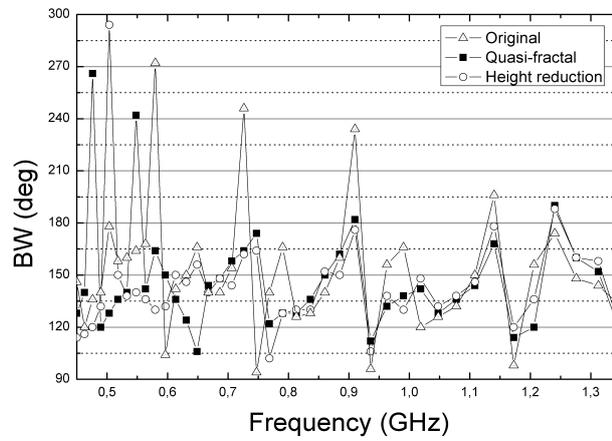


(a) ALPZZP optimizada sin perfil de carga.

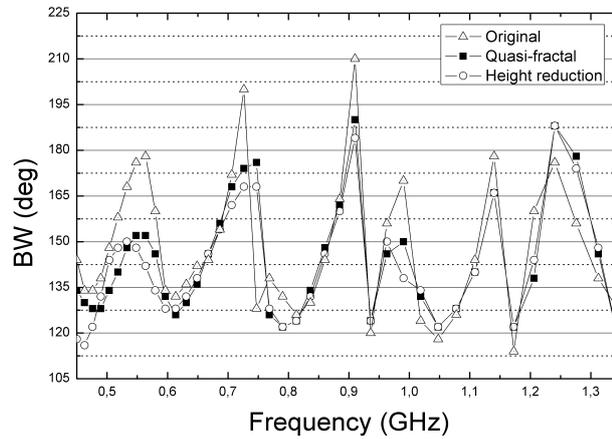


(b) ALPZZP optimizada con perfil de carga.

Figura 6.38: FTB de los diseños resultantes de modificar el criterio de miniaturización sin perfil de carga (a) y con perfil de carga optimizado por AGs (b).

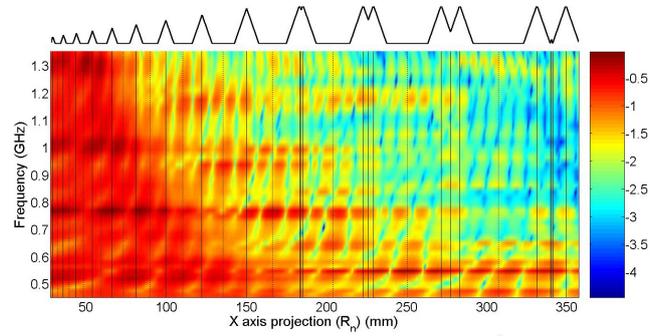


(a) ALPZZP optimizada sin perfil de carga.

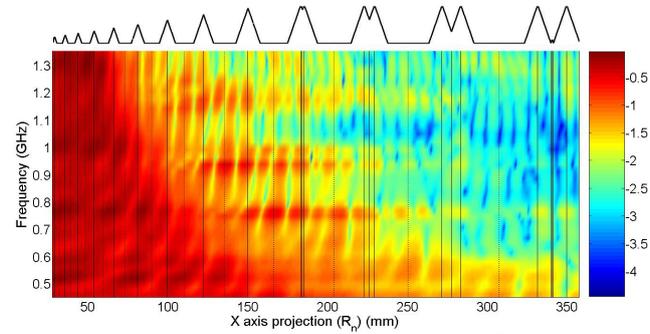


(b) ALPZZP optimizada con perfil de carga.

Figura 6.39: Ancho del haz en el plano H de los diseños resultantes de modificar el criterio de miniaturización sin perfil de carga (a) y con perfil de carga optimizado por AGs (b).

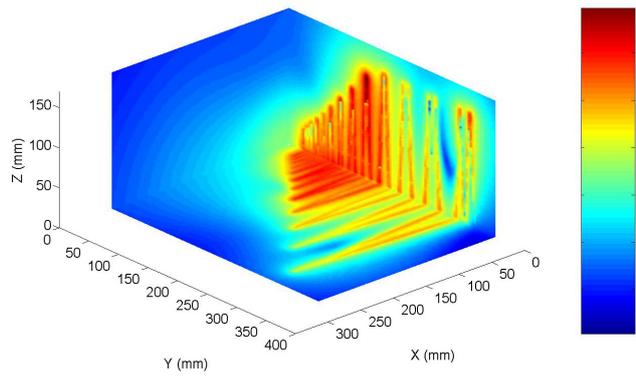


(a) ALPZZP optimizada sin perfil de carga.

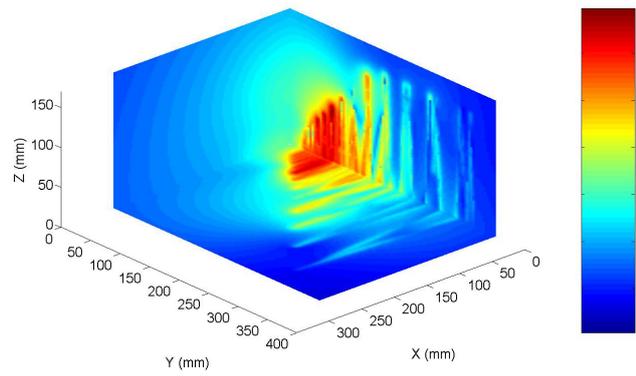


(b) ALPZZP optimizada con perfil de carga.

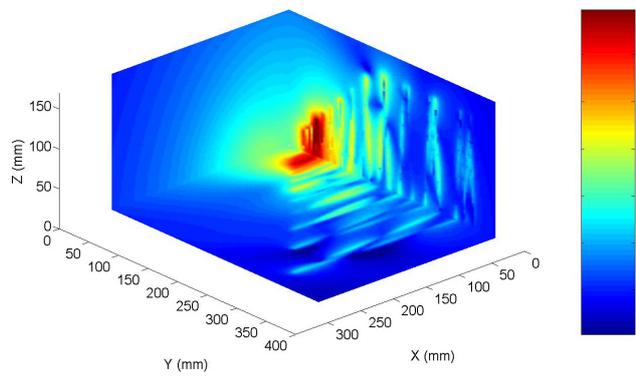
Figura 6.40: Diagrama de corrientes ($\text{Log}_{10}(I/I_{msx})$) en función de la frecuencia. Las líneas continuas marcan la posición de los vértices de los picos en el plano E y las de puntos en el H.



(a) 450MHz

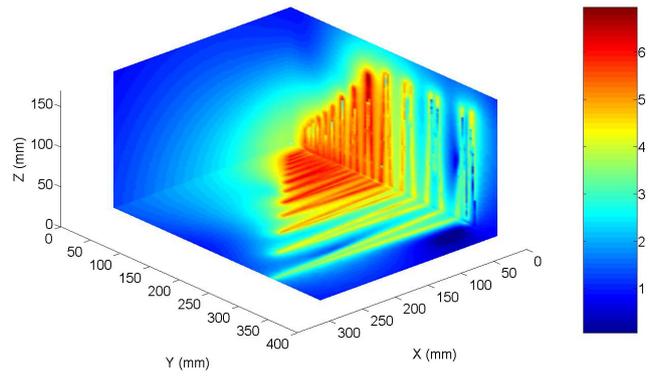


(b) 900MHz

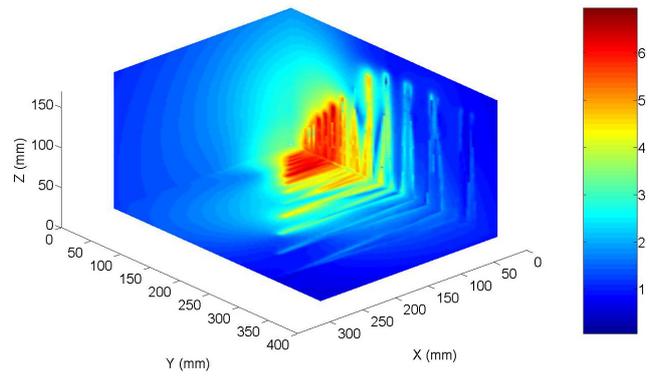


(c) 1350MHz

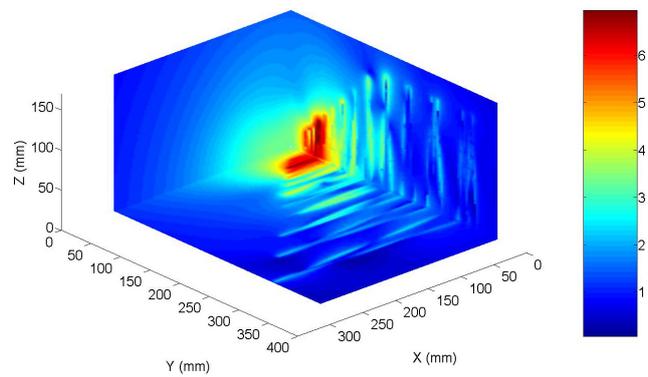
Figura 6.41: Módulo del campo eléctrico sobre la superficie de la antena para las frecuencias inferior, central y superior de la banda.



