

Figura 5.24: *Escenari 1* - Temps que el sistema es troba en la posició d'adquisició correcta (mesura sobre 1, que és el total del temps de simulació)

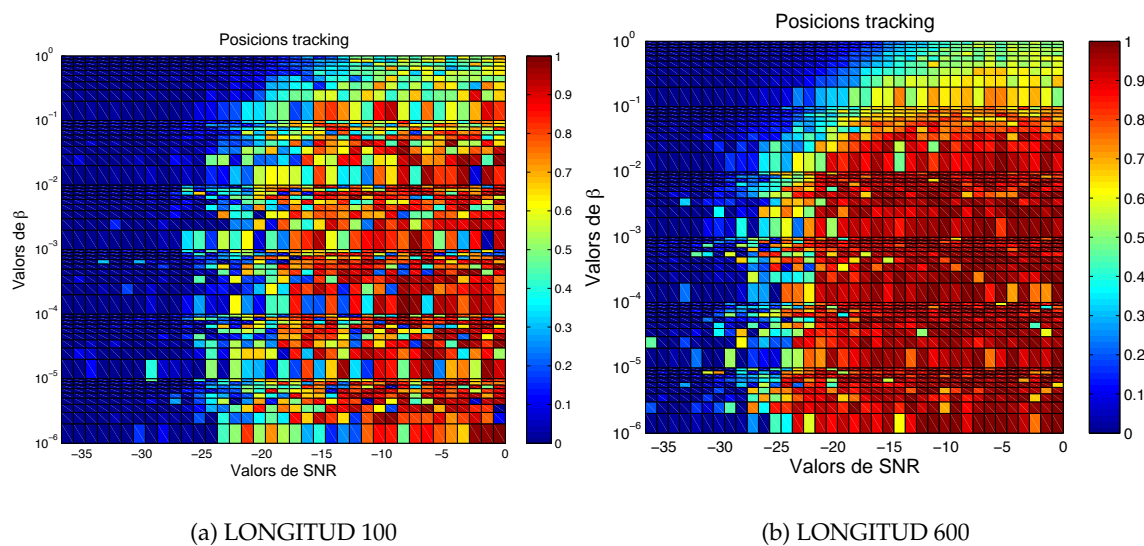
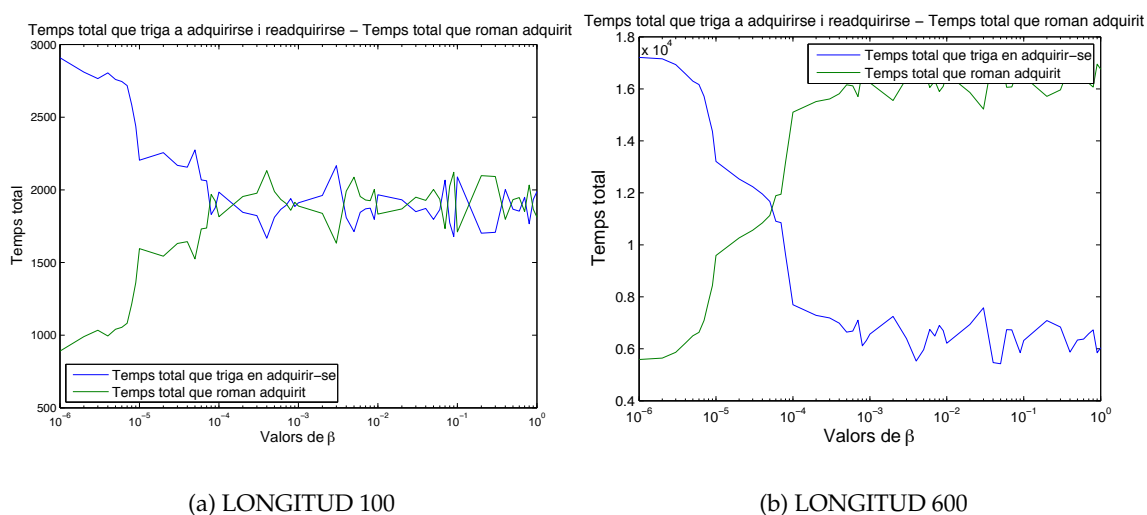


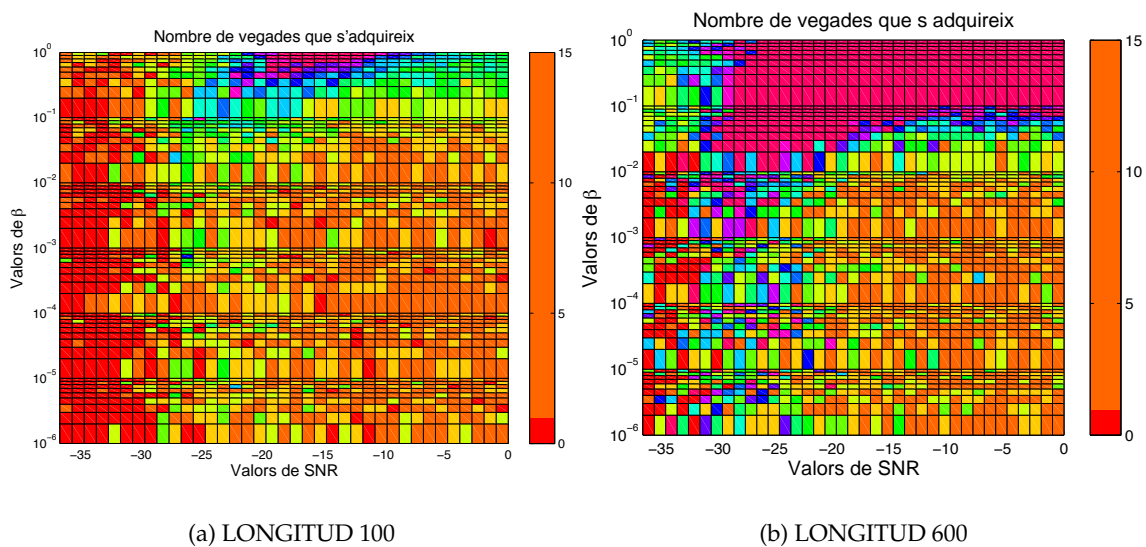
Figura 5.25: *Escenari 1* - Temps que el sistema es troba en la posició de *tracking* correcta (mesura sobre 1, que és el total del temps de simulació)



(a) LONGITUD 100

(b) LONGITUD 600

Figura 5.26: *Escenari 1* - Temps total que el sistema dedica a adquirir-se o que roman adquirit (sobre el màxim de temps simulat)



(a) LONGITUD 100

(b) LONGITUD 600

Figura 5.27: *Escenari 1* - Nombre de vegades que s'adquireix en un temps de simulació

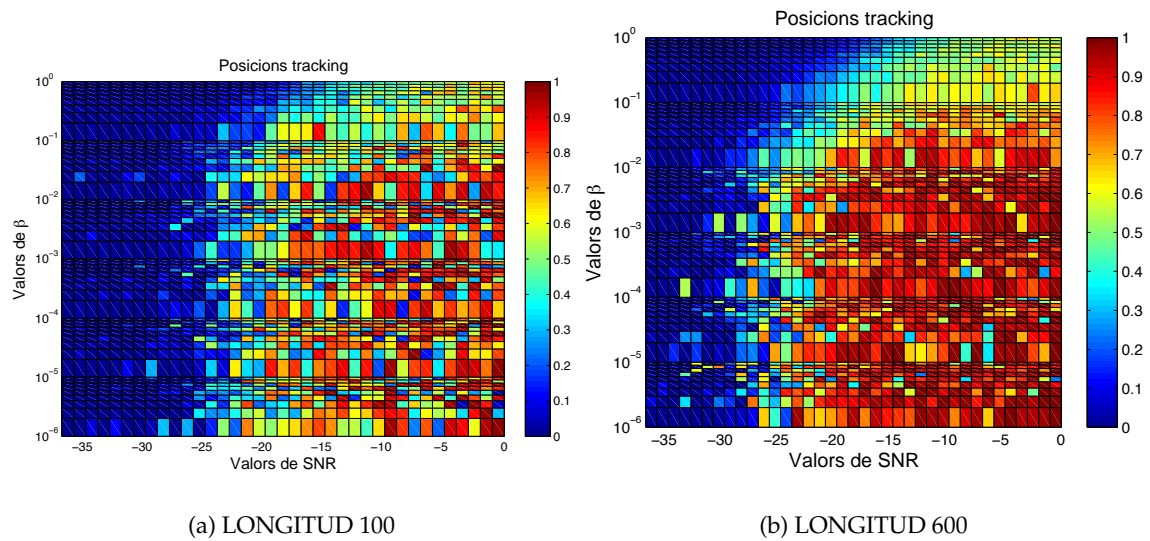


Figura 5.28: *Escenari 2* - Temps que el sistema es troba en la posició de *tracking* correcta (mesura sobre 1, que és el total del temps de simulació)

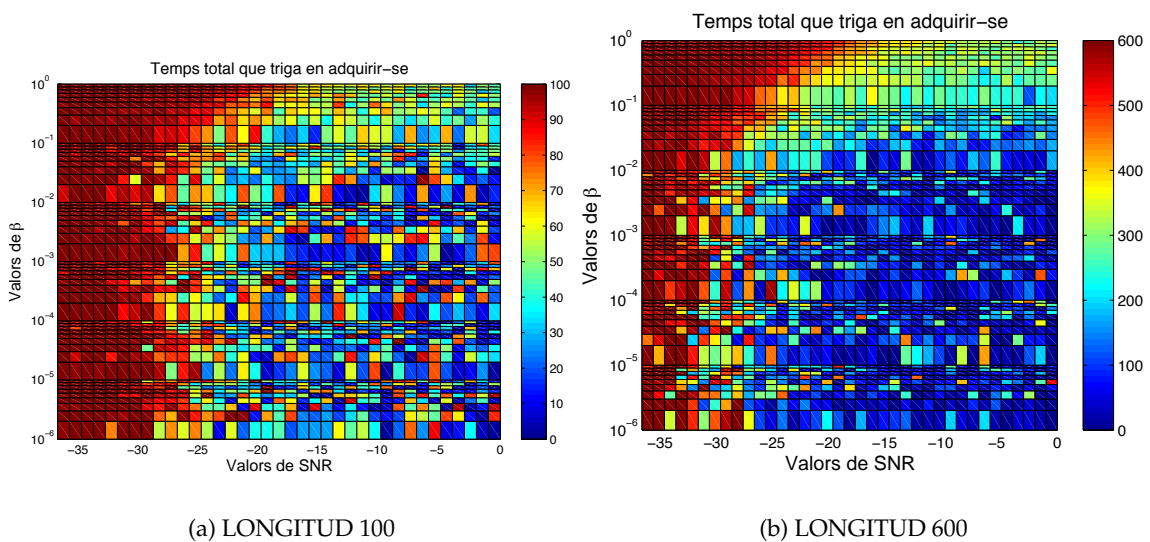


Figura 5.29: *Escenari 2* - Temps que triga a adquirir-se (mesura sobre 100, que és el total del temps de simulació)

de la celeritat de convergència que provoca un paràmetre  $\beta$  tant elevat, que té en compte les respostes impulsional instantànies dels filtres adaptatius i per tant, provoca més falses alarmes.

**Escenari 3** El tercer dels escenaris és el més complex a nivell d'adquisició i *tracking*, perquè treballa amb un conjunt de camins molt propers temporalment i que tenen més facilitat per a confondre el sistema d'adquisició. És per això que els resultats, malgrat seguir el mateix patró que els altres tres escenaris, són lleugerament pitjors.

En l'*escenari 3* es mostren els resultats de la posició d'adquisició (es poden observar a la figura 5.30), que segueixen la mateixa línia que els que s'han observat als altres tres escenaris, però amb unes mitjanes pitjors que les dels altres escenaris. I en la segona de les gràfiques, la figura 5.31, s'observa que el nombre de vegades que s'adquireix ha empitjorat molt, perquè en molts casos ni tan sols s'arriba a adquirir-se, i fins i tot dins de la bona zona de treball, amb bona relació SNR. I al mig de la zona de bona SNR i bon comportament de  $\beta$ , a causa de la severitat de les condicions de canal, hi ha proves en les que el sistema no s'aconsegueix adquirir. Així doncs, és un escenari on no es podrà transmetre i rebre amb fiabilitat. Tampoc no seria una situació molt més avantatjosa si es tractés d'un receptor amb correlador, puix que el nivell de soroll és molt elevat i per tant, la probabilitat de falsa alarma creix.

### Valoració final dels resultats

Dels resultats presentats en els punts anteriors se'n dedueix que no tots els valors de  $\beta$  provats donen bons resultats, i cal fer un anàlisi parcial, en funció de la figura de mèrit que es vulgui mesurar, el rang de valors de  $\beta$  que farà que l'estabilitat de l'adquisició i del *tracking* sigui més gran.

A continuació es detallen el rang de valors on l'estructura funciona millor en funció de la longitud de les proves realitzades. Dels quatre escenaris possibles, s'ha pres aquell que presenta uns resultats més restrictius. El resum final de valors es mostra a la taula 5.2, i el marge de valors de  $\beta$  que es conclou és  $10^{-4} \leq \beta \leq 10^{-3}$ .

Tan sols cal comprovar que el rang de valors de  $\beta$  descrits com a bons satisfan el temps de coherència del canal. Si assumim que el *Doppler spread* màxim del canal ionosfèric és de 2Hz (veure [Vil07]), a partir d'aquest valor es pot calcular el temps de coherència del canal [Sk188]. El temps de coherència del canal s'avalua per un paràmetre  $\nu \in [0.4, 0.6]$

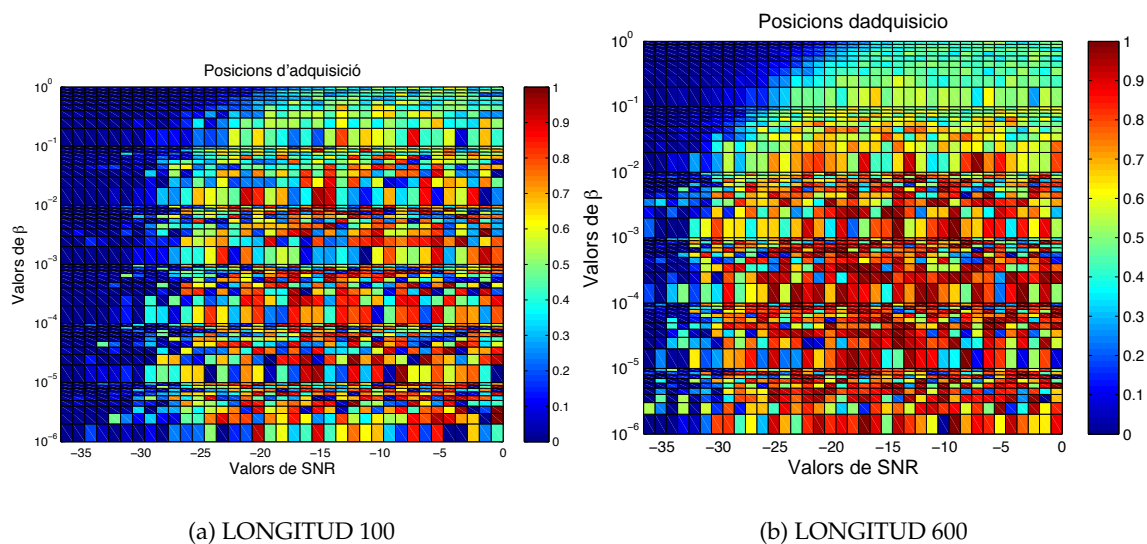


Figura 5.30: *Escenari 3* - Temps que el sistema es troba en la posició d'adquisició correcta (mesura sobre 1, que és el total del temps de simulació)

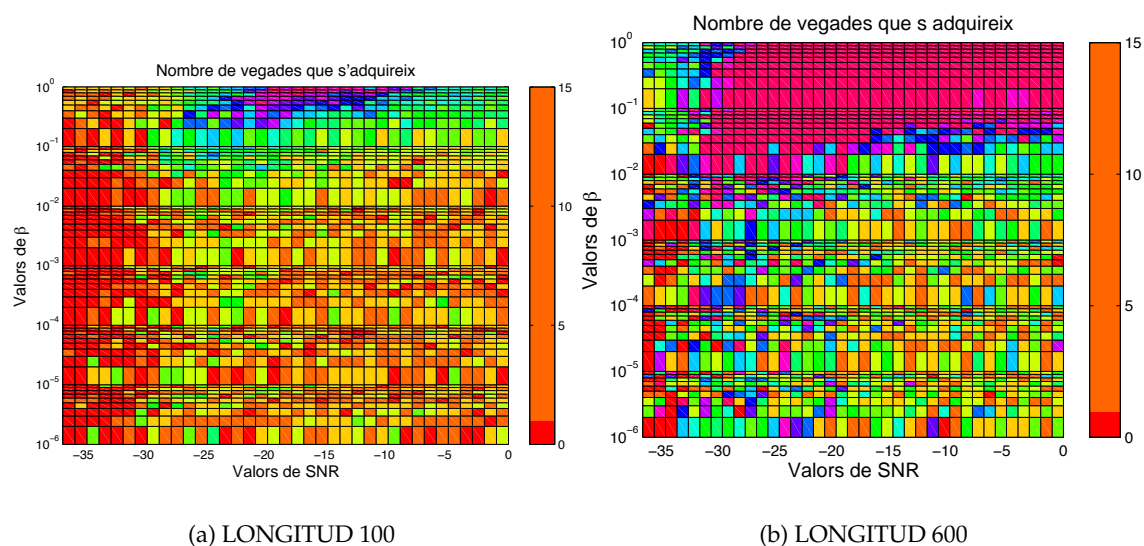


Figura 5.31: *Escenari 3* - Nombre de vegades que s'adquireix en un temps de simulació

aproximadament, en funció de la definició de temps de coherència que es doni<sup>2</sup>. Així doncs, el valor del temps de coherència  $T_{coh} = \frac{\nu}{2Hz} = 0.2115s$ .

Ens queda tan sols avaluar si s'acompleix que el paràmetre  $\beta$  pot seguir les variacions del canal assumint un temps de coherència de 211.5ms. La freqüència de mostreig de les dades enviades és de 50KHz, per tant, el temps per mostra és de  $20\mu s$ . Si assumim que la major part de les vegades es treballa amb un *up factor* de  $N = 16$ , esdevé un temps de xip  $T_c = 0.32ms$ , i si també fixem que la longitud de les seqüències PN sigui de 127, el temps de símbol  $T_s = 40.6ms$ . En el cas de Doppler màxim, dins del temps de coherència s'hi veurien entre 5 i 6 símbols complets. En el cas de Doppler mig amb el que es treballa normalment (assumint el valor mig del Doppler com a 0.4-0.5Hz), s'hi veuen uns 20-30 símbols de les mateixes característiques. Traduït a variació, el que se'ns diu amb aquests nombres és que el canal varia al voltant d'un 10% la seva resposta impulsional mentre transmet entre 5 i 30 símbols (en funció del Doppler que es consideri).

El sistema varia entre el 0.5% i el 3% la seva resposta impulsional en la mateixa duració de temps. Malgrat aquests càlculs, les proves empíriques realitzades amb dades reals han mostrat que els camins es mantenen molt més temps que el temps de coherència (veure apartat 5.10.3). Cal aclarir també que la definició de temps de coherència parla de similitud de la resposta impulsional del canal amb sí mateix (en un percentatge elevat, d'un 90% aproximadament en el nostre cas), no de manteniment dels diferents camins. Les proves realitzades han demostrat, doncs, que per un canal de variacions lentes però elevat soroll, presenta més bons resultats una convergència per dessota del temps de coherència que no a l'inrevés. El que ens diuen aquestes xifres és que la variació del canal que es manté en el temps és la que pot actualitzar-se a la resposta impulsional (en realitat, el filtrat *exponential smoothing* està actuant de filtre passabaixes restrictiu), i que les variacions *ràpides* - malgrat no puguin ésser-ho gaire -, només s'actualitzaran a la resposta impulsional nova si es repeteixen en el temps. L'aplicació pràctica d'aquest resultat és que l'aparició i desaparició ràpida - als límits del temps de coherència - no arribarà a actualitzar-se a les respostes impulsional dels filtres adaptatius després de l'*exponential smoothing*.