(a) 450MHz



(b) 900MHz



(c) 1350MHz

Figura 6.42: Módulo del campo eléctrico sobre la superficie de la antena para las frecuencias inferior, central y superior de la banda en ALPZZP con perfil de carga.

6.3. Conclusiones

En este capítulo hemos abordado el estudio del diseño optimizado de antenas modeladas con hilos delgados mediante algoritmos genéticos, tanto en versión monoobjetivo como multiobjetivo. En particular se han optimizado estructuras radiantes basados en geometría *bow-tie* y logoperiódica en zigzag plegada, en los que además de optimizar su geometría, se les ha dotado de un perfil resistivo para aumentar sus propiedades de banda ancha.

Por otro lado, en el caso de la antena *bow-tie* modelada mediante hilos delgados se ha estudiado su comportamiento tanto en el dominio de la frecuencia como en el del tiempo, llegando a las siguientes conclusiones:

1. En frecuencias cercanas a la de cada uno de los dipolos del abanico que forma la estructura *bow-tie*, esto es cuando $L_w \approx \lambda/4$, se producen una serie de resonancias cuyo número depende de la cantidad de hilos que se empleen para modelar la estructura. Además, en estas resonancias la corriente se distribuye en distintas configuraciones donde algunos hilos estarán en fase y otros en oposición de fase. Estas resonancias en las que encontramos hilos cuya corriente opuesta a otros son las que originan la formación de una onda estacionaria.
2. El carácter de magnitudes como la impedancia de entrada o la densidad de potencia tienen carácter convergente a medida que se utiliza un mayor número de hilos para modelar la estructura, de forma que puede establecerse un criterio entre precisión de modelado y velocidad de computación a la hora de realizar diseños con esta estructura mediante AGs, donde el tiempo de evaluación de cada individuo es un factor clave en las aplicaciones de estos optimizadores.

Posteriormente hemos abordado diseños mediante AGs monoobjetivo para optimizar el VSWR en la banda delimitada por las frecuencias $0,2GHZ$ y $1,6GHZ$, donde si bien se consiguieron diseños cuyo ancho de banda en VSWR superaba el 5.5:1, la inclusión del perfil resistivo degradaba de forma prohibitiva la ganancia. Para solventar este problema se ha utilizado un optimizador multiobjetivo basado en AGs donde, de forma simultánea, se ha optimizado, además del ancho de banda en VSWR, tanto el ancho de banda referido a

la ganancia como el valor máximo de esta, obteniendo un conjunto de diseños de antenas *bow-tie* modeladas con hilos cargados de forma resistiva para aplicaciones GPR.

Una vez finalizado el estudio, diseño y análisis de antenas *bow-tie* modeladas con hilos, hemos realizado el diseño de una antena basada en geometría logoperiódica en zigzag plegada en la que, además de unas características específicas de adaptación y de radiación, se requería una miniaturización de esta. Usando la técnica de miniaturización de antenas logoperiódicas en zigzag presentada en Sharma y Shafai [2004] pero sobre todo añadiendo un perfil resistivo a la estructura se han conseguido los objetivos deseados, agrandando el tamaño eléctrico de la antena y como consecuencia de esto situando la región activa de la antena más cerca de la alimentación, reduciendo con esto la corriente reflejada con el consiguiente aumento del ancho de banda en VSWR y FTB.

Conclusions

This Ph.D. Thesis begins in Chapter 2 with a review of the canonical GA and some genetic operators, where some of them were directly used in this work, while others inspired the ones we develop for specific applications of the optimizer.

In Chapter 3 we describe an hybrid algorithm based on the Taguchi method presented by [Tsai y otros, 2004] for global numerical optimization. In this chapter we propose some modifications on this scheme, based on the election of the magnitude to measure the interaction between genes, and in the selection of the the inputs of the matrix of experiments, validating them having promising results. Later on, we perform series of numerical experiments to understand the dynamic of the algorithm, earning experience to face practical optimization problems

In Chapter 4 we present a multi-objective GA based optimizer, so-called NSGAI, widely used in the optimization of electromagnetic devices [Weile y otros, Aug 1996; Moreno de Jong~van Coevorden y otros, 2005, 2007], where as well as detailing its operation, we perform experiments to study the convergence rate to the optimal Pareto front and the diversity of the resultant solutions. In this study we could state that with an appropriate set of parameters, the NSGAI finds the global Pareto front with a set of evenly spaced solutions, turning itself in a excellent candidate for the simultaneous optimization of several objectives in practical optimization problems.

In Chapter 5 we study how the presented optimization algorithms manage with the array synthesis problem. We find out that the ε HTGA, while

in this problem the optimal genes are unlikely random generated but rather the genetic operators explore the space and refine the genes until reaching the ones providing good characteristics, is outperformed by the canonical AG with elitism using the same operators and parameters than the former. On the other hand, we state the efficiency of the mono-objective synthesis method by optimizing an antenna array problem with analytical solution, just as the performance of the proposed fitness function, when we introduce the dynamical weighting of the side lobes. Also we study the dynamic of multiobjective synthesis of antenna array, stating that small populations reach promising regions of the fitness landscape faster than populations with large number of individuals, but they run the risk of getting stuck in suboptimal regions, so it is preferable using large populations to assure a set of non-dominated individuals close to the global ones with evenly spaced distribution despite the computational effort rise due to the increased population. We end this chapter with the design of the multiobjective synthesis of a 4×4 antenna array of low-cost radiating elements, where we found a set of non-dominated solutions, presenting some designs, and discussing their properties.

Ending this dissertation, with Chapter 6, we proceed to the study of the optimization of thin-wire antenna for ultra broadband operation with GAs in mono-objective designs and multiobjective as well. In particular, loaded thin-wire bow-tie like and bent zigzag logperiodic structures have been designed.

Concerning to the thin-wire antennas, we perform a study both in frequency and time domain of the behavior of this radiating structures stating what follows:

1. Near the first resonance of each of the several dipoles which forms the bow-tie like structure, this is, when the length of each wire from feed to tip is $\lambda/4$; we observe the appearance of several resonances in a number depending the quantity of wires used to model the structure. The different resonances are related to the coupling between wires of the structure.
2. The current over the wires in each resonance is distributed in several configurations, all but one showing wires where the current is opposite in phase.

3. We state that the late time ringing of the thin-wire bow-tie like antenna is due to this “anti-symmetric” current distributions.
4. Parameters such as input impedance or power density have a convergent pattern as more wires are used to model the structure, so balance between precision of the model and computational effort can be made in order to perform optimized designs of these antennas by means of GAs, where the evaluation time of each individual is a key issue in the application of this optimization techniques.

Later on, a mono-objective GA has been used to the design of loaded thin-wire antennas, where it's VSWR bandwidth performance have been optimized trough the frequency band between $0,2GHz$ and $1,6GHz$. Despite resulting in a 5.5:1 ultra broad band antenna, the inclusion of the resistive loading profile degrades the gain on broadside direction to unacceptable levels. To overcome this drawback we employ the presented multi-objective GA to simultaneously optimize the broadband performance on SVWR and Gain, as well as he the maximum value of the latter. As result we obtained a set of non-dominated designs of loaded thin-wire bow-tie like antennas for GPR applications.

As a second design, we perform the optimization and analysis of a bent logperiodic zigzag antenna in which as well as matching and specific radiation characteristics, miniaturization of the structure was required. Using the quasi-fractal miniaturization technique proposed in [Sharma y Shafai, 2004] but in a higher degree due to a optimized resistive load all the required properties were accomplished electrically enlarging the antenna, and as a consequence of this the active region was shifted to towards the feeding point, minimizing the reflected energy with the resulting increase of the bandwidth on SVWR and FTB.

Bibliografía

- ACKLEY, D.H.: *A connectionist machine for genetic hillclimbing*. Kluwer Academic Publishers Norwell, MA, USA, 1987.
- ALTMAN, Z.; MITTRA, R. y BOAG, A.: «New designs of ultra wide-band communication antennas using a genetic algorithm». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 1997, **45(10)**, pp. 1494–1501.
- ALTMAN, Z.; MITTRA, R.; PHILO, J. y DEY, S.: «New designs of ultra-broadband antennas using a genetic algorithm». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1996. AP-S. Digest*, volumen 3, pp. 2054–2057, 1996.
- ALTSHULER, E. E. y LINDEN, D. S.: «An electrically small genetic antenna immersed in a dielectric». En: *Antennas and Propagation International Symposium, 2007 IEEE*, pp. 6003–6006, 2007.
- ALTSHULER, E.E.: «Electrically small self-resonant wire antennas optimized using a genetic algorithm». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2002, **50(3)**, pp. 297–300.
- ALTSHULER, E.E. y LINDEN, D.S.: «Design of a loaded monopole having hemispherical coverage using a genetic algorithm». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 1997a, **45(1)**, pp. 1–4.
- : «Wire-antenna designs using genetic algorithms». *Antennas and Propagation Magazine, IEEE*, 1997b, **39(2)**, pp. 33–43.

- ANTONISSE, JIM: «A New Interpretation of Schema Notation that Overturns the Binary Encoding». En: David J. Schaffer (Ed.), *Proceedings of the Third International Conference on Genetic Algorithms (ICGA '89)*, pp. 86–91. Morgan Kaufmann Publishers, Inc., San Mateo, California, 1989.
- ARABAS, J.; MICHALEWICZ, Z. y MULAWKA, J.: «GAVaPS-a genetic algorithm with varying population size». *Evolutionary Computation. IEEE World Congress on Computational Intelligence., Proceedings of the First IEEE Conference on*, 1994, **1**, pp. 73–78.
- ARES, F.; RENGARAJAN, E., S. R. END VILLANUEVA; SKOCHINSKI, E. y E., MORENO: «Application of genetic algorithms and simulated annealing technique in optimising the aperture distributions of antenna array patterns». *Electronic Letters*, 1996, **32(3)**, pp. 148–149.
- ARKADAN, A. A.; SAREEN, T. y SUBRAMANIAM, S.: «Genetic algorithms for nondestructive testing in crack identification». *Magnetics, IEEE Transactions on*, 1994, **30(6)**, pp. 4320–4322.
- B. A. DIKE AND R. E. SMITH : «Application of Genetic Algorithms to Air Combat Maneuvering». En: *Proc. SPIE Vol. 2204*, pp. 84–+, 1993.
- BACK, T.; HOFFMEISTER, F. y SCHWEFEL, H.: «A survey of evolution strategies», 1991.
- BÄCK, THOMAS y SCHWEFEL, HANS-PAUL: «An overview of evolutionary algorithms for parameter optimization». *Evol. Comput.*, 1993, **1(1)**, pp. 1–23. ISSN 1063-6560.
- BAHR, M.; BOAG, A.; MICHELSEN, E. y MITTRA, R.: «Design of ultra-broadband loaded monopoles». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1994. AP-S. Digest*, volumen 2, pp. 1290–1293 vol.2, 1994.
- BAJWA, A.; WILLIAMS, T. y STUCHLY, M.A.: «Design of broadband radar absorbers with genetic algorithm». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 2001. IEEE*, volumen 4, pp. 672–675, 2001.
- BALANIS, C. A.: *Antenna theory, analysis and design*. John Wiley and Sons, 1982.

- BAZARAA, MOKHTAR S.; JARVIS, JOHN J. y SHERALI, HANIF D.: *Linear programming and network flows (2nd ed.)*. John Wiley & Sons, Inc., New York, NY, USA, 1990.
- BETENSKY, E.: «Postmodern lens design». *Opt. Eng*, 1993, **38(2)**, pp. 1750–1756.
- BOAG, A.; MICHELSEN, E. y MITTRA, R.: «Design of electrically loaded wire antennas using genetic algorithms». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, May 1996, **44(5)**, pp. 687–.
- BOSSARD, J.A.; WERNER, D.H.; MAYER, T.S. y DRUPP, R.P.: «A novel design methodology for reconfigurable frequency selective surfaces using genetic algorithms». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2005, **53(4)**, pp. 1390–1400.
- BRAMLETTE, M.F.: «Initialization, Mutation and Selection Methods in Genetic Algorithms for Function Optimization». En: *Proc. of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 100–107. San Diego, CA, 1991.
- BRAMLETTE, M.F. y BOUCHARD, E.E.: *Genetic Algorithms in Parametric Design of Aircraft*. pp. 109–123. Handbook of Evolutionary Computation. van Nostrand Reinhold, New York, 1991.
- BROWN, G. H. y WOODWARD JR., O. M.: «Experimentally determined radiation characteristics of conical and triangular antennas». *RCA. Rev*, 1952, **13**, pp. 425–452.
- BUCKLEY, M.J.: «Linear array synthesis using a hybrid genetic algorithm». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1996. AP-S. Digest*, volumen 1, pp. 584–587 vol.1, 1996.
- CHAKRAVARTY, S.; MITTRA, R. y WILLIAMS, N.R.: «On the application of the microgenetic algorithm to the design of broad-band microwave absorbers comprising frequency-selective surfaces embedded in multilayered dielectric media». *Microwave Theory and Techniques, IEEE Transactions on*, 2001, **49(6)**, pp. 1050–1059.

- CHAMBERS, B. y TENNANT, A.: «Design of wideband Jaumann radar absorbers with optimum oblique incidence performance». *Electronics Letters*, 1994, **30(18)**, pp. 1530–1532.
- : «Optimised design of Jaumann radar absorbing materials using a genetic algorithm». *Radar, Sonar and Navigation, IEE Proceedings -*, 1996, **143(1)**, pp. 23–30.
- CHEN, DINGJUN; LEE, CHUNG-YEOL y PARK, CHEOL HOON: «Hybrid Genetic Algorithm and Simulated Annealing (HGASA) in Global Function Optimization». En: *ICTAI '05: Proceedings of the 17th IEEE International Conference on Tools with Artificial Intelligence*, pp. 126–133. IEEE Computer Society, Washington, DC, USA, 2005.
- CHIU, C.-C. y LIU, P.T.: «Image reconstruction of a perfectly conducting cylinder by the genetic algorithm». En: *Microwaves, Antennas and Propagation, IEE Proceedings -*, volumen 143, pp. 249–253, 1996.
- CHUNG, L.; CHANG, T. y BURNSIDE, W.D.: «An ultrawide-bandwidth tapered resistive TEM horn antenna». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2000, **48(12)**, pp. 1848–1857.
- CORCORAN, ARTHUR L. y SEN, SANDIP: «Using Real-Valued Genetic Algorithms to Evolve Rule Sets for Classification». En: *IEEE Conference on Evolutionary Computation*, pp. 120–124, 1994.
- CUI, S. y WEILE, D.S.: «Robust design of absorbers using genetic algorithms and the finite element-boundary integral method». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 2002. IEEE*, volumen 1, pp. 326–329, 2002.
- D. ISBELL: «Log periodic dipole arrays». *IEEE Journal on Antennas and Propagation*, 1960, **8(3)**, pp. 260–267.
- DARWIN, CHARLES: *The Origin of Species*. Gramercy, 1995 (reeditado).
- DAVIS, L.: *Handbook of Genetic Algorithms*. van Nostrand Reinhold, New York, 1991.
- DAVIS, LAWRENCE: *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 1987.