---

<sup>2</sup>El temps de coherència es defineix en funció del % de temps que un canal s'assembla a sí mateix en mesura de correlació. En funció de la mida que es demani del %, el valor de  $\nu$  serà més gran, o més petit. Ens quedarem amb el valor  $\nu = 0.423$ , que és la més usada a la literatura [Sk188].

Taula 5.2: Valors de  $\beta$  que optimitzen el funcionament de l'estructura multiresolutiva

Mesura realitzada	Longitud	Longitud
	100	600
Posició d'adquisició	$10^{-6} \leq \beta \leq 10^{-1}$	$10^{-6} \leq \beta \leq 10^{-2}$
Posició de <i>tracking</i>	$10^{-6} \leq \beta \leq 10^{-1}$	$10^{-6} \leq \beta \leq 10^{-2}$
Temps mig que triga en adquirir-se	$10^{-4} \leq \beta \leq 1$	$10^{-4} \leq \beta \leq 1$
Temps total que triga en adquirir-se	$10^{-4} \leq \beta \leq 1$	$10^{-4} \leq \beta \leq 1x$
Temps mig que roman adquirit	$10^{-4} \leq \beta \leq 1$	$10^{-4} \leq \beta \leq 1$
Temps total que roman adquirit	$10^{-4} \leq \beta \leq 1$	$10^{-4} \leq \beta \leq 1$
Nombre de vegades que s'adquireix	$10^{-5} \leq \beta \leq 10^{-3}$	$10^{-5} \leq \beta \leq 10^{-3}$
Marge de valors final de $\beta$		$10^{-4} \leq \beta \leq 10^{-3}$

## 5.7 Localització del màxims per a aprofitar la diversitat multicamí

En aquest punt es disposa de les  $M$  respostes impulsional obtingudes a través dels filtres adaptatius del sistema d'adquisició, i que el mòdul de les quals ha estat filtrat passabaixes amb un *exponential smoothing*, tal i com s'explicita en la primera de les propostes d'estructura multiresolutiva 4.2.2. Caldrà obtenir la informació de quina de les  $M$  branques és la que està adquirida, i de quina és la posició correcta d'adquisició. Quan el senyal d'una determinada branca pugui estar alineat amb alguna de les components del multicamí que conté la seqüència de referència, el filtre pertinent donarà un coeficient del filtre adaptatiu ( $h^i$ ) que creixerà raonablement respecte als altres. Per tal de trobar el temps de sincronisme del procés d'adquisició, però, primer caldrà trobar quina és la posició màxima de cada una de les respostes impulsional dels  $M$  filtres en memòria - que seran sempre les que presentin energia màxima -, i després comparar-les entre elles. Alhora, caldrà tenir present la necessitat d'estabilitzar els resultats dels camins obtinguts en els filtres adaptatius; especialment quan hi ha la possibilitat de que dos d'ells presentin respostes similars.

$$\begin{aligned}
\gamma_1[n] &= \max(|\underline{h}^1[n]|) \\
pos_1 &= \operatorname{argmax}(|\underline{h}^1[n]|) \\
\gamma_2[n] &= \max(|\underline{h}^2[n]|) \\
pos_2 &= \operatorname{argmax}(|\underline{h}^2[n]|) \\
\gamma_3[n] &= \max(|\underline{h}^3[n]|) \\
pos_3 &= \operatorname{argmax}(|\underline{h}^3[n]|) \\
&\vdots \\
\gamma_M[n] &= \max(|\underline{h}^M[n]|) \\
pos_M &= \operatorname{argmax}(|\underline{h}^M[n]|)
\end{aligned} \tag{5.7}$$

Un cop ja es disposa dels valors màxims dels  $M$  filtres diferents, es calcula a quin d'ells correspon el valor màxim, i per tant, quin dels filtres ( $\underline{h}^{max}$ ) està adquirit en aquest moment. Cal tenir present que sigui quin sigui el nivell de potència que ens arribi del canal, serà possible trobar un màxim vàlid ( $pos_{max}$ ), sempre que l'adquisició sigui possible per les condicions que presenta el canal, i que per tant, interessa el màxim en valor absolut, més enllà del seu valor.

$$pos_{max} = pos_i, \text{ t.q. } \gamma_{max} \geq \gamma_i \forall i \tag{5.8}$$

La posició trobada després d'aquest procediment correspon a la seqüència que treballa a 1 mostra per xip, i no a la seqüència original. Caldrà convertir el valor del temps de sincronisme a  $N$  mostres per xip, abans de procedir a la fase de *tracking*.

### 5.7.1 Reconstrucció de la posició

El pas següent serà doncs, calcular quina serà la posició origen en la seqüència  $c$  original. L'equació de reconstrucció segueix els paràmetres següents:

$$\hat{\tau} = ((pos_{max} - 1) \cdot M + i - 1) \cdot N + 1 \tag{5.9}$$

Tal i com ja s'ha definit abans,  $pos_{max}$  és la posició d'adquisició dins del filtre adaptatiu, per tant, en un entorn delmat, i correspon a la posició del filtre  $h^{max}$ ;  $i$  és el número de filtre que disposa del màxim.  $M$  correspon al nombre de filtres, i  $N$  a la quantitat de mostres per



xip usades per a mostrejar el senyal en recepció.

En aquest moment ja es disposa del temps de sincronisme associat a la component de senyal més energètica. Per tal de poder desmodular amb la màxima correcció possible, caldrà donar més precisió a aquest punt d'adquisició a través del procés de *tracking*.

### 5.7.2 Tècniques de diversitat temporal

En la proposta original es descriu com trobar la posició del màxim com a lloc d'adquisició del rebot principal (veure l'apartat 4.2.2), però en l'entorn de treball descrit al capítol 2 es fa evident la necessitat d'aprofitar la diversitat temporal que proporciona el canal. És per això que la sisena de les millores a l'estructura és la implementació de tècniques d'aprofitament de la diversitat temporal en la primera proposta de l'estructura multiresolutiva.

Les principals modificacions introduïdes a l'estructura multiresolutiva per tal d'incorporar els avantatges típics del receptor RAKE a la mateixa afecten sobretot al sistema decisonal, que buscava el màxim entre les  $M$  branques de l'estructura original de la part d'adquisició així com el filtre de *tracking*. Per tant, en un principi, les etapes inicials de delmació i de filtratge adaptatiu no es veuen afectades. Sí que es veurà modificat el bloc de detecció, però aquest fet ja serà comentat en el capítol 7.

#### Canvis en l'estructura multiresolutiva

El primer gran canvi a esmentar és que, per tal de poder treballar amb més d'un rebot del senyal rebut, cal disposar de més d'un filtre de *tracking*. De fet, cal disposar de tants filtres de *tracking* com de rebots es vulguin tenir en compte. En cas de treballar amb un total de  $L = 3$  rebots (un de principal i dos de secundaris), cal disposar de tres filtres de *tracking*, i cadascun farà el seguiment d'un dels camins proposats per l'adquisició.

El segon gran canvi es dona al sistema decisonal. A l'estructura original només calia detectar un determinat màxim d'energia a partir del qual calculàvem la posició a la que centràriem el filtre de *tracking*. A l'estructura modificada per tal d'aprofitar la diversitat temporal cal detectar tants màxims d'energia com número de rebots es vulguin aprofitar, per tal de calcular l'equivalent al número de posicions a les que centrarem els filtres de *tracking*.

Malgrat tot, hi ha diverses consideracions a tenir en compte a l'hora d'incorporar amb èxit les tècniques d'aprofitament de la diversitat temporal dins de l'estructura multiresolutiva.

Primer, cal tenir en compte el número de rebots amb els que es vol treballar. Difícilment ens trobarem en una situació en la que ens arribin més de tres rebots amb suficient energia per a ser considerats [Vil07], per tant, les tècniques dissenyades treballen amb un màxim de  $L = 3$  rebots.

Segon, un cop presa aquesta determinació, es veurà amb detall com es veu afectada l'estructura original i quines són les consideracions a tenir en compte.

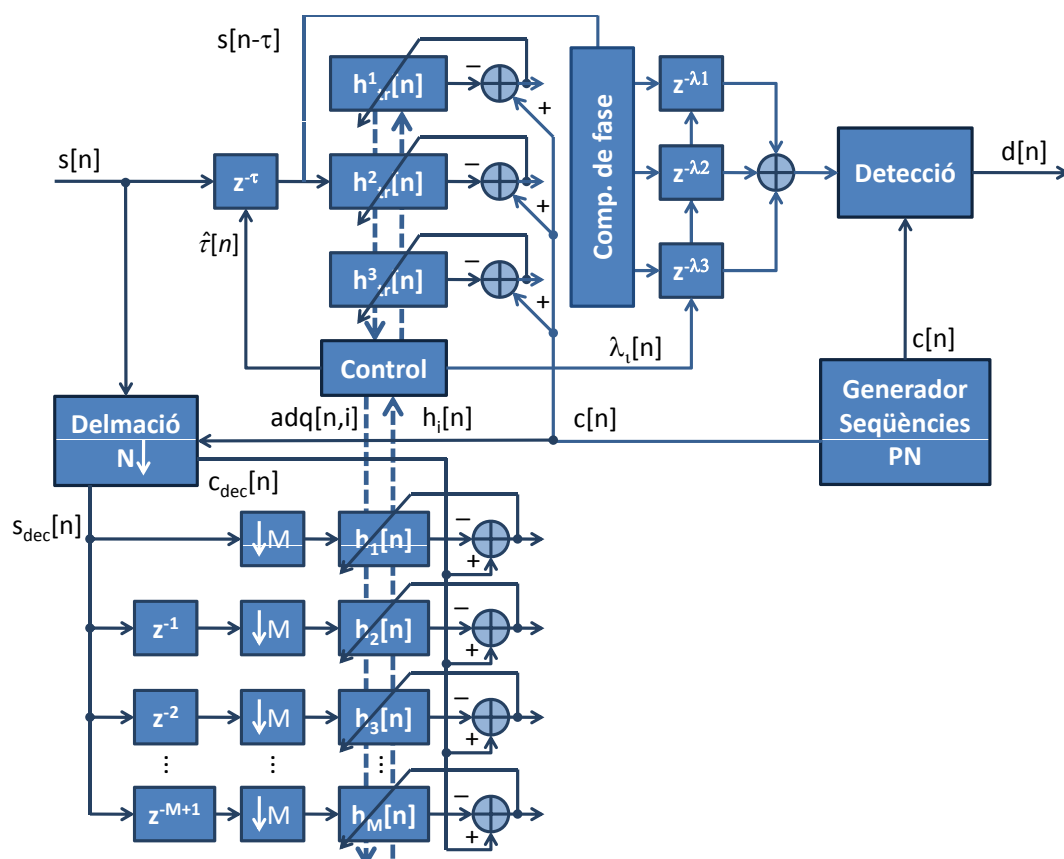


Figura 5.32: Estructura multiresolutiva modificada amb aprofitament de la diversitat temporal (veure l'estructura original a la figura 5.2)

El primer que cal tractar és l'anteriorment anomenat sistema decisional o sistema de control. Que es detectin tres punts de màxima energia dins de les respostes impulsional dels  $M$  filtres adaptatius de la primera etapa no és tant senzill com buscar els màxims de cada filtre i quedar-nos amb les tres més grans. Cal tenir en compte que dos rebots poden ser detectats per una mateixa branca si els retards amb els que arriben els rebots així ho determinen.

Per buscar els màxims energètics s'usarà un sistema de reducció de cost computacional. El que farà el sistema és buscar el màxim absolut dels  $M$  filtres. Aquest màxim ens indicarà la posició del rebot principal. Una vegada detectat el primer rebot, el punt energètic corresponent al màxim s'elimina de la resposta impulsional del filtre corresponent i ja es pot tornar a repetir el procés (és a dir, es cerca el  $2n$  màxim). Realitzant tres vegades aquesta detecció disposarem de la informació necessària per a calcular la posició de cada rebot.

Per a descobrir la posició de cada rebot amb una resolució d' $N$  mostres per xip, partint de la informació de quin filtre l'ha detectada i a quina posició de la resposta impulsional estava, s'usen a la mateixa equació els factors de conversió que a l'estructura original (veure equació 5.9). La única diferència és que el procés de localització del màxim es triplica en l'avaluació, puix que cal avaluar tres valors de màxims. No es triplica, però, en el càlcul sobre els filtres, perquè la convergència d'aquests per a un sol màxim o per a tres és la mateixa. Aquestes tres posicions seran calculades i seran els llocs on centrarem els tres filtres de *tracking* que acabaran d'ajustar la posició dels tres rebots seguint el mateix procediment que el del filtre de *tracking* de l'estructura multiresolutiva, tal i com es pot observar a la figura 5.32. A partir d'aquí, i després de la oportuna compensació de fase que es detallarà al capítol 6, l'únic que cal fer és sumar les contribucions dels diferents rebots abans de procedir a deseixampar el senyal i al procés final de decisió.

### Consideració del temps de coherència del canal

Finalment, cal tenir en compte la última consideració. Es podria donar el cas de detectar un rebot que no formi part del símbol que s'està intentant rebre en un moment determinat; és a dir, podria ser que un dels camins del canal de transmissió fes arribar el senyal amb tant retard que el rebot detectat formés part d'un altre símbol. Cal tenir present, però, que segons els estudis de canal que s'han exposat a l'apartat 2.4, es realitza un disseny de la modulació adequada per tal que tots els camins del canal romanguin dins d'un temps de símbol  $T_s$ .

### Control de la localització de màxims

L'aprofitament de la diversitat de multicamí del canal només serà possible usant un bon control sobre les dades que s'obtenen de l'estructura multiresolutiva; caldrà que hi hagi un sistema que faci un seguiment de la localització dels màxims i de la seva variabilitat temporal. En aquest control de la localització dels màxims també es realitzarà una comprovació de la fase, perquè malgrat la modulació estarà dissenyada per a respectar el temps

de coherència del canal ( $T_s > R \cdot T_c$ , assumint que  $R$  és suficientment gran), una suma destructiva de camins en una estructura d'aprofitament de la diversitat multicamí pot empitjorar els resultats finals en termes de BER. Es tractarà aquest tema en el tercer capítol de contribucions (veure capítol 7).

## 5.8 El *tracking* en la mateixa estructura

Un cop s'obtenen les primeres aproximacions del temps de sincronisme de cada camí, tan sols cal fer el *fine adjustment*. Això implica tenir molta més precisió a l'hora de determinar la mostra adequada, tenint en compte totes les mostres corresponents al sobremostreig que es produeix en recepció.

### 5.8.1 Millors del *tracking* del sistema

L'estructura de *tracking* es realitzarà amb un filtre adaptatiu de longitud mínima  $2N + 1$ , és a dir, que tingui suficients graus de llibertat per a adquirir-se correctament al xip que li pertoqui, i poder donar-ne així la precisió que se n'espera. L'ajust de la longitud d'aquest filtre ha estat una altra de les novetats incorporades a l'estructura original (veure 4.2.2). Un filtre més llarg, de la mateixa longitud  $\frac{N_c}{M}$  que els filtres adaptatius de les  $M$  branques, que tenia el filtre de *tracking* a la proposta original, tenia més cost computacional del necessari, puix si l'adquisició ha realitzat correctament l'estimació del temps de sincronisme, amb un radi de  $N$  mostres al voltant del punt d'adquisició estimat s'hi ha de trobar el punt final de desmodulació (és a dir, considerant un temps de xip abans i o després de la cerca del *tracking*), el que haurà trobat el sistema de *tracking*.

El que cal fer, doncs, és entrenar el filtre durant un temps de símbol  $T_s$  i després cercar el màxim del filtre adaptatiu de *tracking*, i poder acabar d'ajustar així la posició del punter de desmodulació, tal i com es detalla a l'apartat 4.2.2. Les dades que s'incorporaran al filtre adaptatiu són les d'entrada del sistema (veure figura 5.33), un cop filtrades per eliminar el soroll en la mesura del possible (veure apartat 5.4.1 per a més detall); aquestes s'introduiran al filtre adaptatiu a partir de la posició indicada per  $\hat{\tau}_{adq}$  que ha proporcionat la fase d'adquisició en el mateix instant en què aquesta esdevé estable.

La millora en aquesta fase pel que fa al *tracking* descrit a l'apartat 4.2.2 està relacionada amb l'aprofitament de la diversitat multicamí del senyal d'arribada. En comptes de tenir un sol filtre de *tracking*, n'hi haurà tants com diferents camins s'hagin adquirit a la fase d'adquisició. Així convergiran tants filtres com punts de desmodulació hi hagi, i aquesta

informació podrà ser usada per l'estructura RAKE (veure apartat 5.7.2) per tal de sumar constructivament el senyal per a millorar la BER de la sortida del receptor; ahora, el temps d'adquisició i de *tracking* també milloren, perquè es tenen en compte les adquisicions a tots els camins, tinguin l'energia que tinguin (a diferència del cas que tan sols es tenia en compte el camí d'energia màxima). Es tracta de la vuitena millora sobre l'estructura multiresolutiva presentada a l'apartat 4.2.2.

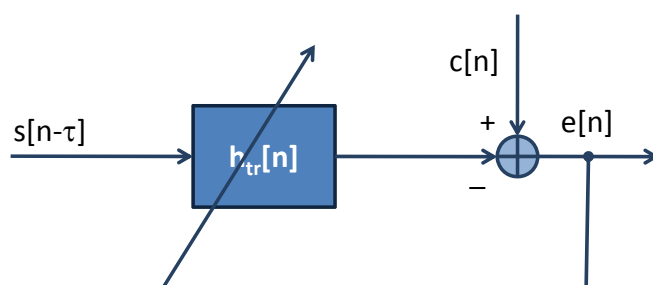


Figura 5.33: Filtre adaptatiu de *tracking*

## 5.8.2 L'estabilitat del *tracking*

Pels filtres de *tracking* s'usa també el sistema de filtrat passabaixes usant un *exponential smoothing*, per tal d'eliminar els resultats amb espuris provocats per falses alarmes degudes a sorolls o convergències errònies, que pugui donar el sistema de *tracking*; així es dona una mesura més robusta del temps de sincronisme.

$$\underline{h}^{tr}[n] = (1 - \beta) \underline{h}^{tr}(n - 1) + \beta |\underline{h}_{inst}^{tr}[n]| \quad (5.10)$$

D'aquesta darrera resposta impulsional caldrà trobar-ne el màxim, igual que es feia amb les  $M$  branques del sistema d'adquisició vist anteriorment. Així doncs, el valor de  $\beta$  d'aquest filtre s'ha ajustat de la mateixa forma que s'ha fet amb els filtres estabilitzadors de la fase d'adquisició (per a més detall, veure apartat 5.6). Amb aquest màxim caldrà fer una correcció sobre el valor de  $\hat{\tau}$ , donant lloc al valor de  $\hat{\tau}_{track}$ :

$$\begin{aligned} \gamma_{tr}[n] &= \max(|\underline{h}^{tr}[n]|) \\ pos_{tr} &= \operatorname{argmax}(|\underline{h}^{tr}[n]|) \\ \hat{\tau}_{tr} &= \hat{\tau} \pm pos_{tr} \end{aligned} \quad (5.11)$$

La posició obtinguda finalment,  $\hat{\tau}_{tr}$ , serà la utilitzada per a començar la desmodulació de les dades ja en la fase de detecció. I aquest pas es realitza per a cada un dels diferents camins trobats a la fase d'adquisició.

## 5.9 El conformador de pols en *raised cosine*

La transmissió de dades en canals de banda limitada fan necessària la conformació de pols per tal d'eliminar o controlar la interferència intersimbòlica (ISI). Per a aquesta finalitat, els filtres de Nyquist proporcionen una transmissió lliure d'ISI [Pro95]. Els filtres de *raised cosine* són un cas particular dels filtres de Nyquist.

La minimització de la interferència intersimbòlica és fonamental en el tipus de canal que cal que l'estructura multiresolutiva treballi; la ISI és molt característica de canals multicamí. En aquest cas no es tracta de minimitzar la interferència entre símbols, sinó entre xips (ICI). Malgrat la intenció de fer ús de tots els camins possibles que proporcionen el canal, la minimització de la interferència intersimbòlica serà positiva per al BER.

### 5.9.1 La modulació d'amplitud de pols

Una modulació d'amplitud de pols (PAM) es pot representar com [AK99]:

$$x(t) = \sum_{-\infty}^{\infty} a_k g(t - kT_s) \quad (5.12)$$

on els  $a_k$  són els símbols transmesos, i  $g(\cdot)$  és un pols de Nyquist, que satisfà el criteri de Nyquist següent:

$$g(kT_s) = 1, \text{ per } k = 0 \quad (5.13)$$

$$g(kT_s) = 0, \text{ per } k = \pm 1, \pm 2, \dots \quad (5.14)$$

on  $g(\cdot)$  representa la resposta impulsional del filtre transmissor, el filtre receptor i el canal de comunicacions, en el cas que ens ocupa, amb multicamí. Cada símbol transmès  $a_k$  es pot recuperar a través del senyal rebut  $x(t)$ , tot prenent mostres de  $x(t)$  als instants de temps  $k \cdot T_s$ . Cal triar el filtre de Nyquist  $g(\cdot)$  que millor eviti la interferència ICI. En el domini de la freqüència, el criteri de Nyquist s'escriu com:

$$\sum_{n=-\infty}^{\infty} G\left(f - \frac{n}{T_s}\right) = T_s \quad (5.15)$$

El cas particular del filtre de Nyquist anomenat *raised cosine* segueix l'equació que hi ha a continuació:

$$G_{rc}(f) = \begin{cases} T_s, & |f| \leq \frac{1-\alpha}{2T_s} \\ T_s \cos^2\left(\frac{\pi T_s}{2\alpha}\left(|f| - \frac{1-\alpha}{2T_s}\right)\right), & \frac{1-\alpha}{2T_s} \leq |f| \leq \frac{1+\alpha}{2T_s} \\ 0, & |f| > \frac{1+\alpha}{2T_s} \end{cases} \quad (5.16)$$

on  $\alpha$  és el valor de *roll-off* i pren un valor entre  $[0,1]$ . També representa l'excés d'ample de banda normalitzat ocupat per el senyal que hi ha més enllà del valor de la freqüència de Nyquist  $\frac{1}{2T_s}$ .

### 5.9.2 Comparativa del *raised cosine* per a diferents valors d' $\alpha$

A la figura 5.34 s'observa la resposta impulsional d'un filtre de *raised cosine* de diferents valors de *roll-off*  $\alpha$ . A la figura següent, la figura 5.35, s'observa la resposta en freqüència del mateix filtre, per al mateix marge de valors d' $\alpha$ .

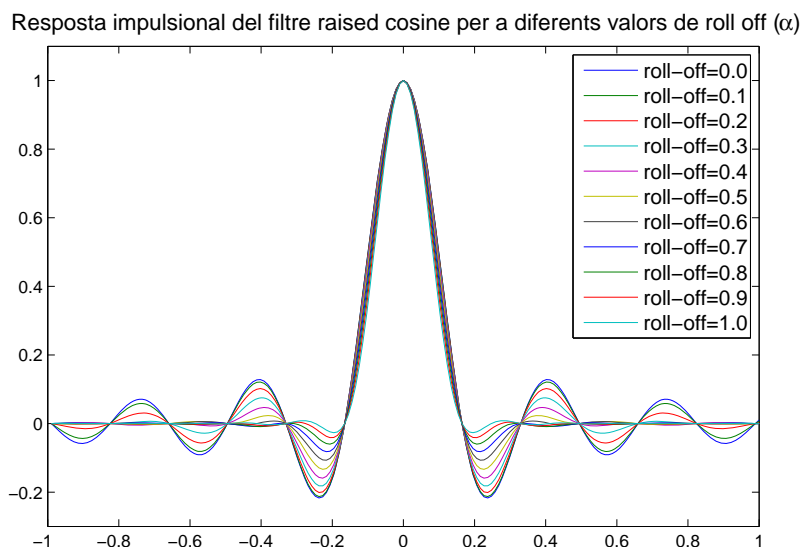


Figura 5.34: Resposta impulsional d'un *raised cosine* per diferents valors d' $\alpha$ . L'eix de les abscisses està normalitzat de tal manera que els extrems de la gràfica siguin unitaris, però cada un dels passos per zero correspon a una distància sencera de  $T_c$ .

Quan els valors de *roll-off* són baixos, propers a zero, la resposta en freqüència s'aproxima a un pols rectangular perfecte, centrat en zero i d'amplada de banda  $\frac{1}{2T_c}$ . Però la realitat és que per intentar aconseguir un pols perfecte, el que s'aconsegueix és una arrissada a la banda de pas força destacada. La visió corresponent en temps és una *sinc* amb uns lòbuls laterals molt pronunciats fet que pot afectar de forma clara a l'aparició d'interferència entre xips quan el sincronisme no és l'adequat, malgrat just en els múltiples sencers del temps de símbol hi ha els passos per zero. En canvi, quan els valors de *roll-off* són alts, propers a la unitat, la resposta en freqüència forma una corba centrada en zero, i que té una amplada de banda de la freqüència de tall d' $\frac{1}{T_c}$ . La visió temporal d'aquest cas és una *sinc* amb uns lòbuls laterals molt més atenuats, que produirien menys interferència entre xips per a sincronismes no adequats.

Resp. en freqüència del filtre raised cosine per a diferents valors de roll off ( $\alpha$ )

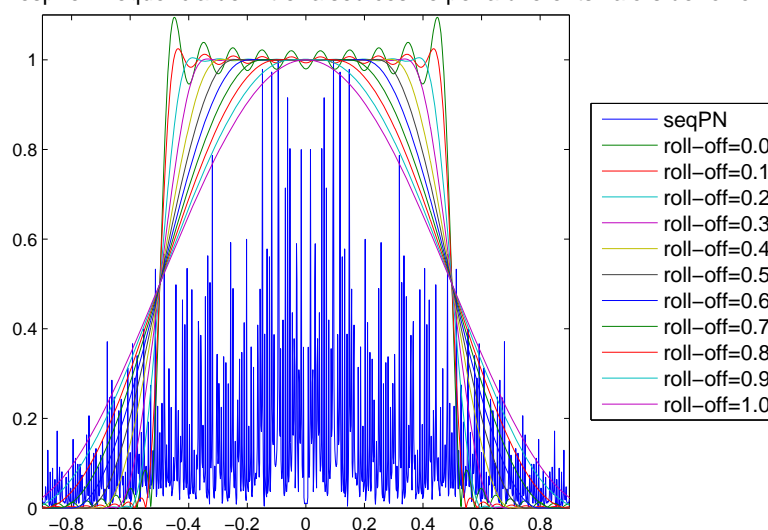


Figura 5.35: Resposta en freqüència d'un *raised cosine* per diferents valors d' $\alpha$ . La gràfica que es mostra està normalitzada, però la freqüència de tall fixada a 0.5 correspon just a  $\frac{1}{2T_c}$

És per això que cal escollir un valor de *roll-off* elevat, més proper a la unitat que no pas al zero, per tal que la interferència intersimbòlica sigui mínima en el senyal temporal, i alhora, que no eixampli excessivament l'espectre del senyal a enviar. A continuació s'adjunta una taula comparativa amb mesures (veure taula 5.3 i figura 5.36), tant d'amplitud del lòbul secundari lateral del senyal temporal (per mesurar la possible interferència per seqüències desincronitzades), com d'amplada de banda de transició normalitzada, mesurada des del punt 0.5 comú per a tots els amples de banda, fins al seu següent pas per zero.



Taula 5.3: Valors d' $\alpha$  que optimitzen la relació entre ample de banda i el lòbul lateral

roll-off ( $\alpha$ )	Mesures sobre	
	<i>raised cosine</i>	Banda de transició
0.0	0.2172	0.0300
0.1	0.2130	0.0476
0.2	0.2009	0.0971
0.3	0.1817	0.1482
0.4	0.1593	0.1977
0.5	0.1334	0.2472
0.6	0.1070	0.2966
0.7	0.0821	0.3477
0.8	0.0600	0.3972
0.9	0.0409	0.4483
1.0	0.0267	0.4962

Malgrat tot, el més raonable és observar com es comporten els diferents tipus de filtre de *raised cosine* en funció del *roll off* associat. És per això que s'ha provat la seva eficàcia en els entorns de simulació ja descrits a l'apartat 2.5.2. S'han fet dues proves: una usant filtre antialiasing a l'estructura multiresolutiva, el dissenyat a l'apartat 5.4.1, i l'altre sense usar-lo, malgrat assumir que l'estructura funcionarà pitjor sense baixar el nivell de soroll i interferència a altes freqüències. El motiu de la doble prova és perquè el filtrat passabaixes a nivell de xip afecta també a la minimització de la interferència entre xips, i per tant, convé poder fer la valoració amb i sense aquest filtre.

### Resultats per al cas de no usar filtre passabaixes (antialiasing)

El primer cas que es planteja a nivell de resultats és la simulació de l'estructura multiresolutiva amb els polsos d'informació conformats usant *raised cosine*. L'elecció del *roll-off* del *raised cosine* afecta clarament a l'eixamplament freqüencial del senyal; és per això que té sentit realitzar les mesures amb i sense filtre antialiasing, puix que els resultats seran diferents. Del coneixement d'ambdós resultats se'n podrà concloure quin és el millor valor de *roll-off* per a les característiques que es necessiten. En aquest cas es fixen els paràmetres ja ajustats a l'estructura multiresolutiva, i es simularà el comportament d'aquesta assumint que  $\mu = 0.001$  i que  $\beta = 0.001$ .

A la figura 5.37 s'observa com el % de temps d'adquisició per a tots quatre escenaris

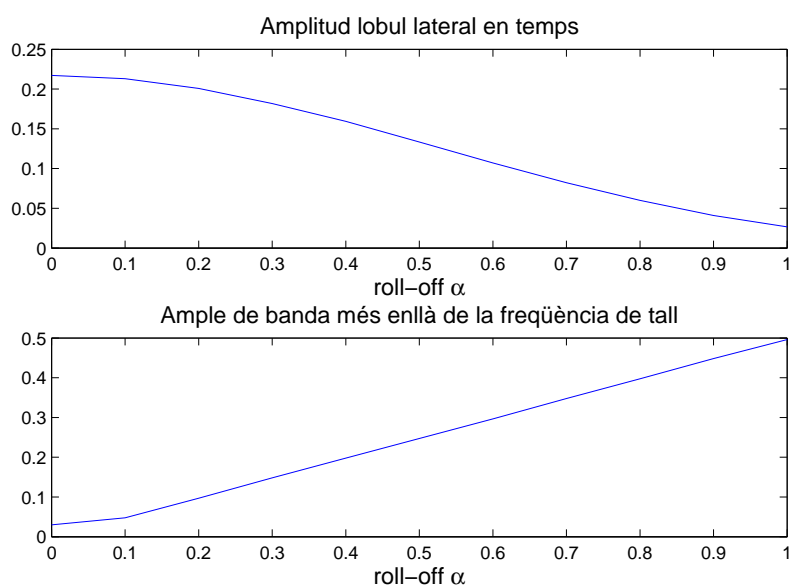


Figura 5.36: Discussió del valor d' $\alpha$  del *raised cosine* en funció de la desviació de l'ample de banda i de l'amplitud del lòbul lateral en temps

és dolent a partir de valors de SNR per sota dels -20dB. Això és a causa del fet que no disposa de filtre passabaixes, per tant, l'afectació del soroll és molt superior per a potències de soroll menors. Cal tenir en compte que en el procés d'adquisició hi haurà aliasing en aquest cas, puix que s'ha desactivat el filtre. La contaminació espectral és major, doncs, perquè el *raised cosine* augmenta l'eixamplament freqüencial, malgrat que la degradació no és molt significativa.

A la figura 5.38 s'observa la diferent evolució del temps total que roman adquirit l'estructura multiresolutiva; els resultats són afins als que s'han observat a la figura 5.37.

Finalment, a la figura 5.39, es reflecteix el nombre de vegades que s'adquireix durant un sol paquet de dades. S'observa com per a bones relacions SNR l'adquisició és única; la zona intermitja el sistema s'adquireix diverses vegades, i finalment, per a relacions SNR dolentes, no s'adquireix.

De les figures anteriors se'n dedueix que, malgrat no hi ha diferències molt significatives, hi ha dues bones zones de treball: per una banda, el valor  $\alpha \in [0.2, 0.3]$ , i un altre rang, amb  $\alpha \in [0.8, 0.9]$ . Aquestes millores s'observen per el seu comportament més encertat especialment en entorns hostils, com amb SNR dolentes o amb escenaris més complicats (com són l'*escenari 2* i l'*escenari 3*). Tal i com es detalla pels resultats de la figura 5.37, l'estabilitat de l'adquisició fa que un bon sistema sigui aquell que, davant d'una desadquisició,

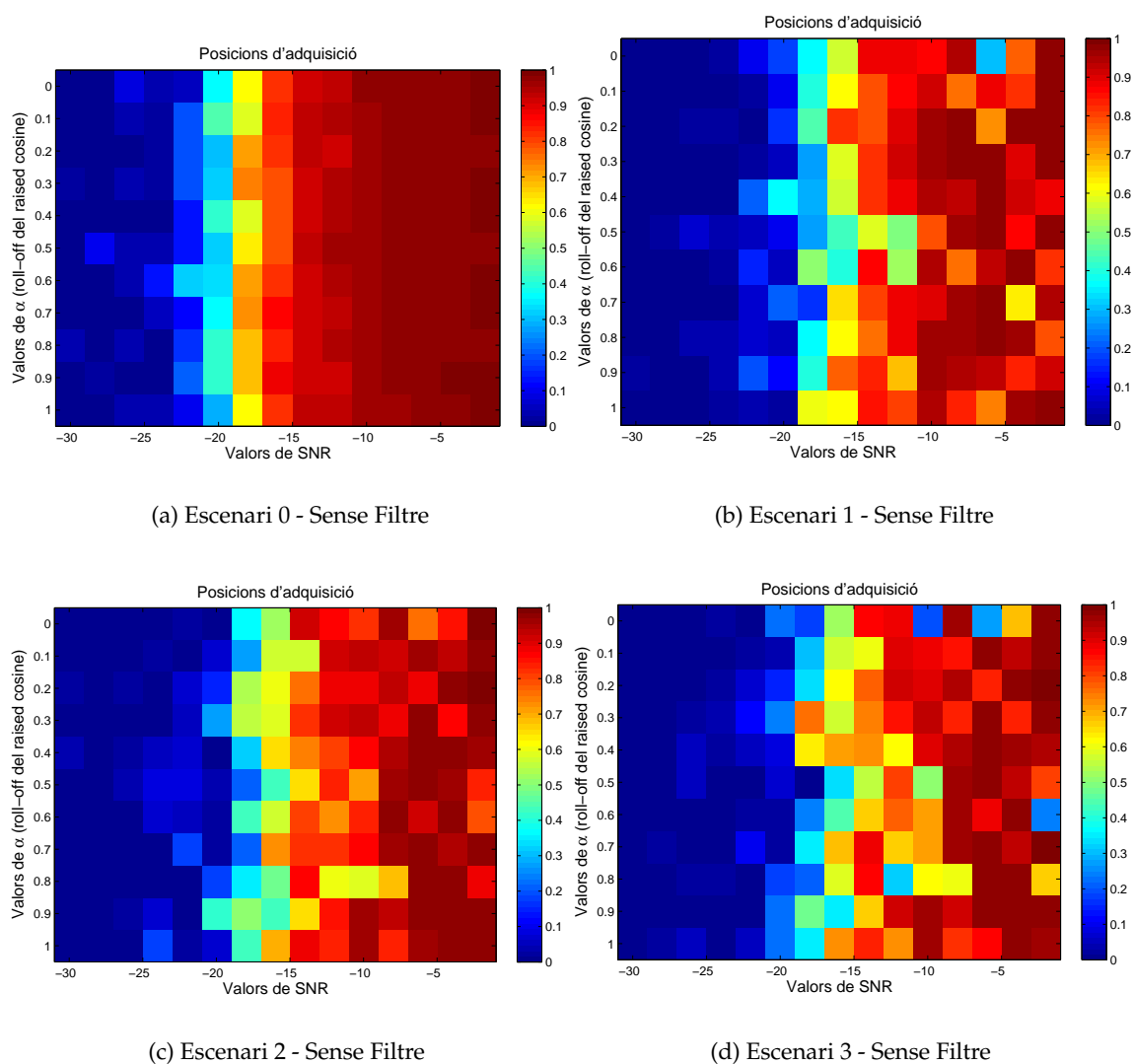
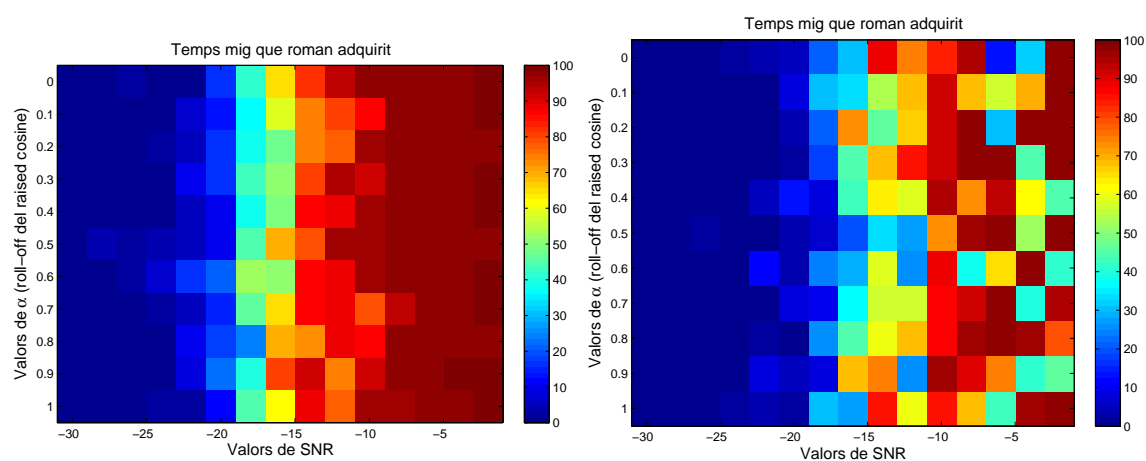
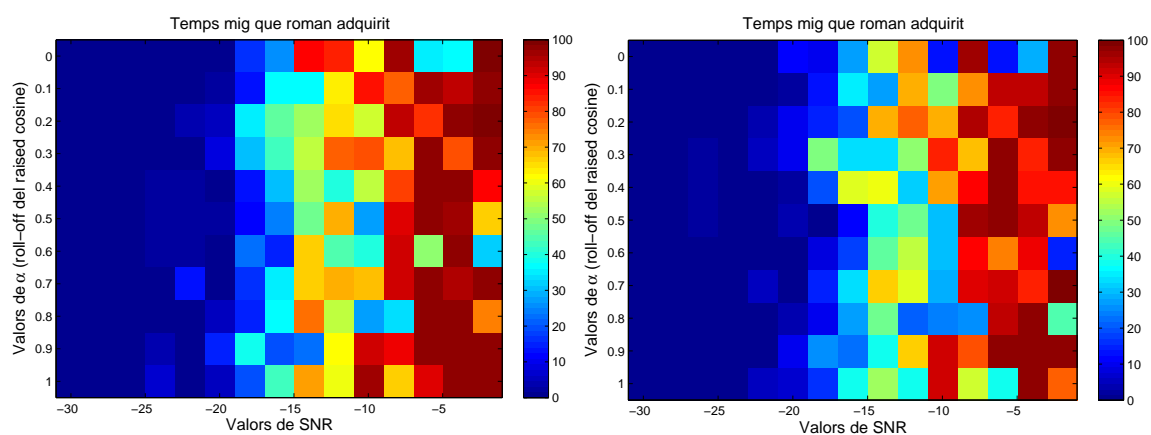


Figura 5.37: Probabilitat d'adquisició correcta del sistema amb adquisició i *tracking* amb els paràmetres  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Gràfiques corresponents als quatre escenaris variant el valor del roll-off del *raised cosine*



(a) Escenari 0 - Sense Filtre

(b) Escenari 1 - Sense Filtre



(c) Escenari 2 - Sense Filtre

(d) Escenari 3 - Sense Filtre

Figura 5.38: *Temps mitjà que roman adquirit* del sistema amb adquisició i *tracking* amb els paràmetres  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Gràfiques corresponents als quatre escenaris variant el valor del *roll-off* del *raised cosine*. El resultat es presenta en tant per cent % sobre el total del temps simulat.