- : «Adapting operator probabilities in genetic algorithms». En: *Proceedings of the third international conference on Genetic algorithms*, pp. 61–69. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 1989.
- DAWKINS, RICHARD: *The selfish gene*. Oxford, 1976.
- DE JONG, K.A.: *Analysis of the behavior a class of genetic adaptative systems*. Tesis doctoral, Dept. Comput. Commun. Sci., Univ. Michigan, Ann Arbor, 1975.
- : «Are Genetic Algorithms Function Optimizers?» En: *PPSN*, pp. 3–14, 1992a.
- : «Genetic Algorithms are NOT Function Optimizers». En: *FOGA*, pp. 5–17, 1992b.
- DE JONG, K.A. y SPEARS, W.M.: «A Formal Analysis of the Role of Multi-Point Crossover in Genetic Algorithms». *Annals of Mathematics and Artificial Intelligence*, 1992, **5(1)**.
- DE SOUZA P.S y TALUKDAR, S.N.: «Genetic Algorithms in Asynchronous Teams». En: *Proc. of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 392–397. San Diego, CA, 1991.
- DEB, K.: «An Efficient Constraint Handling Method for Genetic Algorithms», 1998.
- : *Multi-Objective Optimization Using Evolutionary Algorithms*. John Wiley & Sons, Inc., New York, NY, USA, 2001.
- DEB, K. y AGRAWAL, R.B.: «Simulated Binary Crossover for Continuous Search Space». *Complex Systems*, 1995, **9**, pp. 115–148.
- DEB, K.; AGRAWAL, S.; PRATAP, A. y MEYARIVAN, T.: «A Fast and Elitist multi-objective Genetic Algorithm: NSGA-II». *IEEE Transactions on Evolutionary Computation (IEEE-TEC)*, 2002, **6(2)**, pp. 182–197.
- DEB, K. y GOYAL, M.: «A Combined Genetic Adaptive Search GeneAS for Engineering Design», 1996.

- DEB, KALYANMOY: «Multi-objective Genetic Algorithms: Problem Difficulties and Construction of Test Problems». *Evolutionary Computation*, 1999, **7(3)**, pp. 205–230.
- D.G. BERRY AND F. ORE: «Log periodic monopole array». volumen 9, pp. 76–85, 1961.
- DIXON, L. C. W.: *Global Optima Without Convexity, in Design and Implementation of Optimization Software*. Sijnoof Noordhof, The Netherlands: Aalphen aan den Rijn, 1978.
- EISENHAMMER, T.; LAZAROV, M.; LEUTBECHER, M.; SCHOFFEL, U. y SIZMANN, R.: «Optimization of interference filters with genetic algorithms applied to silver-based heat mirrors». *Appl. Opt.*, 1993, **32(31)**, p. 6310.
- ELLIOTT, R.S.: *Antenna Design*. Addison-Wesley, 1986.
- ENOKIZONO, M. y AKINARI, Y.: «Estimation of current distribution by a hybrid of genetic algorithm and sampled pattern matching method». *Magetics, IEEE Transactions on*, 1995, **31(3)**, pp. 2012–2015.
- ESHELMAN, LARRY J.; MATHIAS, KEITH E. y SCHAFFER, J. DAVID: «Crossover Operator Biases: Exploiting the Population Distribution». En: Thomas Bäck (Ed.), *Proceedings of the Seventh International Conference on Genetic Algorithms (ICGA97)*, pp. 354–357. Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 1997.
- ESHELMAN, LARRY J. y SCHAFFER, J. DAVID: «Real-Coded Genetic Algorithms and Interval Schemata». En: L. Darrell Whitley (Ed.), *Foundations of Genetic Algorithms 2*, Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, CA, 1993.
- FAIRCLOTH, D.L.; BAGINSKI, M.E.; RAO, S.M.; WENTWORTH, S.M. y DESHPANDE, M.D.: «A novel procedure for design and synthesis of waveguide filters using the genetic algorithm». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium 2006, IEEE*, pp. 2075–2078, 2006.
- FLETCHER, R.: *Practical methods of optimization; (2nd ed.)*. Wiley-Interscience, New York, NY, USA, 1987.

- FOGARTY, TERENCE C.: «Varying the probability of mutation in the genetic algorithm». En: *Proceedings of the third international conference on Genetic algorithms*, pp. 104–109. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 1989.
- FOGEL, DAVID B. y ATMAR, J. W.: «Comparing Genetic Operators with Gaussian Mutations in Simulated Evolutionary Processes Using Linear Systems». *Biological Cybernetics*, 1990, **63(2)**, pp. 111–114.
- FOGEL, DAVID B. y STAYTON, L.: «On the effectiveness of crossover in simulated evolutionary optimization». *BioSystems*, 1994, **32(3)**, pp. 171–182.
- FOGEL, D.B.; FOGEL, L.J. y ATMAR, J.W.: «Meta-Evolutionary Programming». En: *Asilomar Conf. Signals, Systems and Computers*, pp. 540–545. Maple Press, Pacific Grove, Calif., 1991.
- FOGEL, LAWRENCE J.; y FOGEL, DAVID B.: «A Preliminary Investigation on Extending Evolutionary Programming to Include Self-Adaptation on Finite State». *Informatica (Slovenia)*, 1994, **18(4)**.
- FONSECA;C.M. y FLEMING;P.J.: «Genetic Algorithms for Multiobjective Optimization: Formulation, Discussion and Generalization». En: *Genetic Algorithms: Proceedings of the Fifth International Conference*, pp. 416–423. Morgan Kaufmann, 1993.
- FORREST, S.: «Genetic Algorithms: Principles of Natural Selection Applied to Computation». *Science*, 1993, **261**, pp. 872–878.
- FOX, B.R. y MCMAHON, M.B.: *Genetic Algorithms for Sequencing Problems*. pp. 332–349. Foundations of Genetic Algorithms 1. Morgan Kaufman, SAN Mateo, 1991.
- GEN, MITSUO y CHENG, RUNWEI: *Genetic Algorithms and Engineering Design*. John Wiley and Sons, Inc., New York, 1997.
- GÓMEZ MARTÍN, RAFAEL: *Advanced electromagnetics*. WIT press, to appear.
- GOLDBERG, D. E.: *Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning*. Reading, MA: Addison-Wesley, 1989.

- GOLDBERG, D. E. y DEB, K.: «A comparative analysis of selection schemes used in genetic algorithms». *Foundation of Genetic Algorithms*, 1991, **1**, pp. 69–93.
- GOLDBERG, D. E.; MACREADY, W. G.; DEB, K. y CLARK, J. H.: «Genetic algorithms, noise, and the sizing of populations». *Complex Systems*, 1992, **6(4)**, pp. 333–362.
- GOLDBERG, DAVID: «Real-coded Genetic Algorithms, Virtual Alphabets, and Blocking». *Complex Systems*, 1990, **(5)**, pp. 139–167.
- GOLDBERG, DAVID E.: *Computer-aided gas pipeline operation using genetic algorithms and rule learning*. PhD dissertation, University of Michigan, 1983.
- GONZÁLEZ GARCÍA, S.; PANTOJA, M. F.; BRETONES, A. R. y MARTÍN, R. G.: «Design of low-cost microstrip antenna arrays with parasitic elements to operate in the 3.4-3.6 GHz band.» *Microwave and Optical Technology Letters*, 2002, **32(3)**, pp. 188–192.
- GREFENSTETTE, J: «Optimization of control parameters for genetic algorithms». *IEEE Trans. Syst. Man Cybern.*, 1986, **16(1)**, pp. 122–128. ISSN 0018-9472.
- GREISER, J.W. y MAYES, P.E.: «The bent backfire zigzag - a vertically polarized frequency-independent antenna». *IEEE Journal on Antennas and Propagation*, 1964, **AP-11**, pp. 281–299.
- HAUPT, R. L.: «Thinned arrays using genetic algorithms». *IEEE Journal on Antennas and Propagation*, 1994, **42(7)**, pp. 993–999.
- : «Comparison between genetic and gradient-based optimization algorithms for solving electromagnetics problems». *Magnetics, IEEE Transactions on*, 1995a, **31(3)**, pp. 1932–1935.
- : «An introduction to genetic algorithms for electromagnetics». *Antennas and Propagation Magazine, IEEE*, 1995b, **37(2)**, pp. 7–15.
- : «Optimization of subarray amplitude tapers». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1995. AP-S. Digest*, volumen 4, pp. 1830–1833, 1995c.

- : «Optimization of subarray amplitude tapers». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1995. AP-S. Digest*, volumen 4, pp. 1830–1833, 1995d.
- : «Optimum quantised low sidelobe phase tapers for arrays». *Electronics Letters*, 1995e, **31(14)**, pp. 1117–1118.
- HAUPT, R. L. y ALI, A. S.: «Optimized backscattering sidelobes from an array of strips using a genetic algorithm». En: *Proc. Appl. Computat. Electromagn. Conf. Monterrey, CA*, pp. 266–270, 1994.
- HAUPT, R. L. y HAUPT, S. E.: *Practical genetic algorithms*. John Wiley & Sons, Inc., New York, NY, USA, 1998.
- HAUPT, R. L.; MENOZZI, J. J. y MCCORMACK, C. J.: «Thinned arrays using genetic algorithms». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1993. AP-S. Digest*, volumen 2, pp. 712–715, 1993.
- HAUPT, R. L. y WERNER, D. H.: *Genetic Algorithms in Electromagnetics*. Wiley-IEEE Press, 2007.
- HERRERA, F.; HERRERA-VIEDMA, E.; LOZANO, M. y VERDEGAY, J. L.: «Fuzzy Tools to Improve Genetic Algorithms». En: *Proc. Second European Congress on Intelligent Techniques and Soft Computing*, pp. 1532–1539, 1994.
- HERRERA, F.; LOZANO, M. y SÁNCHEZ, A. M.: «A taxonomy for the crossover operator for real-coded genetic algorithms: An experimental study». *International Journal of Intelligent Systems*, 2003, **18**, pp. 309–338.
- HERRERA, F.; LOZANO, M. y VERDEGAY, J.: «Dynamic and heuristic fuzzy connectives-based crossover operators for controlling the diversity and convergence of real-coded genetic algorithms», 1996.
- HERRERA, FRANCISCO; LOZANO, MANUEL y VERDEGAY, JOSÉ L.: «Tuning fuzzy logic controllers by genetic algorithms». *Int. J. Approx. Reasoning*, 1995, **12(3-4)**, pp. 299–315.
- HESSER, J. y MÄNNER, R.: «Investigation of the M-Heuristic for Optimal Mutation Probabilities». En: Reinhard Männer y Bernard Manderick (Eds.),

Parallel problem solving from nature 2, pp. 115–124. North-Holland, Amsterdam, 1992.

HESSER, JÜRGEN y MÄNNER, REINHARD: «Towards an Optimal Mutation Probability for Genetic Algorithms». En: *PPSN I: Proceedings of the 1st Workshop on Parallel Problem Solving from Nature*, pp. 23–32. Springer-Verlag, London, UK, 1991.

H.J. BREMERMAN, M. ROGSON y SALAFF, S.: *Natural Automata and Useful Simulations*. capítulo Global properties of evolution processes, pp. 3–41. Spartan Books, Washington, DC USA, 1966.

HOLLAND, J. H.: *Adaption in Natural and Artificial Systems*. Tesis doctoral, Ann Arbor, 1975.

—: «Genetic Algorithms». *Scientific American*, 1992, **1(267)**, pp. 66–72.

HONG, Y. y DONG, Z.: «Genetic algorithms with applications in wireless communications». *Intern. J. Syst. Sci.*, 2004, **35(13-14)**, pp. 751–762. ISSN 0020-7721.

HORN, J.; NAFPLIOTIS, N. y GOLDBERG, D.E.: «A Niche Pareto Genetic Algorithm for Multiobjective Optimization». En: *Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation, IEEE World Congress on Computational Intelligence*, volumen 1, pp. 82–87. IEEE Service Center, Piscataway, New Jersey, 1994.

HORN, JEFFREY y GOLDBERG, DAVID E.: «Genetic Algorithm Difficulty and the Modality of Fitness Landscapes». En: L. Darrell Whitley y Michael D. Vose (Eds.), *Foundations of Genetic Algorithms 3*, pp. 243–269. Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 1995.

HSU, W. H. y WONG, K. L.: «Broadband aperture-coupled shorted-patch antenna». *Microwave and Optical Technology Letters*, 2001, **38(5)**, pp. 306–307.

ICHIKAWA, Y. y ISHII, Y.: «Retaining Diversity of Genetic Algorithms for Multivariable Optimization and Neural Network Learning». En: *Proc. of IEEE Int. Conference on Neural Networks.*, pp. 1110–1114. San Francisco, California., 1993.

- ILAVARASAN, P.; ROTHWELL, E. J.; BEBERMEYER, R.; CHEN, K. M. y NYQUIST, D. P.: «Natural resonance extraction from: multiple data sets using a genetic algorithm». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1994. AP-S. Digest*, volumen 1, pp. 576–579, 1994.
- ILAVARASAN, P.; ROTHWELL, E. J.; CHEN, K. M. y NYQUIST, D. P.: «Natural resonance extraction from multiple data sets using a genetic algorithm». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, Aug 1995, **43(8)**, pp. 900–904.
- J.-T. TSAI, T.-K LIU AND J.-H. CHOU: «Optimal design of digital IIR filters by using hybrid taguchi genetic algorithm». *IEEE Transactions on Industrial Electronics*, 2006, **53(3)**, pp. 867–879.
- JOHNSON, J.M. y RAHMAT-SAMII, Y.: «Genetic algorithm optimization and its application to antenna design». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1994. AP-S. Digest*, volumen 1, pp. 326–329, 1994.
- JOHNSON, J.M. y RAHMAT-SAMII, Y.: «Genetic algorithm optimization of wireless communication networks». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1995. AP-S. Digest*, volumen 4, pp. 1964–1967, 1995.
- JOHNSON, RICHARD C. y JASIC, HENRY: *Antenna engineering handbook*. McGraw Hill, second^a edición, 1984.
- JONES, W.T., E.A.; JOINES: «Design of Yagi-Uda antennas using genetic algorithms». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 1997, **45(9)**, pp. 1386–1392.
- JULSTROM, BRYANT A.: «What Have You Done for Me Lately? Adapting Operator Probabilities in a Steady-State Genetic Algorithm». En: *Proceedings of the 6th International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 81–87. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 1995.
- KERN, D. J.; WERNER, D. H.; MONORCHIO, A.; LANUZZA, L. y WILHELM, M. J.: «The design synthesis of multiband artificial magnetic conductors using high impedance frequency selective surfaces». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2005, **53(1)**, pp. 8–17.

- KERN, D. J.; WERNER, D. H.; WILHELM, M. J. y CHURCH, K. H.: «Genetically engineered multiband high-impedance frequency selective surfaces». *Microwave and Optical Technology Letters*, 2003, **38(5)**, pp. 400–403.
- KIM, JUNO; LEE, HONG-BAE; JUNG, HYUN KYO; HAHN, SONG-YOP; CHEON, CHANGYUL y KIM, HYEONGSEOK: «Optimal design technique for waveguide device». *Magnetics, IEEE Transactions on*, 1996, **32(3)**, pp. 1250–1253.
- KITA, HAJIME: «A Comparison Study of Self-Adaptation in Evolution Strategies and Real-Coded Genetic Algorithms.» *Evolutionary Computation*, 2001, **9(2)**, pp. 223–241.
- KNOWLES, JOSHUA y CORNE, DAVID: «The Pareto Archived Evolution Strategy: A New Baseline Algorithm for Pareto Multiobjective Optimisation». En: Peter J. Angeline; Zbyszek Michalewicz; Marc Schoenauer; Xin Yao y Ali Zalzala (Eds.), *Proceedings of the Congress of Evolutionary Computation*, volumen 1, pp. 98–105. IEEE Press, Mayflower Hotel, Washington D.C., USA, 1999.
- KOZA, JOHN R.: *Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection (Complex Adaptive Systems)*. The MIT Press, 1992.
- KRISHNAKUMAR, K. S.: «Micro Genetic Algorithms for Stationary and Nonstationary Function Optimization». En: *Proceedings of the SPIE Intelligent Control and Adaptive Systems Conference*, , 1989.
- L. J. ESHELMAN ET AL.: «The CHC adaptative search algorithm: how to safe search when engaging non traditional genetic recombination». En: *Proceedings of the Foundations of Genetic Algorithms Conference*, , 1991.
- LAWRENCE DAVIS (Ed.): *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*. capítulo Improving Search in Genetic Algorithms. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 1987.
- LEAT, C. J.; SHULEY, N. V. y STICKLEY, G. F.: «Triangular-patch model of bowtie antennas: validation against Brown and Woodward». *Microwaves, Antennas and Propagation, IEE Proceedings* -, 1998, **145(6)**, pp. 465–470.