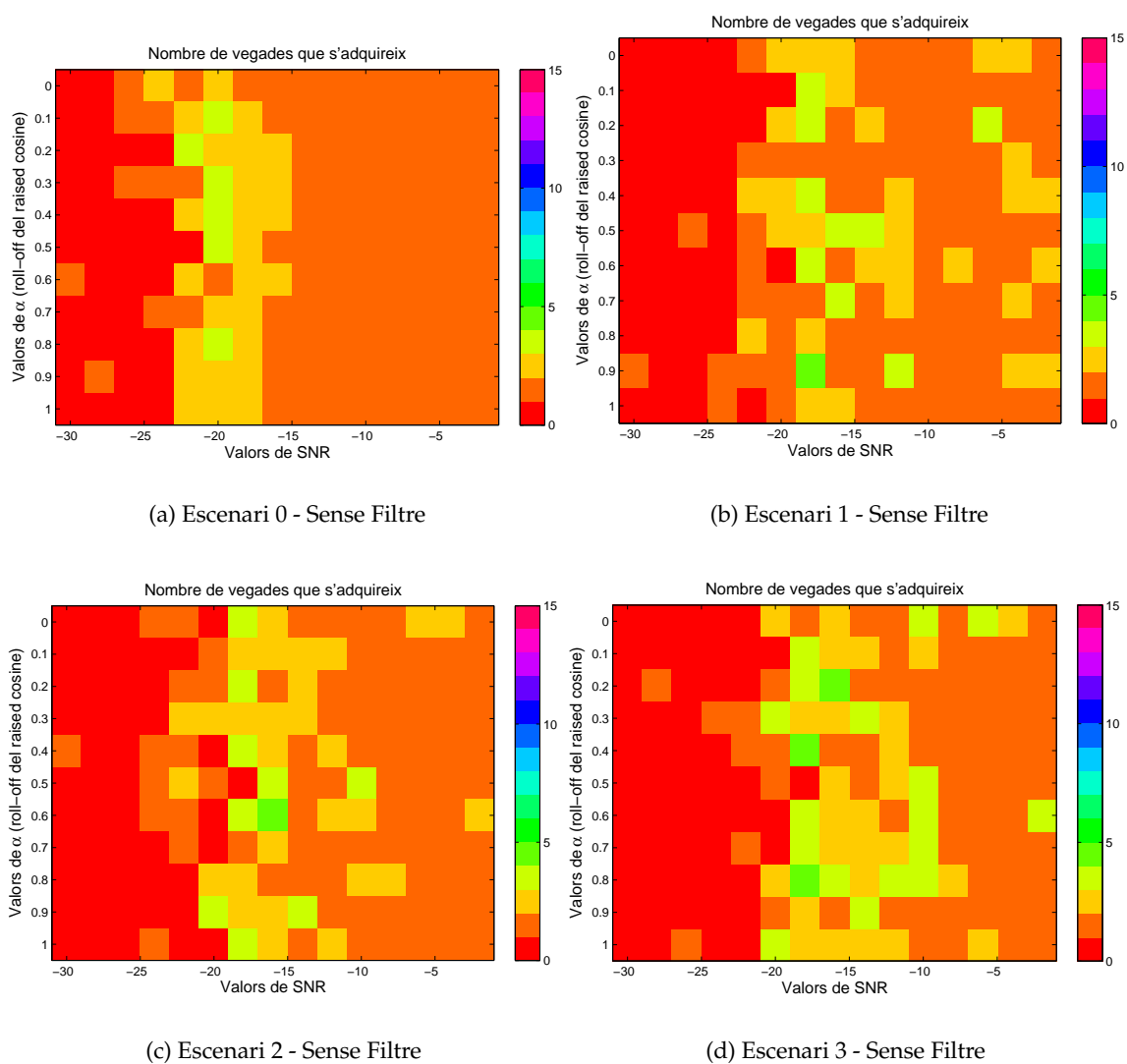


Figura 5.39: *Nombre de vegades que s'adquireix* del sistema amb adquisició i *tracking* amb els paràmetres  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Gràfiques corresponents als quatre escenaris variant el valor del *roll-off* del *raised cosine*

es readquireixi una altra vegada. En aquest sentit, dels dos trams de valors d' $\alpha$  comentats, el millor és el tram  $\alpha \in [0.8, 0.9]$ . Són els valors d' $\alpha$  que fan que el sistema es readquireixi menys vegades davant d'una pèrdua d'adquisició. Això s'observa també clarament en la figura 5.40, on s'observa com al voltant d'aquests valors el temps que triga a adquirir-se és menor i el temps que roman adquirit és major.

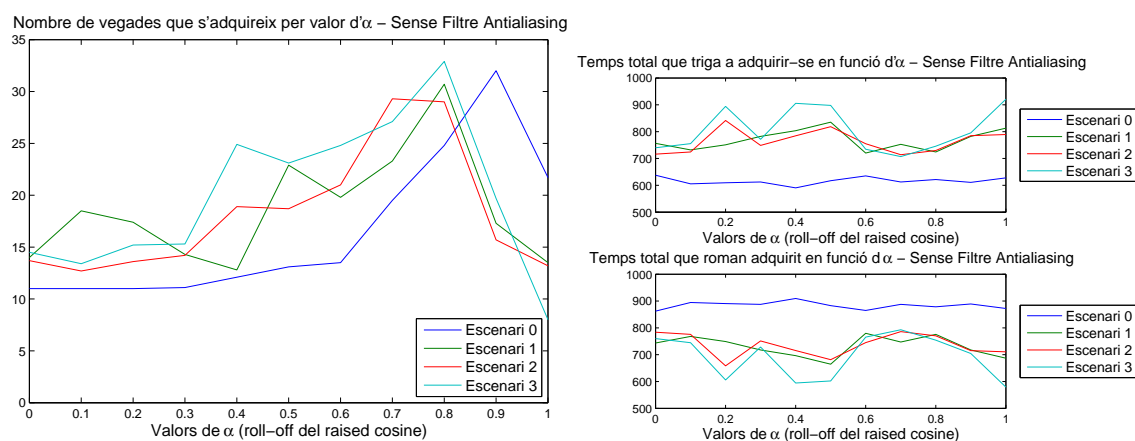


Figura 5.40: Comparativa de vegades que s'adquireix en funció d' $\alpha$  i per a tots els valors de SNR amitjanats sense usar filtre antialiasing

Caldrà validar, però, aquests resultats amb l'estructura real, que és la que disposa de filtre passabaixes que actua d'antialiasing.

### Resultats per al cas d'ús de filtre passabaixes (antialiasing)

A continuació es detallen els resultats homòlegs als presentats a l'apartat anterior, però usant el filtre passabaixes detallat a l'apartat 5.4.1. Finalment es podrà concloure quin és el millor valor de *roll-off* per a les característiques que es necessiten.

A la figura 5.41 s'observa com la probabilitat d'adquisició correcta per a tots quatre escenaris és dolent a partir de valors de SNR del voltant de -26dB; malgrat tot, la diferència entre escenaris en aquest cas és molt més gran que no pas en el cas de no usar filtre antialiasing. Les condicions per a l'estructura multiresolutiva són millors, perquè el filtre passabaixes elimina la major part del soroll i interferències que podria esdevenir aliasing, i per tant, hi ha una diferència més gran entre els escenaris d'adquisició més senzilla (l'*escenari*

0 i l'escenari 1) i els més complexos (l'escenari 2 i l'escenari 3).

A la figura 5.42 s'observa la diferent evolució del temps mitjà que roman adquirit, en comparació amb el seu homòleg sense filtre (veure figura 5.38). És una gràfica de resultats inestables; malgrat tot, cal tenir present que es tracta d'una mitjana, per tant, tan sols una desadquisició ja penalitza molt els resultats. Si el sistema s'adquireix força vegades, doncs, la penalització és molt gran.

Finalment, a la figura 5.43, s'observa, però, que el nombre de vegades que s'adquireix i es readquireix, especialment a l'escenari 2 i l'escenari 3 és menor que el que s'observava a la figura 5.39.

Les figures 5.41, 5.42 i 5.43 mostren un comportament millor de l'estructura multiresolutiva que els resultats observats a les figures 5.37, 5.38 i 5.39, que presentaven resultats sense filtre antialiasing. Els comportaments entre escenaris i per diferents valors de *roll-off* són força similars, i molt més estables que els casos presentats on no s'usava filtre antialiasing. Malgrat tot, a la figura 5.43, s'observa que per a tots els 4 escenaris, el *roll-off* que minimitza el nombre d'adquisicions (perquè es manté adquirit) són els valors d' $\alpha \in [0.7, 0.8]$ . S'observa amb claredat a la figura 5.44, on es contrasta clarament que al voltant d'aquests valors d' $\alpha$  el sistema roman més temps adquirit i triga menys temps a adquirir-se.

### Valoració final

El valor de *roll-off* escollit al final serà de 0.8; s'ha buscat un terme mig entre l'amplitud dels lòbuls laterals del pols temporal, que interessa que sigui molt baixa (per tant, l'ideal seria un valor d' $\alpha = 1$ ) i alhora caldria minimitzar l'eixamplament de l'espectre, per tant, l'ideal seria un valor d' $\alpha = 0$ , però aquest té molta arrissada a la banda de pas. Per tant, si es vol minimitzar l'arrissada a la banda de pas, cal pujar el valor d' $\alpha$ , i així també convé un valor que s'aproximi més als que minimitzen els lòbuls laterals. A la figura 5.36 s'observa que l'ample de banda es mou de forma força lineal amb el valor del *roll-off*, però l'amplitud del lòbul lateral no és tant lineal. D'altra banda, després de fer els estudis corresponents sense filtre antialiasing i amb filtre antialiasing, i d'observar que els entorns d' $\alpha = 0.3$  i d' $\alpha = 0.8$  es comporten millor en el cas de no tenir filtre antialiasing; si per contra, s'hi incorpora el filtre antialiasing, el comportament s'uniformitza, i s'acaba decidint per l'estabilitat, en funció de la figura 5.44; els entorns del valor  $\alpha = 0.8$  són els més estables. La síntesi dels resultats presentats mostren una lleugera fiabilitat més gran al voltant d'aquest valor; malgrat tot, i especialment en el cas d'usar filtre antialiasing, aquesta millora és lleu, tan sols per donar suport a la decisió presa.

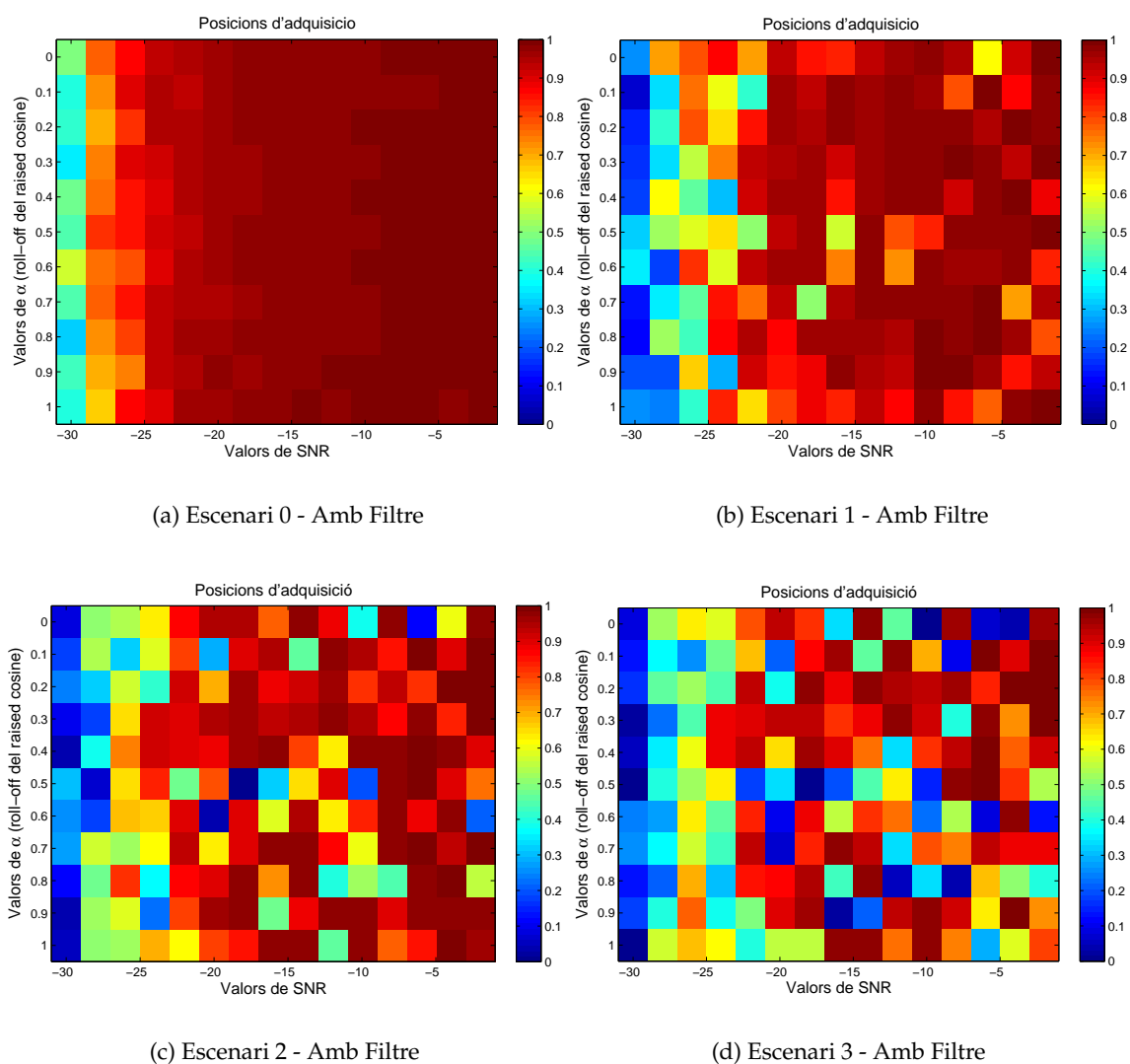


Figura 5.41: Probabilitat d'adquisició correcta amb el sistema d'adquisició i de *tracking* amb els paràmetres  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Gràfiques corresponents als quatre escenaris variant el valor del roll-off del raised cosine



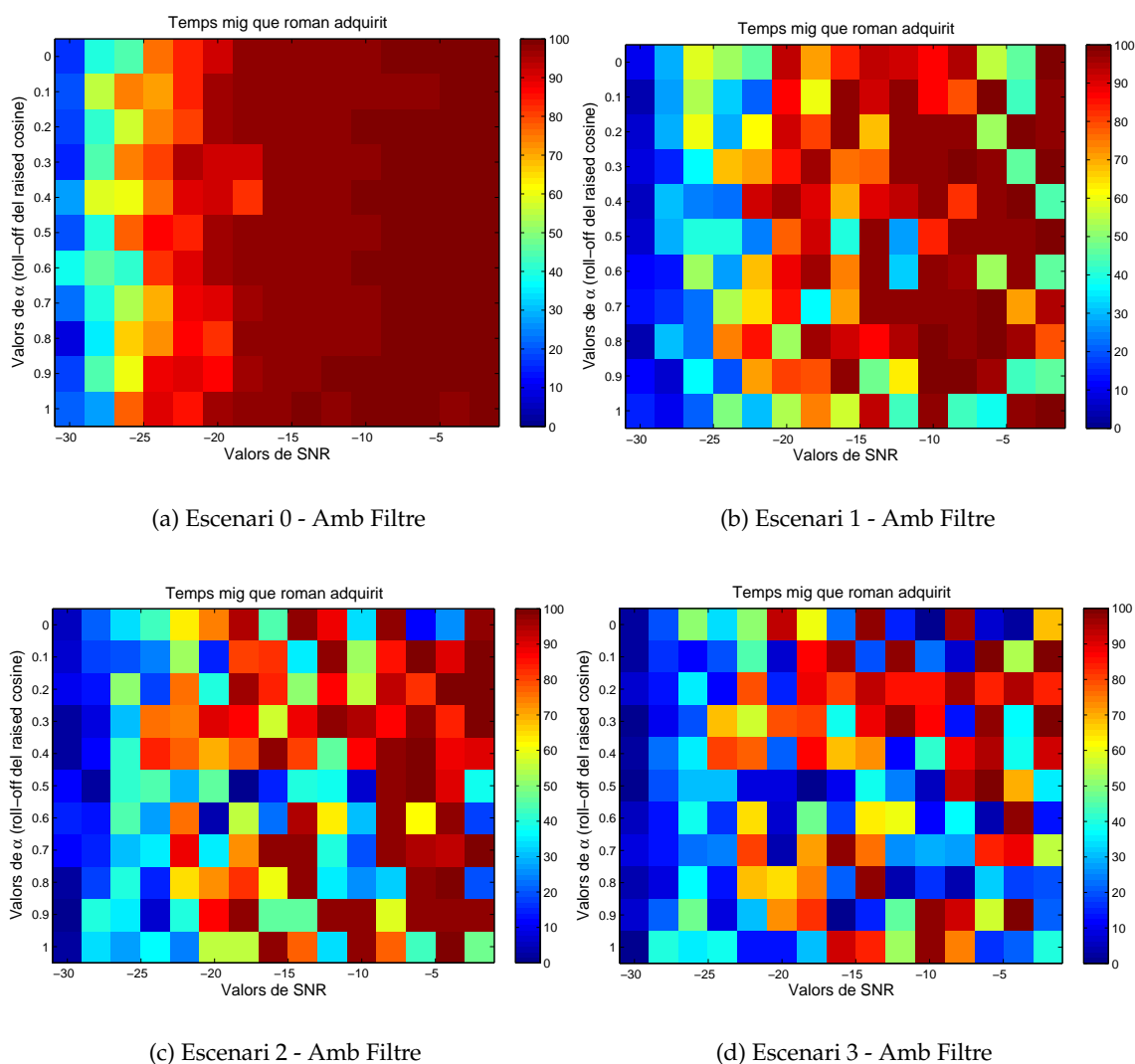


Figura 5.42: *Temps mitjà que roman adquirit* amb el sistema d'adquisició i *tracking* amb els paràmetres  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Gràfiques corresponents als quatre escenaris variant el valor del *roll-off* del *raised cosine*. El resultat es presenta en tant per cent % sobre el total del temps simulat.

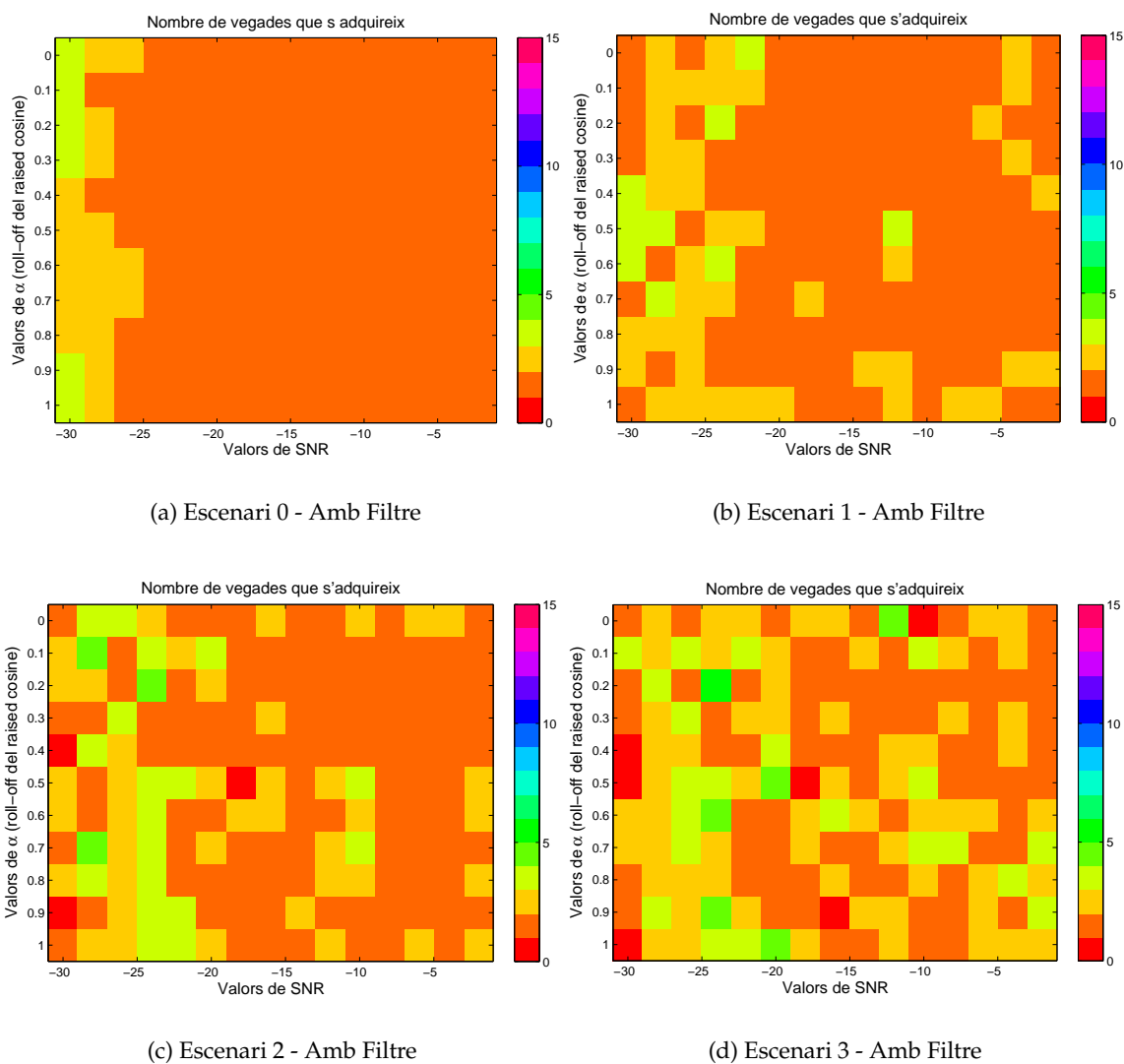


Figura 5.43: *Nombre de vegades que s'adquireix* del sistema amb adquisició i *tracking* amb els paràmetres  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Gràfiques corresponents als quatre escenaris variant el valor del *roll-off* del *raised cosine*

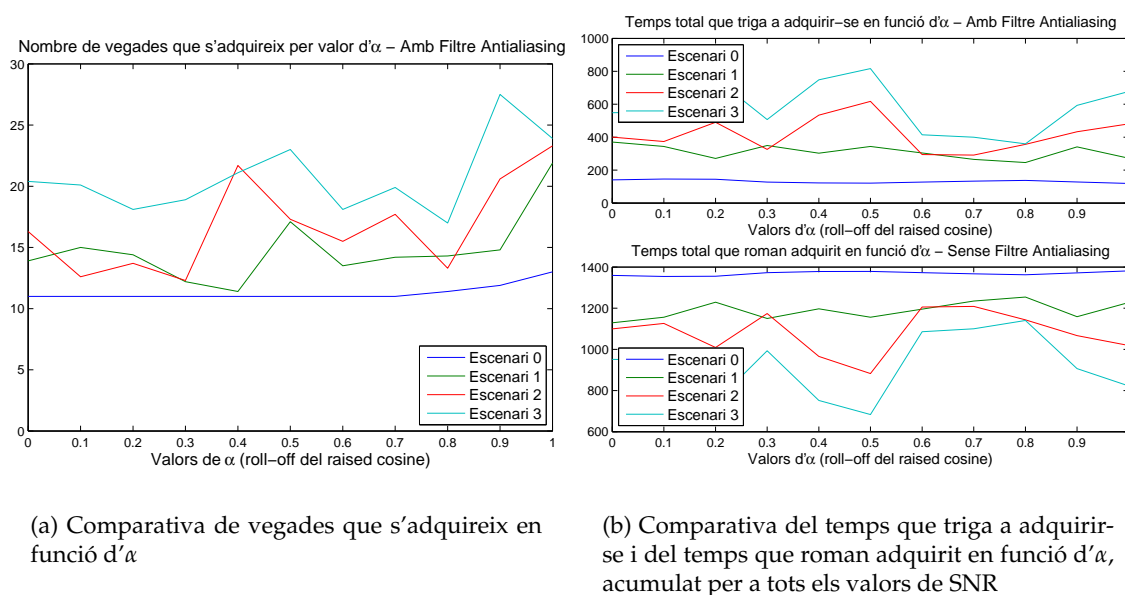


Figura 5.44: Comparativa del nombre de vegades que s'adquireix en funció d' $\alpha$  i per a tots els valors de SNR amittjanats usant filtre antialiasing

## 5.10 Resultats comparatius de les millores realitzades

Per tal de demostrar les millores realitzades a l'estructura multiresolutiva proposada per Moran a [Mor01], i alhora, per valorar la qualitat de l'adquisició de l'estructura multiresolutiva amb les millores aplicades, en aquest apartat es realitzen proves comparatives de funcionament de la proposta que realitza aquest treball de tesi amb la proposta original detallada a l'apartat 4.2.2. D'ara en endavant i per millorar la comprensió, l'estructura multiresolutiva original s'anomenarà o bé *proposta original* o bé en algunes gràfiques *cas MORAN*, així com l'estructura multiresolutiva millorada s'anomenarà *estructura millorada* o bé en algunes gràfiques *cas RALSINA*.

Malgrat que les proves es realitzaran sobre escenaris tant d'un sol camí com multicamí, en les contribucions detallades no s'ha parlat encara de com es realitza la detecció i de com s'aprofita per a la desmodulació la informació provinent de l'aprofitament de la diversitat multicamí. Caldrà tenir en compte, doncs, que tots els resultats, tant en dades simulades com en dades reals, es presentaran considerant només el camí principal de recepció. Deixant a banda els resultats, tant en un entorn simulat com en un entorn real, que es presenten a continuació, a l'apèndix J es fa una breu comparativa de costos computacionals, tant de l'estructura original de Moran [Mor01], com de la proposta millorada actual (Ral-

sina), com també de la correlació [LG94], que es presenta com a referència d'adquisició en entorns de dades reals.

### 5.10.1 Mesura de la qualitat dels resultats

Abans de plantejar les proves realitzades i de presentar figures de mèrit per a cada estructura d'adquisició, cal aclarir com han estat realitzades les mesures de qualitat en aquest treball de tesi. Aquesta mecànica ha estat aplicada tant en aquest capítol, com també en el capítol 6 com el capítol 7, en les respectives avaluacions de resultats.

En el cas de tractar-se de dades procedents de simulació, per tal de discriminar si el sistema està adquirit es realitza la diferència següent:

$$|\hat{\tau} - \tau_{FA}| < \frac{T_c}{2} \quad (5.17)$$

on  $\hat{\tau}$  és el retard del camí d'interès que proporciona la pròpia simulació, i  $\tau_{FA}$  és el retard que proporciona el sistema de filtres adaptatius que convergeixen en l'estructura multiresolutiva.

En el cas de tractar-se de dades reals, es considerarà la millor aproximació possible aquella que vingui proporcionada pel correlador, puix que s'ha demostrat que és el millor sistema d'adquisició possible (veure [YKH06, YCH08]). El que es mesura llavors és el següent:

$$|\hat{\tau}_c - \tau_{FA}| < \frac{T_c}{2} \quad (5.18)$$

on  $\hat{\tau}_c$  és el retard del camí d'interès que proporciona la correlació. Un cop declarada l'adquisició - si es dóna el cas -, es prenen tota la resta de mesures: posició de *tracking*, temps que triga a adquirir-se, temps que roman adquirit i nombre de vegades que s'adquireix.

### 5.10.2 Comparativa de l'estructura multiresolutiva respecte a la proposta de Moran [Mor01] en dades simulades

En primer lloc, es realitzen unes proves senzilles d'adquisició en els quatre escenaris abans comentats (veure apartat 2.5.2), comparant la resposta que dóna el sistema proposat per Moran [Mor01] i el mateix sistema incorporant totes les millores descrites en aquest apartat.

Les simulacions que es presenten a continuació usen seqüències PN Gold de longitud 127 [Gol68], i han estat provades amb paquets de dades breus (de longitud 100 símbols)

i amb paquets de dades més llargs (de longitud 600 símbols). Les proves realitzades mesuren % d'adquisició i de *tracking*, el temps que triga a adquirir-se i el temps que roman adquirit, i el nombre de vegades que s'adquireix.

Els valors dels paràmetres d'aprenentatge  $\mu$  i  $\beta$  dels filtres adaptatius de l'estructura s'han escollit en la mitjana dels intervals que s'ha calculat en l'apartat 5.5.1 i 5.6.2 respectivament; els valors han estat  $\mu = 0.001$  i  $\beta = 0.001$ .

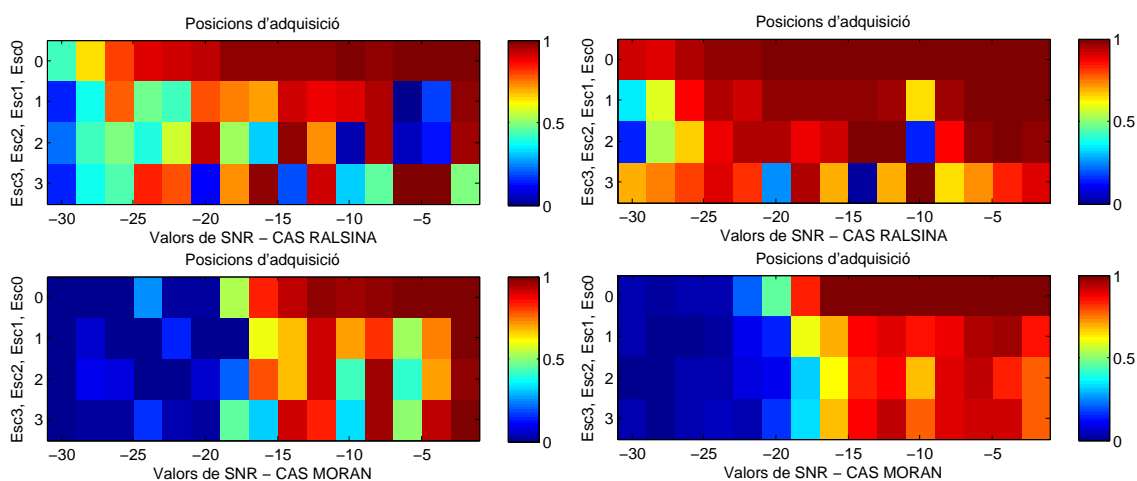
Cal dir que en l'annex D s'analitza amb més detall el canvi en els resultats des de l'estructura multiresolutiva de Moran com a punt de partida [Mor01], fins a l'estructura multiresolutiva millorada obtinguda al final d'aquest capítol. Amb l'objectiu d'alienar els resultats de les diferències del control implementat en cada cas - en l'estructura de Moran [Mor01] hi ha un control d'estabilitat, i en l'estructura multiresolutiva millorada hi ha un control difús - aquestes proves han estat realitzades en igualtat de condicions en aquest sentit.

### Resultats en funció dels % d'adquisició i *tracking*

A la figura 5.45 s'observen els resultats per % d'adquisició i de *tracking* pel cas de la simulació breu de 100 símbols i per la simulació de 600 símbols. L'eix vertical de cada gràfica mostra els resultats per a cada escenari possible (escenari 0 (Esc0) a la part superior, a l'escenari 3 (Esc3) a la part inferior). La comparativa de gràfiques deixa clar que les millores realitzades en la convergència de l'estructura multiresolutiva presentada per Moran [Mor01] milloren substancialment l'encert en l'adquisició i el *tracking* per a relacions SNR pitjors i també per a pitjors condicions de canal; només cal veure el mal funcionament de l'estructura multiresolutiva [Mor01] en l'*escenari 3*, per exemple. La diferència de funcionament entre les simulacions de longitud 100 i les simulacions de longitud 600 és que aquestes segones, pel fet de tenir un temps de simulació més llarg, presenten uns resultats més estables, i en general, substancialment millors que els de 100. Cal tenir clar que tots els temps de transitori tant si la simulació és llarga o curta és el mateix, i està clar que si la longitud de simulació és menor, el temps d'adaptació és més gran proporcionalment.

### Resultats en funció dels temps: el que triga a adquirir-se i el que roman adquirit

A la figura 5.46 s'observen els resultats en termes de temps per a una longitud de 100 símbols i per a una longitud de 600 símbols. En el cas dels resultats de la millora de l'estructura multiresolutiva, s'observa com, malgrat que de forma irregular per la poca longitud de les dades, el temps que triga en adquirir-se és baix a excepció de les pitjors



(a) LONGITUD 100: Posició d'adquisició en el lloc correcte

(b) LONGITUD 600: Posició d'adquisició en el lloc correcte

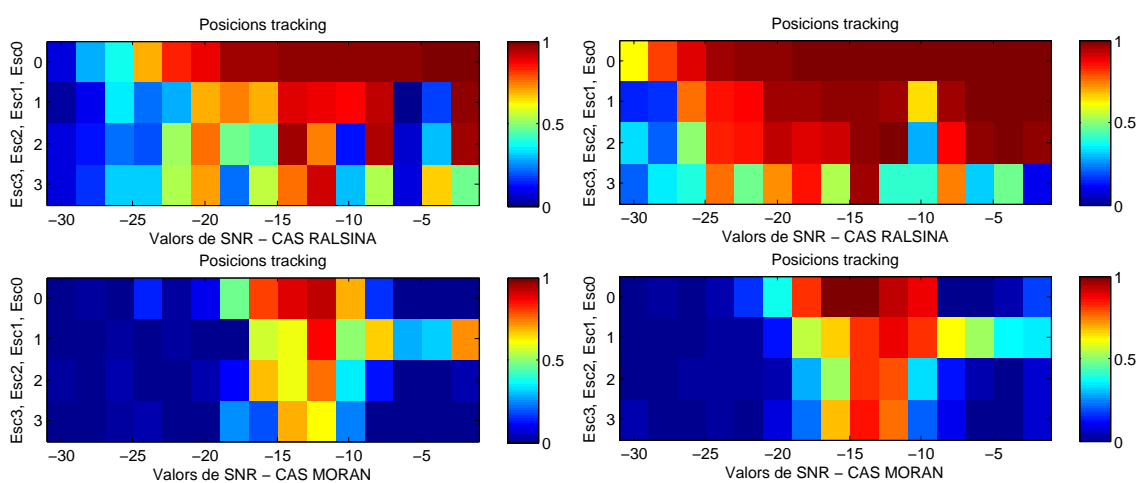
(c) LONGITUD 100: Posició de *tracking* en el lloc correcte(d) LONGITUD 600: Posició de *tracking* en el lloc correcte

Figura 5.45: *Sistema millorat vs. Sistema original [Mor01]*  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Per a cada gràfica es mostren els resultats corresponents als quatre escenaris (començant per la part superior en l'escenari 0, i finalment a baix l'escenari 3), respecte a les probabilitats d'estar en les posicions d'adquisició i de *tracking* correctes.

condicions (Esc2 i Esc3), i el temps que roman adquirit és alt. Per contra, al segon dels resultats, que és l'estructura multiresolutiva de Moran [Mor01], els temps són pitjors per a SNR millors, més properes a valors positius. La millora en aquest cas ha estat clara també. En la comparativa de temps l'estabilitat de la simulació més llarga és encara més evident, puix que un cop l'estructura està adquirida, pot romandre adquirida durant tota la simulació. El temps d'adquisició és menor respecte al temps total, però per contra, hi ha més possibilitat d'adquisició com es pot observar a la figura 5.46.d; a la seva gràfica homòloga però amb menys longitud (5.46.c), hi ha més casos en que no s'arriba a adquirir mai.

### Resultats en funció de l'estabilitat

Finalment, analitzem el nombre de vegades que l'estructura s'adquireix. A la figura 5.47 s'observa en primer lloc com el sistema amb les millores proposat en aquest capítol provoca que l'estructura s'adquireixi amb molta més facilitat que no pas l'estructura proposada en [Mor01]. Cal pensar que el millor sistema no és el que s'adquireix més vegades, sinó el que es desadquireix en menys ocasions, sempre i quan l'adquisició inicial s'hagi realitzat correctament.