- LEE, S. y MEI, K.: «Analysis of zigzag antennas». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on [legacy, pre - 1988]*, Nov 1970, **18(6)**, pp. 760–764.
- LEE, W. W.; CHEN, S. Y.; LIN, T. C.; CHOU, H. T. y HSU, H. T.: «Integration of HFSS and genetic algorithm for the optimum design of waveguide components». En: *Antennas and Propagation International Symposium, 2007 IEEE*, pp. 2225–2228, 2007.
- LESTARI, A. A.; YAROVY, A. G. y LIGTHART, L. P.: «Numerical and experimental analysis of circular-end wire bow-tie antennas over a lossy ground». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2004, **52(1)**, pp. 26–35.
- : «Adaptive wire bow-tie antenna for GPR applications». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2005, **53(5)**, pp. 1745–1754.
- LESTARI, A. A.; YULIAN, D.; LIARTO; SUKSMONO, A. B.; BHARATA, E.; YAROVY, A. G. y LIGTHART, L. P.: «Improved Bow-Tie Antenna for Pulse Radiation and Its Implementation in a GPR Survey». *Advanced Ground Penetrating Radar, 2007 4th International Workshop on*, 2007, pp. 197–202.
- LEUNG, YIU-WING y WANG, YUPING: «An orthogonal genetic algorithm with quantization for global numerical optimization». *IEEE Trans. Evolutionary Computation*, 2001, **5(1)**, pp. 41–53.
- LI, L. y WERNER, D. H.: «Design of all-dielectric frequency selective surfaces using genetic algorithms combined with the finite element-boundary integral method». *Antennas and Propagation Society International Symposium, 2005 IEEE*, 2005, **4A**, pp. 376–379.
- LIN, G. y YAO, X.: «Analysing crossover operators by search step size». En: *G. Lin and X. Yao, Analysing crossover operators by search step size, in Proc. of the 1997 IEEE Int'l Conf. on Evolutionary Computation (ICEC'97), Indianapolis, USA, pp. 107–110, IEEE Press, New York, NY, April 1997.*, 1997.
- LU, N.; JIN, J.; MICHELSEN, E. y MAGIN, R. L.: «Optimization of RF coil design using genetic algorithm and simulated annealing method». En: *Proc. 3rd Meet. Soc. Magn. Resonance Nice, France*, , 1995.

- LU, Y. y LAN, K. K.: «Genetic algorithms based pattern synthesis approach for arbitrary array designs». En: *Proc. 12th Ann. Rev. Progress Appl. Computat. Electromagn. Monterey, CA*, pp. 734–741, 1996.
- LUCASIU, CARLOS B. y KATEMAN, GERRIT: «Application of Genetic Algorithms in Chemometrics». En: *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 170–176. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 1989.
- LUCCI, L.; NESTI, R.; PELOSI, G. y SELLERI, S.: «Optimization of profiled corrugated circular horns with parallel genetic algorithms». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 2002. IEEE*, volumen 2, pp. 338–341, 2002.
- MANARA, G.; MONORCHIO, A. y MITTRA, R.: «Frequency selective surface design based on genetic algorithm». *Electronics Letters*, 1999, **35(17)**, pp. 1400–1401.
- MARCANO, D.; DURAN, F. y CHANG, O.: «Synthesis of multiple beam linear antenna arrays using genetic algorithms». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1995. AP-S. Digest*, volumen 2, pp. 938–941 vol.2, 1995.
- MARCANO, D. y NIETO, A.: «Genetic algorithms for the synthesis of planar arrays». En: *Proc. USNC/URSI Radio Sci. Meet. Baltimore, MD*, p. 11, 1996.
- MARDLE, S. J.; PASCOE, S. y TAMIZ, M.: «An investigation of genetic algorithms for the optimization of multi-objective fisheries bioeconomic models». *International Transactions in Operational Research*, 2000, **7(1)**, pp. 33–49.
- MARTIN, S.; RIVORY, J. y SCHOENAUER, M.: «Synthesis of optical multilayer systems using genetic algorithms». *Appl. Opt.*, 1995, **34(13)**, p. 2247.
- MCINTYRE, RYAN A.: «Bach in a Box: The Evolution of Four Part Baroque Harmony Using the Genetic Algorithm». En: *International Conference on Evolutionary Computation*, pp. 852–857, 1994.
- MCNAY, D.; MICHIELSEN, E.; ROGERS, R. L.; TAYLOR, S. A.; AKHTARI, M. y SUTHERLING, W. W.: «Multiple source localization using genetic algorithms». *Journal of Neuroscience Methods*, 1996, **64(2)**, pp. 163–172.

- MENDEL, GREGOR: *Experiments in plant hybridization*. Harvard University Press, 1950.
- MENG, Z.Q. y MISAKA, H.: «Speeding convergence of genetic algorithms for inverse scattering problems». En: *Microwave and Millimeter Wave Technology, 2002. Proceedings. ICMMT 2002. 2002 3rd International Conference on*, pp. 414–417, 2002.
- MICHALEWICZ, Z.: *Genetic algorithms + data structures = evolution programs (3rd ed.)*. Springer-Verlag, London, UK, 1996.
- MICHALEWICZ, Z.; NAZHIYATH, G. y MICHALEWICZ, M.: «A Note on Usefulness of Geometrical Crossover for Numerical Optimization Problems». En: *Evolutionary Programming*, pp. 305–312, 1996.
- MICHELSEN, E.; CHEW, W.C. y WEILE, D.S.: «Genetic algorithm optimized perfectly matched layers for finite difference frequency domain applications». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1996. AP-S. Digest*, volumen 3, pp. 2106–2109, 1996.
- MICHELSEN, E.; RANJITHAN, S. y MITRA, R.: «Optimal MultiLayer Filter Design Using Real Coded Genetic Algorithms». *IEE Proceedings-J Optoelectronics*, 1992, **139(6)**, pp. 413–420.
- MICHELSEN, E.; SAJER, J. M.; RANJITHAN, S. y MITTRA, R.: «Design of lightweight, broad-band microwave absorbers using genetic algorithms». *Microwave Theory and Techniques, IEEE Transactions on*, 1993a, **41(6)**, pp. 1024–1031.
- MICHELSEN, E.; SAJER, J.M. y MITTRA, R.: «Design of multilayered FSS and waveguide filters using genetic algorithms». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1993. AP-S. Digest*, volumen 3, pp. 1936–1939, 1993b.
- MITILINEOS, S. A.; THOMOPOULOS, S. C. A. y CAPSALIS, C.Ñ.: «On Array Failure Mitigation With Respect to Probability of Failure, Using Constant Excitation Coefficients and a Genetic Algorithm». *Antennas and Wireless Propagation Letters, IEEE*, 2006, **5(1)**, pp. 187–190.

- MONORCHIO, A.; MANARA, G. y LANUZZA, L.: «Synthesis of artificial magnetic conductors by using multilayered frequency selective surfaces». *Antennas and Wireless Propagation Letters, IEEE*, 2002, **1**, pp. 196–199.
- MONTANA, D. J. y DAVIS, L.: «Training Feedforward Neural Networks Using Genetic Algorithms». En: *Proc. of the 11th IJCAI*, pp. 762–767. Detroit, MI, 1989.
- MORENO DE JONG VAN COEVORDEN, C.; BRETONES, A. R.; PANTOJA, M. F.; RUIZ, F. J. G.; GARCIA, S. G.; MONORCHIO, A. y MARTIN, R. G.: «Thin-wire antenna design for GPR applications using a multi-objective GA». *Near Surface Geophysics*, 2007, **5(1)**, pp. 23–28.
- MORENO DE JONG VAN COEVORDEN, C.; BRETONES, A.R.; PANTOJA, M.F.; RUIZ, F.J.G.; GARCIA, S.G. y MARTIN, R.G.: «GA design of a thin-wire bow-tie antenna for GPR applications». *Geoscience and Remote Sensing, IEEE Transactions on*, 2006, **44(4)**, pp. 1004–1010.
- MORENO DE JONG VAN COEVORDEN, C.; GARCÍA, S.G.; PANTOJA, M. F.; BRETONES, A. R y MARTÍN, R. G.: «Microstrip-patch array design using a multiobjective GA». *IEEE Antenna Wireless and Propagation Letters*, 2005, **4**, pp. 100–103.
- MOSALLAEI, H. y RAHMAT-SAMII, Y.: «Nonuniform Luneburg and two-shell lens antennas: radiation characteristics and design optimization». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2001, **49(1)**, pp. 60–69.
- MÜHLENBEIN, H. y SCHLIERKAMP-VOOSEN, D.: «Predictive models for the breeder genetic algorithm I: Continuous parameter optimization». *Evolutionary Computation*, 1993, **(1)**, pp. 25–49.
- MÜHLENBEIN, H.; SCHOMISCH, M. y BORN, J.: «The Parallel Genetic Algorithm as Function Optimizer». En: *Proc. of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 271–278. San Diego, CA, 1991.
- MÜHLENBEIN, HEINZ: «How Genetic Algorithms Really Work: Mutation and Hillclimbing». En: *PPSN*, pp. 15–26, 1992.
- MUTOH, A.; NAKAMURA, T.; KATO, S. y ITOH, H.: *A Proposal of an Efficient Crossover Using Fitness Prediction and Its Application*. volumen

2903/2003 de *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 112–124. Springer Berlin / Heidelberg, 2003.