### 5.10.3 Comparativa de l'estructura multiresolutiva respecte a la proposta de Moran [Mor01] en dades reals

A continuació s'exposaran els resultats del funcionament de l'estructura multiresolutiva en comparació amb la proposta prèvia de Moran [Mor01] usant dades reals. Els resultats que es presentaran a continuació han estat obtinguts de l'anàlisi de les dades transmises en el canal ionosfèric des de l'Antàrtida a Roquetes en els mesos de gener i febrer de l'any 2008, amb els paràmetres de transmissió següents:

- Marge de freqüències usat: [7, 10]MHz, malgrat que en la campanya s'usaren freqüències en el marge [6, 16]MHz
- Hora de transmissió: entre les 23UTC i les 6UTC
- Nombre de mostres per xip en recepció de 16, amb una freqüència de mostreig de 50kHz
- Transmissió d'un sol usuari (1 seqüència PN)

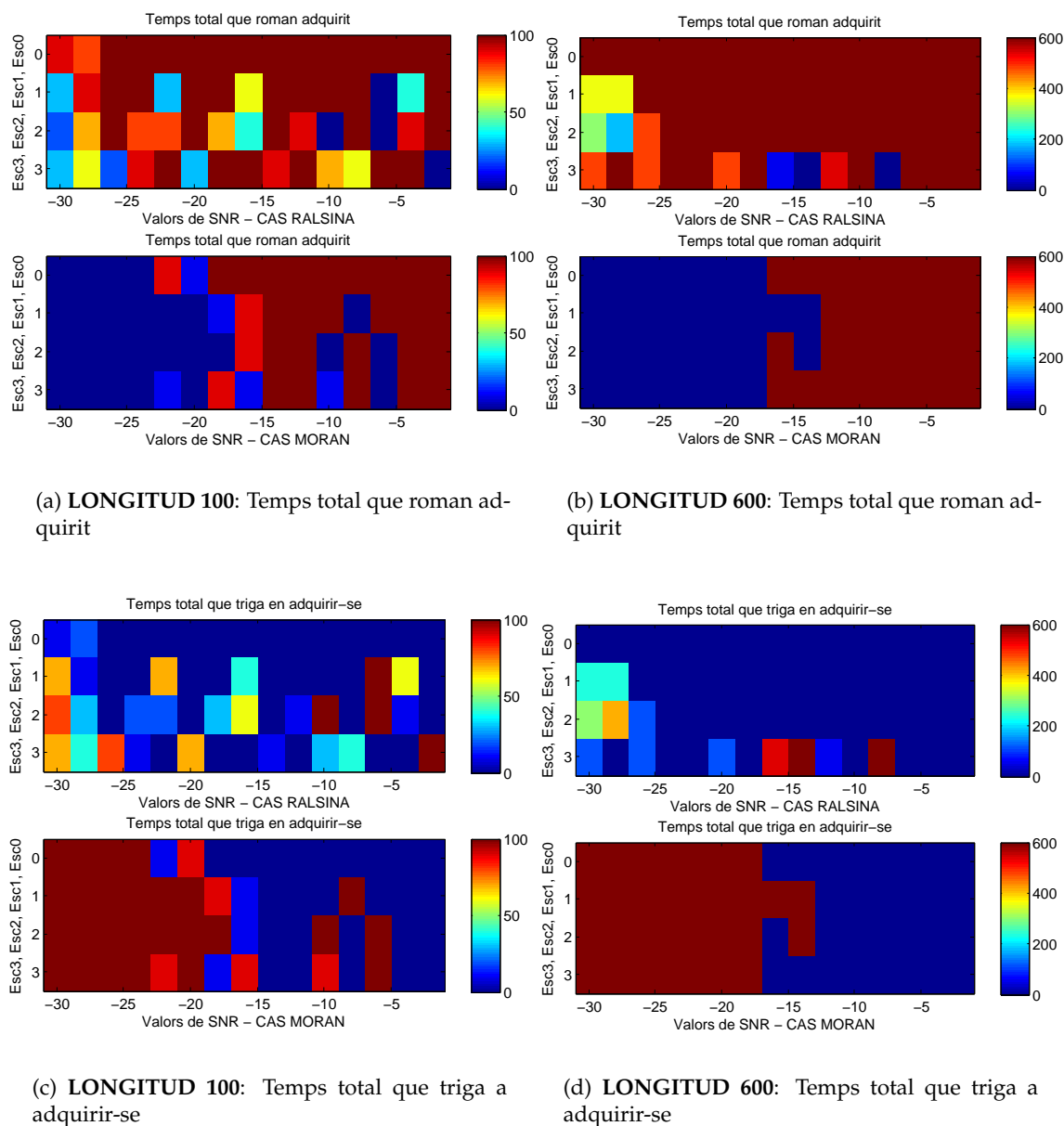
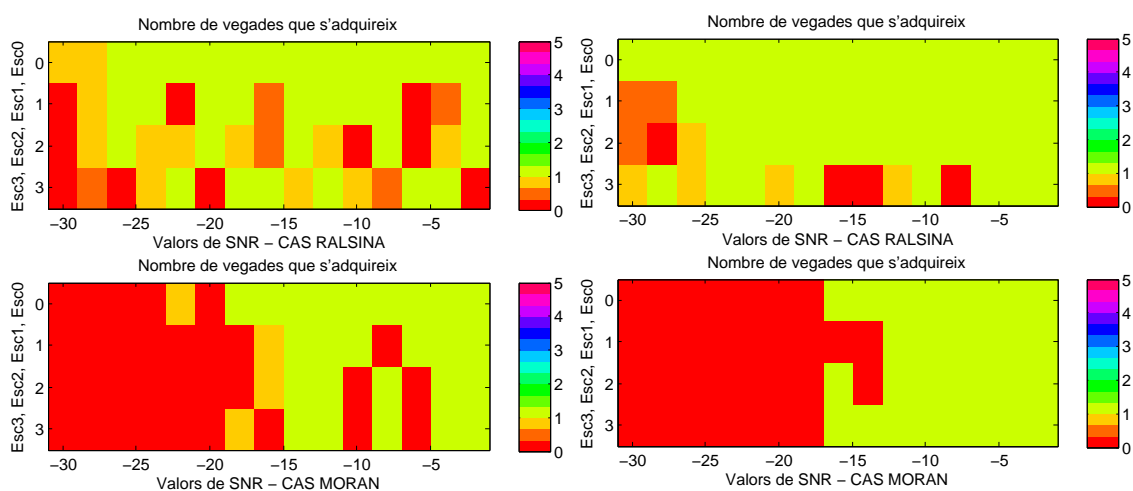


Figura 5.46: *Sistema millorat vs. Sistema original* [Mor01]  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Per a cada gràfica es mostren els resultats corresponents als quatre escenaris (començant per la part superior en l'escenari 0, i finalment a baix l'escenari 3), respecte als temps d'adquisició i als temps que roman adquirit. Aquest resultat de temps es presenta en tant per cent % sobre el temps total de simulació.





(a) LONGITUD 100: Nombre de vegades que s'adquireix

(b) LONGITUD 600: Nombre de vegades que s'adquireix

Figura 5.47: *Sistema millorat vs. Sistema original [Mor01]*  $\mu = 0.001$ ,  $\beta = 0.001$ : Per a cada gràfica es mostren els resultats corresponents als quatre escenaris (començant per la part superior en l'escenari 0, i finalment a baix l'escenari 3), respecte al nombre de vegades que s'adquireix

- Seqüència PN Gold de longitud 127 xips
- El valor de  $M$  és de 4, per tant, les dades a tractar per a cada un dels subfiltres queden de 32 mostres

Es disposa de 70 blocs d'informació transmesos segons els paràmetres anteriors. Cada un d'aquests blocs consta de la transmissió d'uns 300 símbols, malgrat que els blocs de dades analitzats superen els 400 símbols. Tal i com s'observarà més endavant a les matrius de canal, la transmissió comença al voltant de 100 símbols un cop ha començat el fitxer, per necessitats del *software* del transmissor. En alguns casos, tal i com s'observarà a continuació, la diversitat de camins és molt evident, però en d'altres no ho és tant.

Les dues estructures, l'estructura multiresolutiva millorada i l'estructura original [Mor01] han estat provades considerant unes condicions de convergència estàtiques per a totes les proves, fixant-ne els paràmetres d'ajust. Els paràmetres d'aprenentatge dels filtres escollits són, per part de l'estructura millorada (cas RALSINA), els valors de  $\mu = 0.001$  i  $\beta = 0.001$ . En canvi, en el cas de l'estructura original (cas MORAN [Mor01]), els valors que en el seu moment es van escollir van ser  $\mu = 0.3$  i  $\beta = 0.05$ , i també són aquests els que s'han

conservat en les avaluacions de les dades que es presenten a continuació.

D'altra banda, com que les dades són reals, es realitzaran totes les mesures de resultats en aquest apartat en relació amb el resultat que dona la sincronització basada en la mesura de la correlació, perquè s'ha demostrat que és el millor sistema d'adquisició possible (alhora que també el més costós). Per a més detalls sobre la validesa de la correlació com a sistema d'adquisició, veure [YKH06, YCH08]. Una altra de les avaluacions que es realitzen a continuació sobre els blocs de dades reals és el càlcul de la SNR per a cada paquet de dades; aquest càlcul es realitzarà amb un filtrat previ a nivell de temps de xip, de tal forma que només s'avaluï la SNR dins de l'ample de banda del senyal. La mecànica de la operació de càlcul de la SNR està descrita al treball de tesi de Vilella [Vil07].

### Evolució dels filtres adaptatius en l'adquisició

En primer lloc, es mostrarà l'evolució dels diferents filtres adaptatius, tant pel cas de l'estructura multiresolutiva millorada com per la proposta original de Moran [Mor01] en els casos concrets d'alguns dels blocs de dades reals estudiats. Es tracta de quatre escenaris diferents, que malgrat que no pretenen correspondre's amb els escenaris descrits a l'apartat 2.5.2, són representatius dels blocs de dades estudiats.

De cada un dels escenaris, se'n mostren respectivament la matriu de canal<sup>3</sup> i la funció de *scattering*, pel que fa a la descripció de les seves característiques. La matriu de canal és  $|h(t, \tau)|$ , on  $t$  és el temps i  $\tau$  el retard respecte a una referència presa. Pel que fa al funcionament de cada un dels sistemes, se'n mostren tres resultats. En primer lloc, el resultat matricial dels valors dels filtres adaptatius per a tots els símbols estudiats, un cop ja passats pel filtrat *exponential smoothing*, col·locat de la mateixa forma que una matriu de canal (les respostes amitjanades dels filtres  $|h_1(t, \tau)|, \dots, |h_4(t, \tau)|$ , amb els mateixos paràmetres temporals i de retard).

D'altra banda, es mostren també les respostes impulsional dels filtres adaptatius després de l'*exponential smoothing* al llarg del temps, però normalitzant cada una de les respostes impulsional al seu valor màxim (en mòdul) del filtre convergit. Aquestes dades ens permeten observar el comportament dels filtres d'una forma constant, independentment dels valors dels paràmetres de convergència del filtre d'*exponential smoothing*, que en el cas de l'estructura millorada, demora la seva convergència al valor màxim en règim

<sup>3</sup>Entendrem com a matriu de canal la resposta impulsional del canal en un determinat període de temps, normalment avaluada usant la correlació de la seqüència PN en recepció i observant-ne el valor absolut per a tots els símbols transmesos. D'ara en endavant s'usaran indistintament els conceptes matriu de canal i resposta impulsional del canal.

permanent (triga més a aconseguir el valor d'amplitud corresponent al règim permanent). Finalment, es mostren una composició del filtre adaptatiu que dona el màxim (per tant, es tracta d'una matriu composta dels diferents valors de les respostes impulsional dels filtres seleccionats, en funció del que ha convergit en cada moment) i del filtre de *tracking*, en aquest cas, ambdós normalitzats també per a observar-ne millor la evolució independentment de la seva velocitat de convergència al valor en règim permanent. Usant els coeficients dels filtres normalitzats la comparativa entre els dos sistemes és més senzilla, puix que el comportament dels filtres no es veu alterat per la velocitat de convergència escollida (paràmetres  $\mu$  i  $\beta$ ) en cap cas. Cal dir que en les mostres que s'observaran a continuació d'aquests filtres, l'eix horitzontal són els diferents coeficients dels filtres, i en l'eix vertical són els diferents símbols analitzats (en el fons, es tracta d'un eix temporal mesurat en símbols).

**Primer escenari** Aquest primer escenari consta d'un bloc de dades transmès el dia 1 de febrer de 2008, a les 02:08 de la matinada. A la figura 5.48.a s'observa la matriu de canal i en la figura 5.48.c s'hi dibuixa la funció de *scattering*. Es tracta d'un canal multicamí, amb diversos camins en diferents moments clarament marcats. Es veu de forma evident tant en la matriu de canal com en la funció de *scattering*. La distància temporal entre els diferents camins és lleugerament superior als 2ms segons es pot mesurar a la funció de *scattering*. L'inici de les dades es troba en aquest cas al voltant del símbol 80.

D'altra banda, a la figura 5.48.c s'observa el comportament dels coeficients dels quatre filtres adaptatius d'adquisició en l'estructura multiresolutiva millorada. Es veu clarament que el valor mig dels coeficients dels filtres triga en pujar, perquè els paràmetres de convergència són petits. D'altra banda, però, això no treu que s'observin clarament els coeficients dels filtres que convergeixen. Si es compara aquesta figura amb la figura 5.48.f, en el cas de la resposta dels filtres adaptatius per al cas de l'estructura original, és molt clar que el valor mig dels filtres convergeix de forma més ràpida, puix que els paràmetres d'aprenentatge són segurs.

Malgrat aquestes dades, si s'observa les figures 5.48.d i 5.48.g, es mostren els valors dels coeficients dels filtres adaptatius en totes dues estructures normalitzats sempre pel valor del màxim dels quatre filtres per a cada instant temporal (cal observar que l'eix vertical plasma els aproximadament 400 símbols que s'estan avaluant). En aquestes dues gràfiques s'observa clarament que els primers 100 símbols no són de dades. Cap dels filtres adaptatius dels dos sistemes convergeix en aquesta franja. En canvi, a partir dels 100 símbols - aproximadament - el sistema millorat comença a mostrar convergència molt avi-

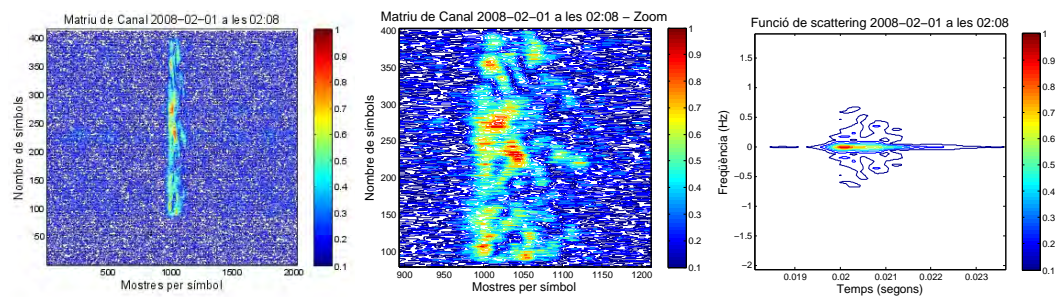
at, i aquesta es manté fins que s'esgoten les dades. El valor màxim, i per tant, el que ens portarà a la posició d'adquisició es dona al valor 30 del filtre adaptatiu. El sistema original, en canvi, no té una convergència clara i estable. És per això que els coeficients dels primers símbols són més sorollosos en l'estructura millorada, i no ho són més en el cas de l'estructura original, perquè no presenta més tard cap màxim clar.

Si acabem l'anàlisi amb les figures 5.48.e i 5.48.h, la figura superior en tots dos casos presenta una composició del filtre adaptatiu que convergeix en cada instant de temps (aquesta dimensió temporal ve donada per l'eix vertical, que presenta els símbols analitzats), normalitzat sempre al seu valor màxim. S'observa de forma encara més clara com els coeficients del sistema millorat convergeixen a partir del moment que hi ha dades, i no ho fan de forma clara en el cas de l'estructura original. Més clar encara es pot veure a les dues figures inferiors, que mostren el filtre de *tracking* en ambdós casos, també normalitzat al màxim en cada instant de temps. Els primers 100 símbols no hi ha una convergència real, però a partir d'aquell moment, en l'estructura millorada s'observa una convergència clara i lleugerament adaptativa als canvis del canal, i en canvi al filtre de *tracking* per a l'estructura original no convergeix de forma clara.

**Segon escenari** El segon bloc de dades consta d'unes dades transmises el dia 01 de febrer de 2008, a les 04:06 de la matinada. A la figura 5.49.a i 5.49.c s'observen la matriu de canal i la funció de *scattering* respectivament. Altra vegada, es mostra de forma molt clara que es tracta d'un canal multicamí, i que la distància entre el primer i l'últim dels camins observables és del voltant de 3ms en el cas més gran.

A la figura 5.49.c i a la figura 5.49.f es mostren les matrius amb els coeficients dels quatre filtres adaptatius dels dos sistemes sense normalitzar. Altra vegada és senzill observar com els coeficients dels filtres de l'estructura millorada convergeixen més lentament cap a un valor mig en règim permanent, i els altres ho fan de forma més ràpida. Si observem, però, les figures 5.49.d i 5.49.g, on es presenten els mateixos valors, però normalitzats respecte al valor màxim en cada instant temporal, s'observa que en els primers 100 símbols no hi ha convergència per part de cap dels dos sistemes, però a partir dels 100 símbols, l'estructura millorada convergeix clarament i no només en un dels filtres, que ens indica que l'adquisició multicamí simultània és possible. No és així, però, en el cas de l'estructura multiresolutiva original, que no presenta una adquisició estable. En tots els casos que s'ha detectat un multicamí clar i amb una mínima separació entre camins, l'estructura original disposa de pitjors resultats d'adquisició.

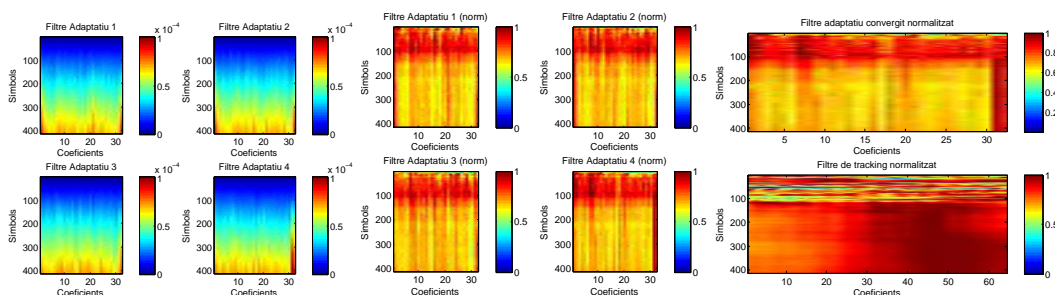
Finalment, cal veure les figures 5.49.e i 5.49.h es pot observar la reconstrucció dels co-



(a) Matriu de Canal (dia 01-02-2008)

(b) Matriu de Canal - zoom - (dia 01-02-2008)

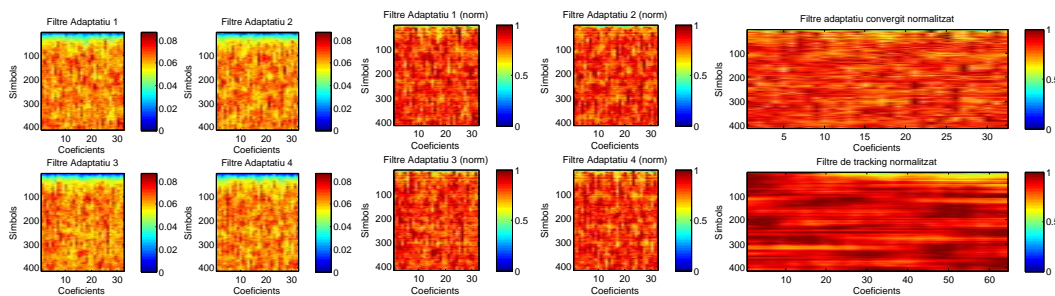
(c) Funció de Scattering (dia 01-02-2008)



(d) Mòdul de la resposta temporal dels 4 filtres adaptatius (valors reals) - *Sistema millorat*

(e) Mòdul de la resposta temporal dels 4 filtres adaptatius (valors normalitzats) - *Sistema millorat*

(f) Mòdul de la resposta temporal del filtre d'adquisició convergint i del filtre de tracking (normalitzat) - *Sistema millorat*



(g) Mòdul de la resposta temporal dels 4 filtres adaptatius (valors reals) - *Sistema original [Mor01]*

(h) Mòdul de la resposta temporal dels 4 filtres adaptatius (valors normalitzats) - *Sistema original [Mor01]*

(i) Mòdul de la resposta temporal del filtre d'adquisició convergint i del filtre de tracking (normalitzat) - *Sistema original [Mor01]*

Figura 5.48: Comparativa de l'evolució dels filtres adaptatius, tant d'adquisició com de tracking, per a un bloc concret de dades (dia 01-02-2008 hora 02:08), per el *Sistema Millorat* (cas RALSINA) vs. el *Sistema Original* (cas MORAN) [Mor01]