NAUDTS, B. y VERSCHOREN, A.: «Epistasis and Deceptivity», 1999.

NISHIOKA, Y.; MAESHIMA, O.; UNO, T. y ADACHI, S.: «FDTD analysis of resistor-loaded bow-tie antennas covered with ferrite-coated conducting cavity for subsurface radar». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 1999, **47(6)**, pp. 970–977.

O'NEILL, D.J.: «Element placement in thinned arrays using genetic algorithms». En: *OCEANS '94. 'Oceans Engineering for Today's Technology and Tomorrow's Preservation.'* *Proceedings*, volumen 2, pp. II/301–II/306 vol.2, 1994.

PANTOJA, M. F.: *Programa DOTIG5 para el análisis, en el dominio del tiempo, de estructuras conductoras formadas por superficies continuas e hilos*. Tesis doctoral, Universidad de Granada, 2000.

PANTOJA, M. F.; MONORCHIO, A.; BRETONES, A. R. y MARTÍN, R. G.: «Direct GA-based optimization of resistively loaded wire antennas in the time domain». *Electronic Letters*, 2000, **36(24)**, pp. 1988–1990.

PANTOJA, M. F.; RUIZ, F. G.; BRETONES, A. R.; GARCIA, S. G.; MARTIN, R. G.; ARBESU, J. M. G.; ROMEU, J.; RIUS, J. M.; WERNER, P. L. y WERNER, D. H.: «GA design of small thin-wire antennas: comparison with Sierpinsky-type prefractal antennas». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2006, **54(6)**, pp. 1879–1882.

PANTOJA, M. F.; RUIZ, F. G.; BRETONES, A. R.; MARTIN, R. G.; GARCIA, S. G.; GONZALEZ-ARBESU, J. M.; ROMEU, J.; RIUS, J. M.; WERNER, D. H. y WERNER, P. L.: «GA design of small wire antennas». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 2004. IEEE*, volumen 4, pp. 4412–4415, 2004.

PANTOJA, M. F.; RUIZ, F.G.; BRETONES, A. R.; ; GARCÍA, S. G.; MARTÍN, R. G.; ARBESU, J. M. G.; ROMEU, J. y RIUS, J. M.: «GA design of wire pre-fractal antennas and comparison with other Euclidean geometries». *Antennas and Wireless Propagation Letters, IEEE*, 2003, **2**, pp. 238–241.

- QING, A.; LEE, C. K. y JEN, L.: «Electromagnetic inverse scattering of multiple perfectly conducting cylinders by the real-coded genetic algorithm». En: *Computational Electromagnetics and Its Applications, 1999. Proceedings. (ICCEA '99) 1999 International Conference on*, pp. 442–445, 1999.
- QING, Q.: «Dynamic differential evolution strategy and applications in electromagnetic inverse scattering problems». *Geoscience and Remote Sensing, IEEE Transactions on*, 2006, **44(1)**, pp. 116–125.
- RADCLIFFE, N. J.: *Handbook on Evolutionary Computation*. capítulo Theoretical Foundations and Properties of Evolutionary Computations: Introduction. IOP Publishing Ltd and Oxford University Press, 1997.
- RADCLIFFE, NICHOLAS J.: «Non-Linear Genetic Representations». En: Reinhard Männer y Bernard Manderick (Eds.), *Parallel problem solving from nature 2*, pp. 259–268. North-Holland, Amsterdam, 1992.
- RECHENBERG, I.: *Evolutionstrategie: Optimierung technischer Systeme nach Prinzipien der biologischen Evolution*. Frommann-Holzboog, Stuttgart, 1973.
- REED, J.; TOOMBS, R. y BARRICELLI, N. A.: «Simulation of Biological Evolution and Machine Learning: I. Selection of Self-reproducing Numeric Patterns by Data Processing Machines, Effects of Hereditary Control, Mutation Type and Crossing». *Journal of Theoretical Biology*, 1967, **17**, pp. 319–342.
- RENDERS, J.M. y BERSINI, H.: «Hybridizing genetic algorithms with hill-climbing methods for global optimization: two possible ways». En: *Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary Computation*, pp. 312–317, 1994.
- R.H. DUHAMEL AND D.E. ISBELL: «Broadband logarithmically periodic antenna structures». volumen 5, pp. 119–128, 1957.
- R.H. DUHAMEL AND F. ORE: «Logarithmically periodic antenna designs». volumen 6, pp. 139–151, 1958.
- RODRIGUEZ, J. A. y ARES, F.: «Synthesis of shaped beam antenna patterns with null-filling in the sidelobe region». *Electronic Letters*, 1997, **33(24)**, pp. 2004–2005.

- RODRIGUEZ, J. A.; ARES, F.; MORENO, E. y FRANCESCHETTI, G.: «Genetic algorithm procedure for linear array failure correction». *Electronics Letters*, 2000, **36(3)**, pp. 196–198.
- RODRIGUEZ, J.E.; MEDAGLIA, A.L. y CASAS, J.P.: «Approximation to the optimum design of a motorcycle frame using finite element analysis and evolutionary algorithms». En: *Proc. of the Systems and Information Engineering Design Symposium, 2005 IEEE*, pp. 277–285, 2005.
- ROGERS, D.: «G/SPLINES: A Hybrid of Friedman's Multivariate Adaptive Regression Splines (MARS) Algorithm with Holland's Genetic Algorithm». En: *Proc. of the Fourth International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 384–391. San Diego, CA, 1991.
- RUDOLPH, GÜNTER: «Convergence Analysis of canonical genetic algorithms». *IEEE Transactions on Neural Networks*, 1994, **5(1)**, pp. 96–101.
- : «Evolutionary Search under Partially Ordered Finite Sets». En: M. F. Sebaaly (Ed.), *Proceedings of the International NAISO Congress on Information Science Innovations (ISI 2001)*, pp. 818–822. ICSC Academic Press, Dubai, U. A. E., 2001.
- SCHAFFER, J. DAVID; CARUANA, RICH; ESHELMAN, LARRY J. y DAS, RAJARSHI: «A Study of Control Parameters Affecting Online Performance of Genetic Algorithms for Function Optimization». En: *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 51–60. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 1989.
- SCHELKUNOFF, S.A.: «A mathematical theory of linear arrays». *Bell Syst. Tech. J.*, 1943, **22(1)**, pp. 80–107.
- SCHLIERKAMP VOOSSEN, D.: «Strategy adaptation by competition». En: *Proc. 2nd Eur Congress on Intelligent Techniques and Soft Computing*, pp. 1270–1274, 1994.
- SCHWEFEL, HANS-PAUL: *Numerical Optimization of Computer Models*. John Wiley & Sons, Inc., New York, NY, USA, 1981.
- SHARMA, S. K. y SHAFAI, L.: «Investigations on miniaturized endfire vertically polarized quasi-fractal log-periodic antenna». *IEEE Journal on Antennas and Propagation*, 2004, **52**, pp. 1957–1962.