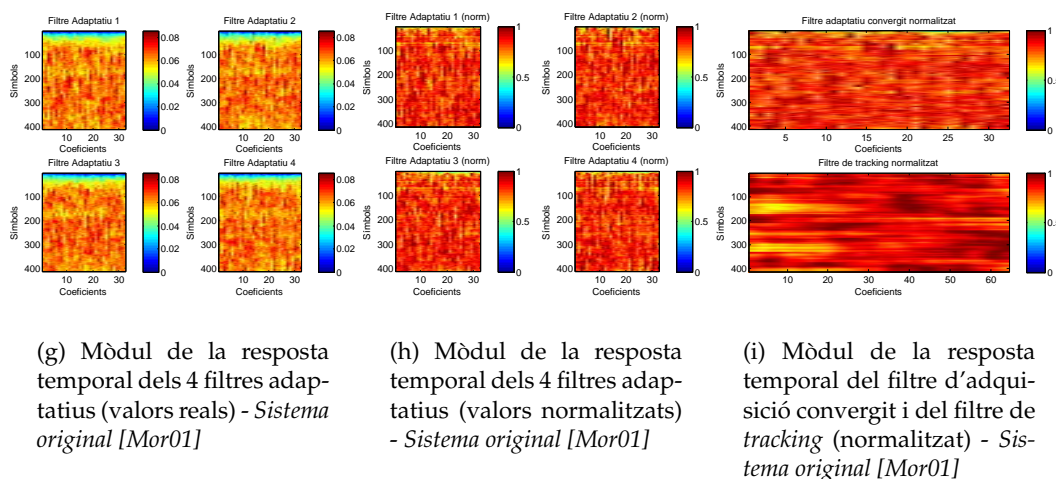
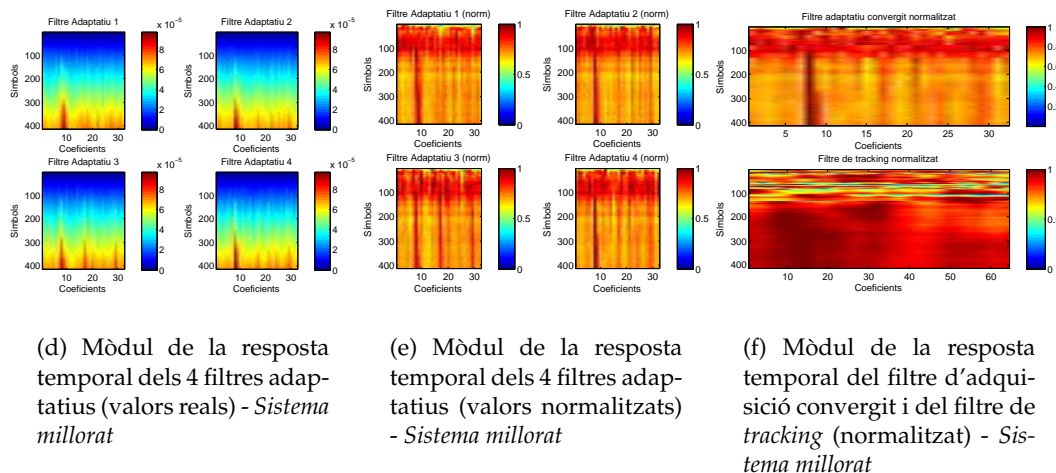
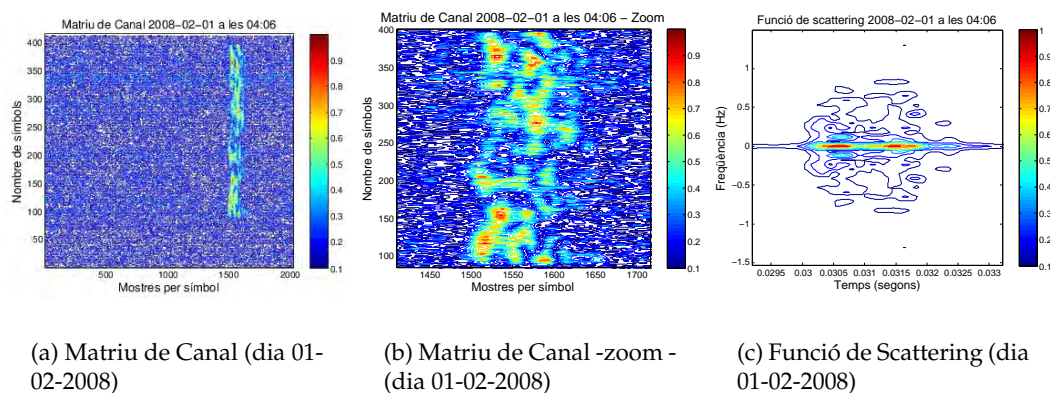


Figura 5.49: Comparativa de l'evolució dels filtres adaptatius, tant d'adquisició com de *tracking*, per a un bloc concret de dades (dia 01-02-2008 hora 04:06), per el *Sistema Millorat* (cas RALSINA) vs. el *Sistema Original* (cas MORAN) [Mor01]

eficients convergits en tots els instants de temps i el filtre de *tracking*, tots dos per a totes dues estructures i tots dos normalitzats respecte als valors màxims en cada instant temporal. La convergència en el cas de l'estructura millorada és evident a partir dels 100 símbols aproximadament, i així es mostra en el filtre de *tracking* també. No és així en el cas de l'estructura original, que presenta adquisicions molt poc estables, i per tant, també el *tracking* poc estable.

**Tercer escenari** Les dades d'aquest escenari foren rebudes el dia 02 de febrer de 2008 a la 01:50 de la matinada. A la figura 5.50.a i a la figura 5.50.c s'hi observen la matriu de canal i la funció de *scattering* respectivament. De l'anàlisi d'aquestes, es deduiria que existeix un sol camí al canal, amb un cert eixamplament temporal. Els nostres estudis estadístics sobre les dades mostren, però, que gairebé mai es disposa d'un camí únic (veure [Vil07]). Malgrat aquest fet, en els resultats es mostra clarament que es tracta d'un camí vàlid i sense interrupcions.

A la figura 5.50.c i 5.50.f s'observen les matrius de coeficients dels filtres adaptatius tant per l'estructura millorada com per l'estructura original; ambdues presenten convergència a partir d'un determinat símbol, però en aquesta gràfica sembla que no coincideixen massa en el moment d'inici. Si s'observen les gràfiques normalitzades, però, les figures 5.50.d i 5.50.g, s'observa com el quart dels filtres adaptatius està adquirit pràcticament des que la matriu de canal mostra senyal en tots dos sistemes, i en el cas particular del sistema millorat, s'observa un camí amb energia important també simultàniament al tercer dels filtres.

Finalment, en la observació de les figures 5.50.e i 5.50.h es comprova que ambdós sistemes s'han adquirit més o menys en el mateix punt, però per contra el sistema original perd la posició d'adquisició en els últims símbols, més variables a nivell de canal com es pot observar a la matriu de canal. Tant el *tracking* de l'estructura millorada com el de l'estructura original es mantenen adquirits, malgrat que és el de l'estructura millorada el que permet seguir amb més nitidesa la posició d'adquisició i per tant, més robustesa als esvaïments de senyal.

**Quart escenari** L'últim dels paquets de dades transmesos és el del dia 02 de febrer de 2008, a la 01:54 de la matinada. A la figura 5.51.a i a la figura 5.51.c s'observen respectivament les matrius de canal i la funció de *scattering*. Altra vegada es mostra un sol camí, i també altra vegada presenta una molt bona recepció de les dades, malgrat que ha estat interromput en un punt. Ens permetrà, doncs, observar millor l'estabilitat dels dos sistemes



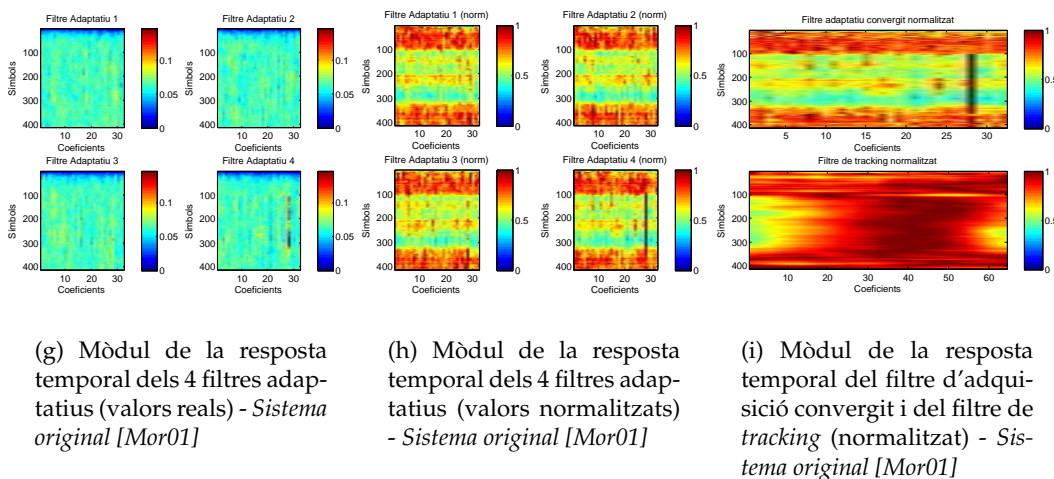
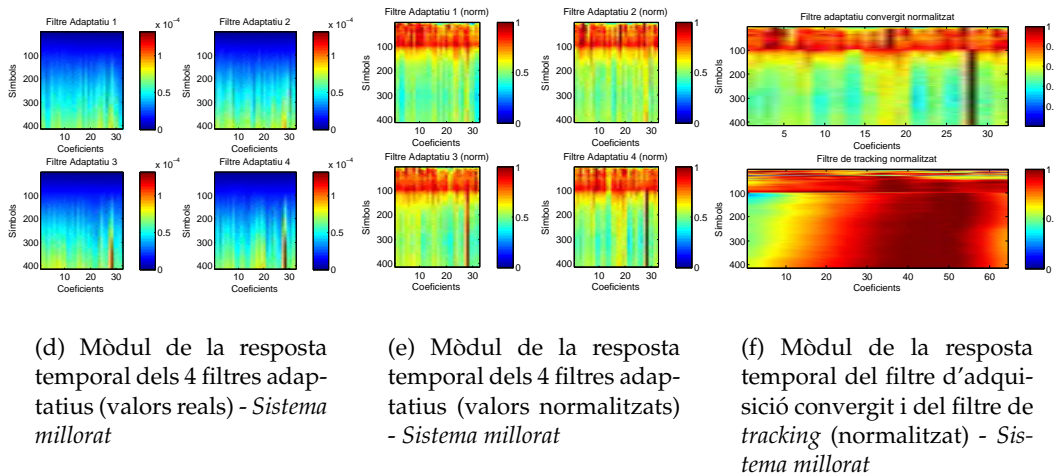
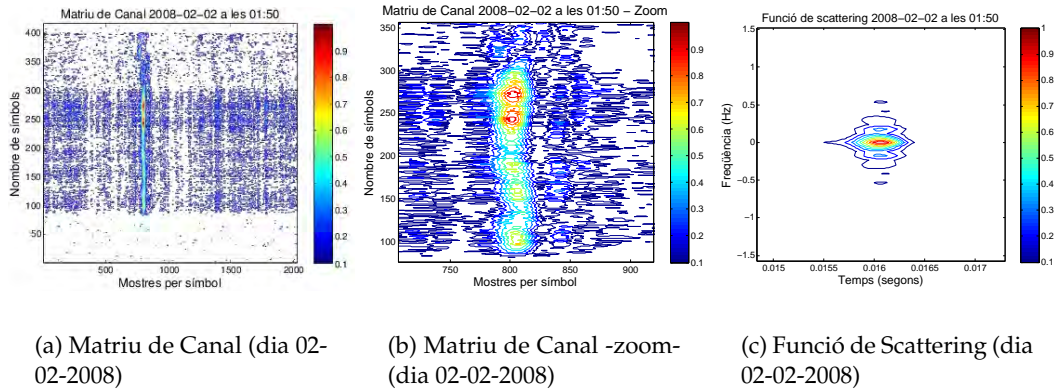


Figura 5.50: Comparativa de l'evolució dels filtres adaptatius, tant d'adquisició com de tracking, per a un bloc concret de dades (dia 02-02-2008 hora 01:50), per el *Sistema Millorat* (cas RALSINA) vs. el *Sistema Original* (cas MORAN) [Mor01]



d'adquisició.

A la figura 5.51.c i a la figura 5.51.f es mostren els coeficients dels filtres adaptatius per a l'estructura millorada i per a l'estructura original. Altra vegada es veu que la convergència en l'estructura original és més ràpida però alhora més efímera. Observant les figures següents, la figura 5.51.d i la figura 5.51.g, es veu que al principi, els primers 100 símbols aproximadament, l'estructura millorada presenta una resposta sorollosa, però que després convergeix de forma molt clara donant el seu valor màxim en el tercer dels filtres adaptatius. Per contra, els filtres de l'estructura original presenten comportament sorollós en més moments de les dades, i malgrat presenten adquisició, aquesta oscil·la entre dos filtres contínuament.

Aquest comportament del sistema original es veu amb molta claredat a la figura 5.51.h, on s'integren els resultats dels filtres adaptatius de mòdul màxim per a cada símbol. La oscil·lació fins i tot de posició és constant, i això fa que el filtre de *tracking* tampoc no presenti una resposta estable. En canvi, en el cas de l'estructura millorada, la convergència és més estable i també ho és la del filtre de *tracking*, tal i com s'observa a 5.51.e.

### Resultats en funció de l'encert en adquisició i *tracking*

A continuació es presenten els resultats de l'estructura multiresolutiva millorada en comparació amb la presentada per Moran [Mor01] utilitzant la correlació en recepció com a *benchmark*. La correlació, tal i com es pot veure detallat a [YKH06, YCH08], és la millor de les adquisicions possibles donat un sistema d'espectre eixamplat de seqüència directa, malgrat que de forma instantània es pot veure afectada pel soroll greument.

A la figura 5.52 es pot observar la comparativa entre els dos sistemes tenint en compte l'error mitjà de posició que es comet en l'adquisició de cada un dels blocs de dades, comparant-los entre ells en funció de la relació senyal a soroll mesurada<sup>4</sup>. Es considera que la posició d'adquisició correcta és la que proporciona l'estudi de la correlació, si realment és distingible un màxim regular i estable per a uns quants símbols. Es pren el valor de  $h(t, \tau)$  del canal, i se'n mesura el màxim cada temps de símbol  $T_s$ . Tan sols es tenen en compte els símbols que han estat correctament adquirits per part de la correlació com a punts avaluable. S'ha considerat que si no hi havia adquisició per part de la correlació amb la que comparar-se no es consideraria el resultat com a correcte ni com a incorrecte. S'han estudiat tots els fitxers d'espectre eixamplat de seqüència directa disponibles dels

---

<sup>4</sup>La relació senyal a soroll SNR s'ha mesurat en aquest estudi segons la proposta realitzada per Vilella al treball de tesi [Vil07].

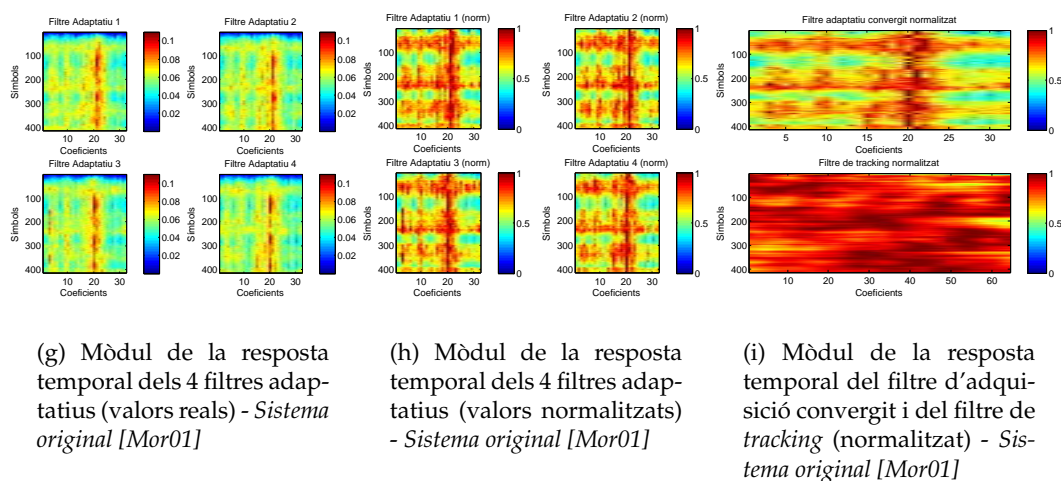
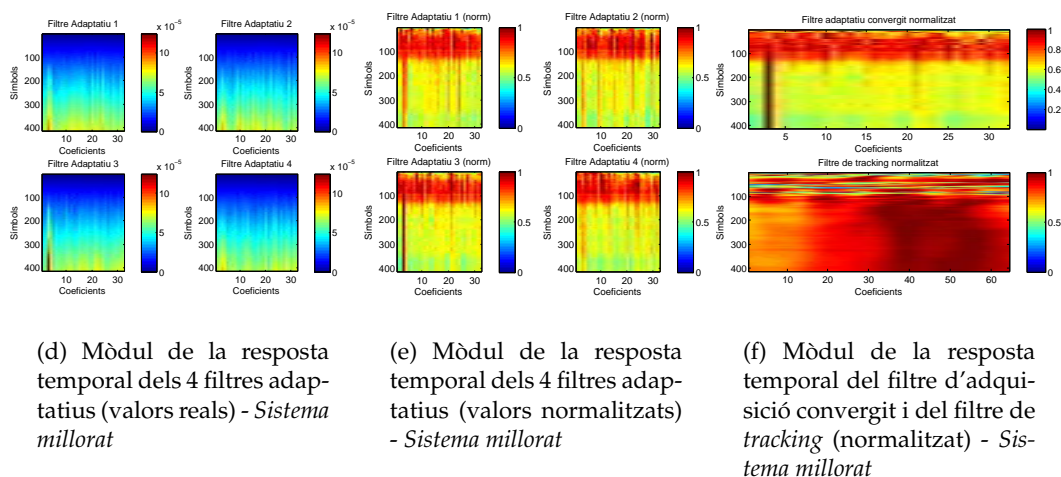
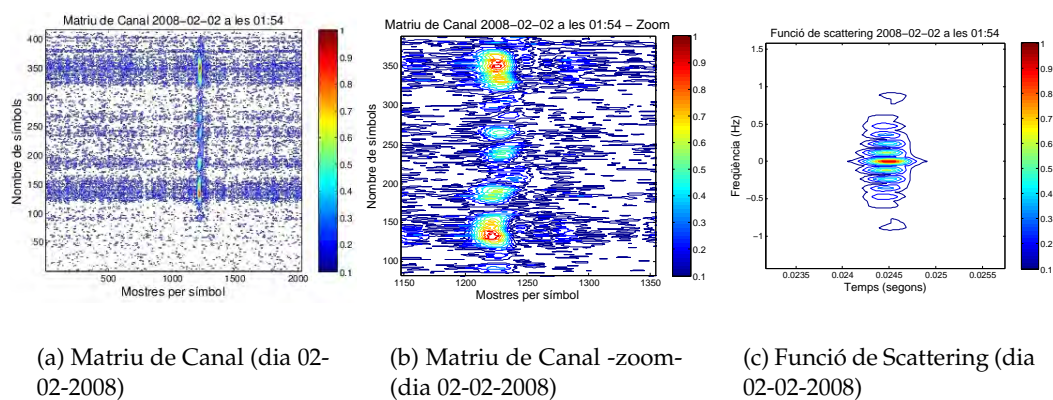


Figura 5.51: Comparativa de l'evolució dels filtres adaptatius, tant d'adquisició com de *tracking*, per a un bloc concret de dades (dia 02-02-2008 hora 01:54), per el *Sistema Millorat* (cas RALSINA) vs. el *Sistema Original* (cas MORAN) [Mor01]

dies 01 i 02 de febrer de 2008.

Tal i com s'observa a la figura 5.52.a, l'error comès per l'estructura millorada és molt menor que no pas amb l'estructura original de Moran [Mor01]. A més, una quantitat força gran dels resultats mesurats sobre l'estructura multiresolutiva millorada presenta un valor d'error menor que les mostres d'un temps de xip, que ens garantiria d'entrada una convergència correcta. No és així en el cas 5.52.b, on s'observen unes quantes adquisicions de molta qualitat, però d'altres que donen com a resultat unes estimacions d'adquisició molt allunyades de la correcta.