- SHAW, R.K. y WERNER, D.H.: «Design of Optimal Broadband Microstrip Antenna Elements in the Array Environment using Genetic Algorithms». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium 2006, IEEE*, pp. 3727–3730, 2006.
- SHIMIZU, M.: «Determining the excitation coefficients of an array using genetic algorithms». En: *Antennas and Propagation Society International Symposium, 1994. AP-S. Digest*, volumen 1, pp. 530–533, 1994.
- SHLAGER, K.L.; SMITH, G.S. y MALONEY, J.G.: «Optimization of bow-tie antennas for pulse radiation». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 1994, **42(7)**, pp. 975–982.
- SMITH, C. E.; BUTLER, C. M. y UMASHANKAR, K.R.: «Characteristics of Wire Biconical Antenna». *Microwave Journal*, 1979, pp. 37–40.
- SRINIVAS, M. y PATNAIK, L.: «Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithms». *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, 1994, **24(4)**, pp. 17–26.
- SRINIVAS, N. y DEB, K.: «Multiobjective Optimization Using Nondominated Sorting in Genetic Algorithms». *Evolutionary Computation*, 1994, **2(3)**, pp. 221–248.
- SYSWERDA, G.: *Schedule Optimization Using Genetic Algorithms*. capítulo 21, pp. 332–349. *Handbook of Evolutionary Computation*. van Nostrand Reinhold, New York, 1991.
- SYWERDA, G.: «Uniform crossover in genetic algorithms». En: *Proceedings of the third international conference on Genetic algorithms*, pp. 2–9. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 1989.
- T. BACK, D. B. FOGEL AND Z. MICHALEWICZ (Ed.): *Handbook on evolutionary computation*. IOP Publishing Ltd and Oxford University Press, 1997.
- TAGUCHI, G.: *Quality engineering for technological development*. Japanese Standards Association., 1984a.
- : *Reliability design case studies for new product development*. Japanese Standards Association., 1984b.

- : *System of experimental design*. Unipub/American Supplier Institute, 1987.
- : «Robust design by simulation:standard SN ratio». *Quality engineering*, 2005, **9(2)**.
- TAGUCHI, G.; CHOUDHURY, S. y WU, Y.: *Taguchi's quality engineering handbook*. John Wiley and Sons., 2005.
- TASKIN, A. y GUREL, C.S.: «Antenna array pattern optimisation in the case of array element failure». En: *Microwave Conference, 2003. 33rd European*, volumen 3, pp. 1083–1085, 2003.
- TENNANT, A.; DAWOUD, M. M. y ANDERSON, A. P.: «Array pattern nulling by element position perturbations using a genetic algorithm». *Electronics Letters*, 1994, **30(3)**, pp. 174–176.
- THOLLON, F. y BURAI, N.: «Geometrical optimization of sensors for eddy currents. Non destructive testing and evaluation». *Magnetics, IEEE Transactions on*, 1995, **31(3)**, pp. 2026–2031.
- TSAI, JINN-TSONG; LIU, TUNG-KUAN y CHOU, JYH-HORNG: «Hybrid Taguchi-genetic algorithm for global numerical optimization». *IEEE Trans. Evolutionary Computation*, 2004, **8(4)**, pp. 365–377.
- TURHAN-SAYAN, G.; LEBLEBICIOGLU, K. y INAN, S.: «The use of genetic algorithms in input signal shaping for target identification». En: *Proc. USNC/URSI Radio Sci. Meet. Baltimore, MD*, p. 21, 1996.
- ULER, G. F.; MOHAMMED, O. A. y KOH, CHANG-SEOP: «Utilizing genetic algorithms for the optimal design of electromagnetic devices». *Magnetics, IEEE Transactions on*, 1994, **30(6)**, pp. 4296–4298.
- VALL-LLOSSERA, M.; RIUS, J. M.; DUFFO, N. y CARDAMA, A.: «Design of single-shaped reflector antennas for the synthesis of shaped contour beams using genetic algorithms». *Microwave and Optical Technology Letters*, 2000, **27(5)**, pp. 358–361.
- VASCONCELOS, J.A.; KRAHENBUHL, L.; NICOLAS, L. y NICOLAS, A.: «Design optimisation using the BEM coupled with genetic algorithm». En:

Computation in Electromagnetics, 1994. Second International Conference on, pp. 60–63, 1994.

VENTRELLA, J.: «Disney meets Darwin—the evolution of funny animated figures». En: *CA '95: Proceedings of the Computer Animation*, p. 35. IEEE Computer Society, Washington, DC, USA, 1995.

VIGNAUX, G.A. y MICHALEWICZ, Z.: «A genetic algorithm for the linear transportation problem». *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 1991, **21(2)**, pp. 445–452.

VOIGT, H.-M.; MÜHLENBEIN, H. y CVETKOVIC, D.: «Fuzzy Recombination for the Breeder Genetic Algorithm». En: Larry Eshelman (Ed.), *Proceedings of the Sixth International Conference on Genetic Algorithms*, pp. 104–111. Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 1995.

WEILE, D.S.; MICHIELSEN, E. y GOLDBERG, D.E.: «Genetic algorithm design of Pareto optimal broadband microwave absorbers». *Electromagnetic Compatibility, IEEE Transactions on*, Aug 1996, **38(3)**, pp. 518–525.

WENG, W. W.; YANG, F. y ELSHERBENI, A. Z.: «Linear Antenna Array Synthesis Using Taguchi's Method: A Novel Optimization Technique in Electromagnetics». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, 2007, **55(3)**, pp. 723–730.

WHITLEY, DARELL: «An Executable Model of a simple Genetic Algorithm». En: L. Darrell Whitley (Ed.), *Foundations of Genetic Algorithms 2*, pp. 45–62. Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 1993.

WHITLEY, L. DARRELL; STARKWEATHER, TIMOTHY y FUQUAY, D'ANN: «Scheduling Problems and Traveling Salesmen: The Genetic Edge Recombination Operator». En: *ICGA*, pp. 133–140, 1989.

WOLPERT, D. H. y MACREADY, W. G.: «No free lunch theorems for optimization». *Evolutionary Computation, IEEE Transactions on*, 1997, **1(1)**, pp. 67–82.

WRIGHT, ALDEN H.: *Genetic Algorithms for Real Parameter Optimization*. Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 1991.

- WU, T. y KING, R.: «The cylindrical antenna with nonreflecting resistive loading». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on [legacy, pre - 1988]*, May 1965, **13(3)**, pp. 369–373.
- YANG, S. Y.; PARK, L. J.; PARK, C. H. y RA, J. W.: «A hybrid algorithm using genetic algorithm and gradient-based algorithm for iterative microwave inverse scattering». En: *Evolutionary Computation, 1995., IEEE International Conference on*, volumen 1, pp. 450–, 1996.
- YAO, XIN y LIU, YONG: «Fast Evolutionary Programming». En: *Evolutionary Programming*, pp. 451–460, 1996.
- YEN, J.; LIAO, J.C.; LEE, B. y RANDOLPH, D.: «A hybrid approach to modeling metabolic systems using a genetic algorithm and simplex method». *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, Part B*, 1998, **28(2)**, pp. 173–191.
- YEO, B. K. y LU, Y.: «Array failure correction with a genetic algorithm». *Antennas and Propagation, IEEE Transactions on*, May 1999, **47(5)**, pp. 823–828.
- YU, C. C.: «Side-lobe reduction of a symmetric broadside array by spacing perturbation». *Microwave and Optical Technology Letters*, 1996, **13(3)**, pp. 147–149.
- YUAN, Y.; CHAN, C. H.; MAN, K. F. y LUK, K. M.: «Meta-material surface design using the hierarchical genetic algorithm». *Microwave and Optical Technology Letters*, 2003, **39(3)**, pp. 226–230.
- ZENTNER, R. y SIPUS, J., Z. BARTOLIC: «Optimization synthesis of broadband circularly polarized microstrip antennas by hybrid genetic algorithm». *Microwave and Optical Technology Letters*, 2001, **31(3)**, pp. 197–201.
- ZITZLER, E.: *Evolutionary Algorithms for Multiobjective Optimization: Methods and Applications*. Tesis doctoral, ETH Zurich, Switzerland, 1999.
- ZITZLER, E.; DEB, K. y THIELE, L.: «Comparison of Multiobjective Evolutionary Algorithms: Empirical Results». *Evolutionary Computation*, 2000, **8(2)**, pp. 173–195.

ZITZLER, E. y THIELE, L.: «Multiobjective Optimization Using Evolutionary Algorithms - A Comparative Case Study». En: *PPSN V: Proceedings of the 5th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature*, pp. 292–304. Springer-Verlag, London, UK, 1998.