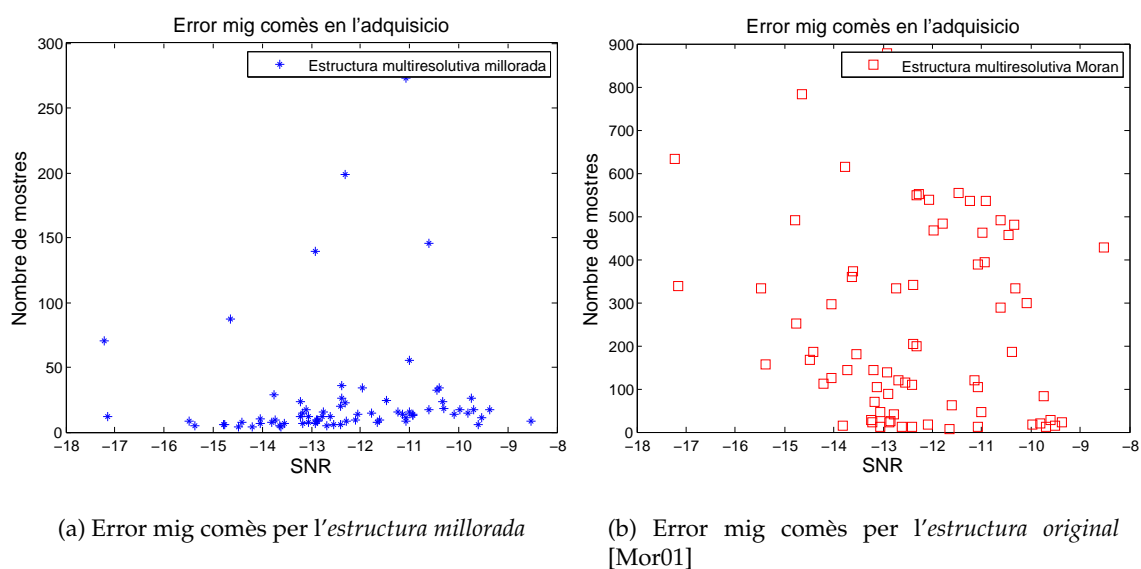


Figura 5.52: Error mig comès per l'estructura multiresolutiva millorada (cas RALSINA) i per l'estructura original (cas MORAN) [Mor01] per a tots els símbols de canal en els que la correlació fa una bona estimació del punt d'adquisició. La comparativa es fa en mostres del senyal en recepció, per tant, contempla tot el nombre de mostres per xip.

A la figura 5.53 s'observen dos boxplots, un corresponent a l'error mig comès en l'estructura multiresolutiva amb millores en comparació amb l'error mig comès per l'estructura original proposada per Moran. En aquest punt es poden veure amb més claredat les diferències d'error comès. La mediana del sistema original es situa a les 167,3 mostres errònies, molt lluny del sistema proposat. D'altra banda, la mediana del sistema millorat està a 12,2 mostres, per dessota d'un temps de xip en termes de mostres (cal recordar que es treballa a 16 mostres per xip). Es tracta d'una diferència d'un ordre de magnitud de l'error comès. S'han considerat només les situacions d'adquisició usant correlació, i l'error mesurat és la diferència entre el temps de sincronisme donat per l'adquisició per part dels

filtres adaptatius i la que proporcionava el màxim de la correlació.

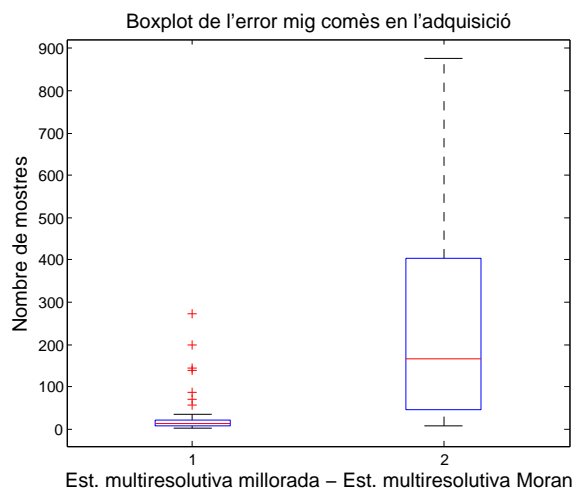


Figura 5.53: Boxplot dels valors de l'error mig comès per l'estructura multiresolutiva millorada (cas RALSINA) i per la proposta original (cas MORAN) [Mor01]

### Resultats en funció dels temps: el que triga a adquirir-se i el que roman adquirit

A continuació es mostren els resultats avaluats sobre les dades en termes de temps. Per una banda, es mesura el temps mig que triga el sistema d'adquisició a adquirir-se, assumint l'adquisició com aquella possible si la correlació dóna un punt adequat d'adquisició. Com que les seqüències de dades amb les que es treballa comencen per bloc d'uns 100 símbols que no contenen informació, s'ha començat a considerar el temps com a temps compilable només quan la correlació mostrava que hi havia possibilitat d'adquisició. Si no s'hagués realitzat el recompte d'aquesta manera, s'haurien considerat moltes posicions com a temps d'espera per a l'adquisició, quan en realitat l'adquisició en aquell punt no hauria estat possible.

Per tal d'avaluar el temps que es manté adquirit s'ha recomptat tots els símbols seguits que el sistema es manté en la posició d'adquisició correcta sense desadquirir-se. Cal tenir present que el valor mig que es mostrarà podria ésser més elevat en el cas de tenir un control per a l'estabilitat dissenyat sobre l'estructura.

A la figura 5.54.a es mostren els resultats del temps mig que triguen tots dos sistemes a adquirir-se, considerant l'eix horitzontal com la SNR calculada sobre les dades segons el mètode proposat per Vilella (veure [Vil07]). S'observa amb claredat que el núvol de punts referents al sistema millorat pren valors molt més baixos, i amb menys desviació

(veure punts blaus), en canvi el núvol de punts que fa referència a l'estructura original proposada per Moran pren valors més elevats i amb una desviació més gran. Es tracta de la inversa del que succeeix a la figura 5.54.b, on els valors de temps corresponent al temps que es manté adquirit el sistema són força més elevats i també amb més dispersió els que corresponen a l'estructura millorada (en blau) i són més petits i amb menys dispersió els que corresponen a l'estructura original.

Els valors de temps s'han col·locat en una distribució de boxplot de forma independent de la seva SNR associada, i les diferències anteriorment comentades sorgeixen a la llum de forma més clara (veure figura 5.55). En observar la figura 5.55.a es veu que la mediana del temps que triga a adquirir-se l'estructura millorada és de 6.7 mostres, i la mediana del que triga l'estructura multiresolutiva original es fixa a 7.8 mostres, una mostra per sobre, tot i que en perspectiva del boxplot, la desviació de mostres és més gran. D'altra banda, si ens fixem en la figura 5.55.b, la mediana del temps que es manté adquirit val 19.1 mostres en el cas de l'estructura multiresolutiva millorada, i només 4.1 en el cas de l'estructura multiresolutiva original proposada per Moran. Aquests nombres ens corroboren el que s'havia intuït en l'apartat de descripció dels casos: l'estructura original presenta més adaptabilitat al que succeeix al canal, té una convergència més ràpida, però d'altra banda, aquesta convergència també es tradueix en una desadquisició en el cas que el canal mostri problemes. No succeeix així en el cas de l'estructura millorada, que malgrat tenir una convergència més lenta als canvis (no una convergència més lenta a l'adquisició, tal i com es mostra a la figura 5.55.a), es manté adquirida durant més temps, gairebé cinc vegades més que l'estructura original.

### **Resultats en funció de l'estabilitat: nombre de vegades que s'adquireix**

Finalment, s'ha avaluat el nombre de vegades que s'adquireix el sistema per a tot el conjunt de dades. Aquest recompte té en compte les adquisicions bones a partir de la primera, al voltant dels 100 símbols després de començar l'avaluació del bloc de dades. L'avaluació del nombre de dades que s'adquireix cal interpretar-la correctament; no és millor el sistema que més vegades s'adquireix. En general, i especialment en canals variants en el temps, el sistema que més s'adquireix és també el que s'ha desadquirit més vegades, no el que abasta més símbols amb una adquisició ferma.

A la figura 5.56 es mostren el nombre de vegades que s'adquireix cada un dels sistemes en relació a la SNR mesurada sobre cada bloc de dades analitzat. S'observa amb claredat que l'estructura original tendeix a adquirir-se més vegades, els seus valors són força més grans en la gran majoria de punts (veure dades en vermell). En alguns, però, es solapa

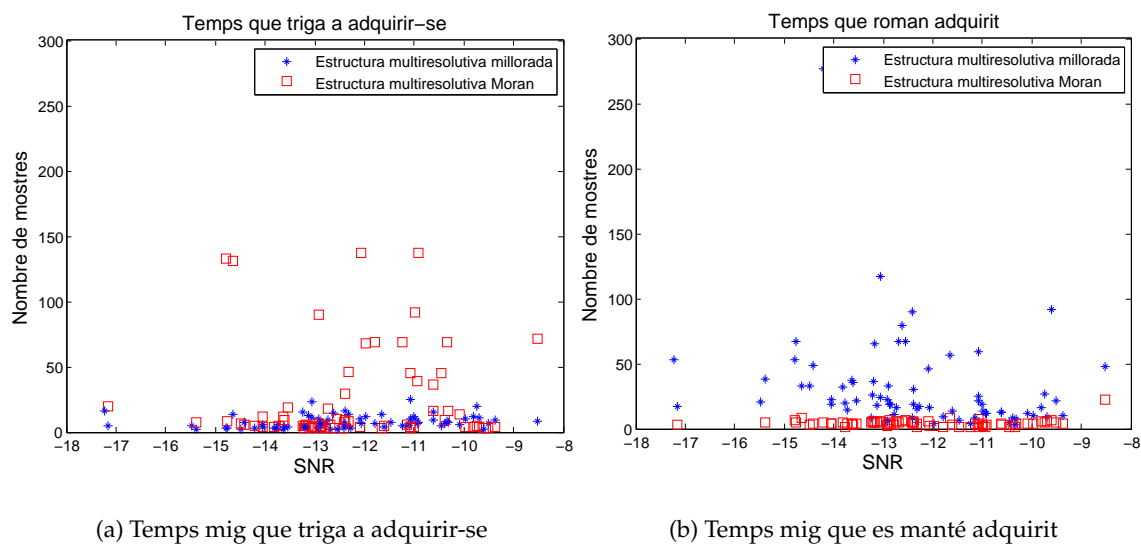


Figura 5.54: Temps mig que triga a adquirir-se i temps mig que es manté adquirit, tant per l'estructura multiresolutiva millorada (cas RALSINA) com per la proposta original de Moran (cas MORAN [Mor01]). La mesura es realitza amb el nombre mig de mostres que triga a adquirir-se cada un dels sistemes dins de cada bloc de dades rebudes.

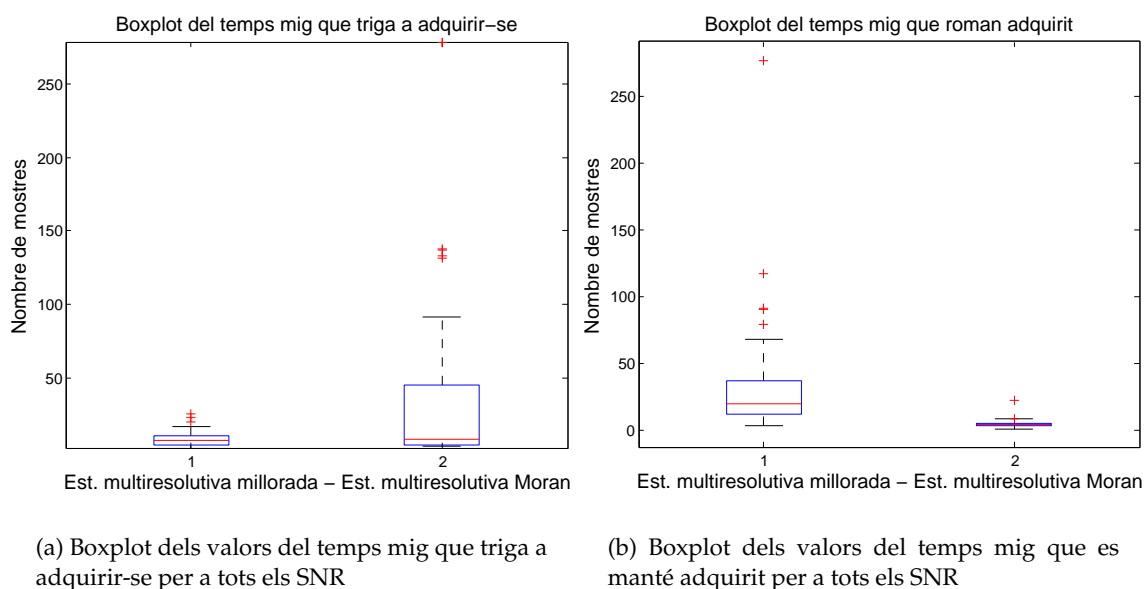


Figura 5.55: Boxplot dels valors de l'error comès per l'estructura multiresolutiva millorada (cas RALSINA) i per la proposta original de Moran (cas MORAN [Mor01])

amb valors d'adquisició de l'estructura millorada, malgrat que la seva dispersió és menor (veure dades en blau). Per tal de distingir exactament el que succeeix realitzar-ne el boxplot ens serà útil.

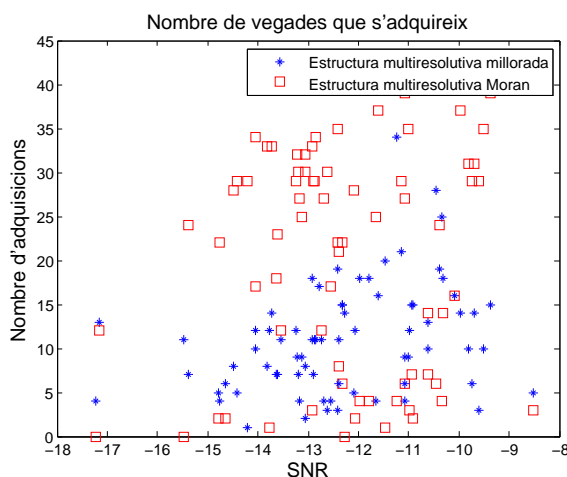


Figura 5.56: Nombre de vegades que s'adquireix per a una SNR concreta, tant per l'estructura multiresolutiva millorada (cas RALSINA) com per la proposta original de Moran (cas MORAN [Mor01])

El boxplot d'aquests resultats es pot observar a la figura 5.57. La mediana del nombre de vegades que s'adquireix l'estructura multiresolutiva millorada és d'11 per a tots els paquet de dades, en canvi, la mediana del nombre de vegades que s'adquireix l'estructura multiresolutiva original arriba fins a les 24, amb una dispersió més gran. Sense dubtes, aquests números són millorables amb l'aplicació d'una fase de control que supervisi els resultats de l'adquisició, i que per tant, eviti la desadquisició en casos de *fadings* momentanis. En el capítol 7 s'analitzaran els resultats obtinguts tenint en compte el control dissenyat per l'estructura multiresolutiva.

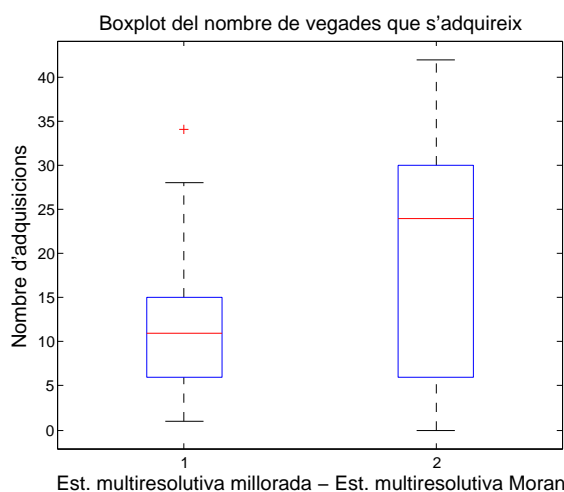


Figura 5.57: Boxplot del nombre de vegades que s'adquireix per l'estructura multiresolutiva millorada (cas RALSINA) i per la proposta original de l'estructura de Moran (cas MORAN[Mor01])

## 5.11 Conclusions

A continuació es comenten globalment els avantatges i les millores realitzades presentades en aquest capítol sobre l'estructura multiresolutiva presentada en l'apartat 4.2.2. Hi ha parts de millora que són noves incorporacions, i d'altres que simplement són ajustos de l'estructura tal i com estava dissenyada per tal d'optimitzar-ne el funcionament.

En la fase d'adquisició és un encert decrementar el nombre de mostres per xip; sense cap mena de dubte, es perd precisió, però això es justifica per el fet que l'adquisició és la *coarse approximation*. En casos on el sobremostreig del xip és molt elevat, com el que ens ocupa, el decrement del volum de les dades a tractar és molt important, i en el moment en què la precisió és necessària, es pot recuperar de les dades originals sense cap pèrdua. S'han escollit els filtres LMS després de realitzar estudis sobre el seu funcionament en un entorn Rayleigh [Als03, Bon04, AFSB07] comparativament amb els filtres lattice i els filtres RLS. A la literatura també s'ha arribat a la mateixa conclusió [AFJN10]; els filtres adaptatius LMS són els més adequats en sistemes d'adquisició i *tracking* d'espectre eixamplat, per a usar seqüències PN com a referència, alhora que també tenen el millor equilibri entre prestacions i cost computacional. Aquesta és la **primera** concreció nova que es realitza sobre l'estructura multiresolutiva.

El filtre antialiasing del delmador, que és la **segona** de les millores de l'estructura, ens garanteix l'absència d'aliasing i alhora és el primer actor en la reducció de la presència



de soroll en les dades a processar, fent que l'adquisició tingui menor falses alarmes causades pel soroll. Aquesta disminució serà ja un avantatge per al funcionament de tota l'estructura, no només en l'adquisició, sinó també en el *tracking* i en la detecció. Se n'ha estudiat l'ordre i la freqüència de tall més adequats de forma exhaustiva, considerant-ne un prototipus de funcionament en els escenaris de simulació detallats (veure taula 2.2).

La segona de les delmacions, en aquest cas, en  $M$  mostres decalades en temps en funció de la branca destí, és un altre dels punts forts, perquè permetrà estalviar cost computacional. La intenció original d'aquesta segona fragmentació del senyal era minimitzar el cost computacional, de forma que en el moment en què un dels filtres convergís, la resta de filtres poguessin aturar el seu funcionament en funció de l'estat del canal, però reduint de forma evident el cost global de l'estructura. I certament, és un decrement de cost computacional important a nivell global de l'estructura, com es demostrarà més endavant amb xifres en el pròxim capítol i gràcies al disseny del sistema de control (veure capítol 6).

Malgrat tot, es pot pensar que es podia fragmentar l'espai associat a la seqüència PN d'alguna altra manera, de forma seqüencial, per exemple, i que la seqüència  $c[n]$  fos dividida directament en  $M$  subseqüències començant des del principi fins al final, i també seria reconstruïble en el moment en què fos d'interès (aquesta proposta és més similar a la presentada per Yu a [HYKH06]). Però aquesta fragmentació, que també es contemplà com a possibilitat de millora de l'estructura original, impedia la convergència de només un dels filtres independentment de la posició de la seqüència d'entrada; per tal de tenir un correcte funcionament, hauria hagut de tenir dues fases d'ajust en adquisició, amb la consegüent incertesa que causa el fet de tenir la convergència repartida entre dos filtres consecutius. Es descartà, per tant, aquesta opció, davant de la possibilitat d'una segona delmació.

La **tercera** de les millores és la longitud de la seqüència PN original  $N_c$ , veure que ha de ser un múltiple sencer del nombre de branques  $M$  de la que disposi l'estructura, per tal de tenir les quatre subseqüències equilibrades en mida de les dades. El motiu d'aquesta demanda és garantir també la correcta convergència de només un dels  $M$  filtres, i la impossibilitat de que un decalatge d'una mostra o de dues mostres respecte de la longitud total de la seqüència faci moure el punt correcte d'adquisició entre un filtre i un altre en funció del moment en què es miri la convergència. Això limita també les famílies de seqüències a usar, puix que moltes d'elles tenen longituds basades en valors tipus  $2^n - 1$ , i això en dificulta el fet que siguin múltiples de  $M$ . Altra vegada, caldrà tenir-ho en compte o presentar-ho com a paràmetre de disseny directament. Serà important en el moment de dissenyar les noves seqüències PN, que es detallarà en el capítol 6.

La **quarta** i la **cinquena** millora de l'estructura són els estudis exhaustius dels paràmetres

$\mu$  i  $\beta$ , paràmetres de convergència dels filtres adaptatius LMS i dels filtres d'*exponential smoothing* respectivament; aquesta adaptació està basada en l'experimentació. El fet de contrastar l'estructura a canvis en el canal pel que fa a SNR i fer proves simulades en un entorn multicamí i variant en el temps ha permès ajustar aquests valors a aquells que equilibrin millor la velocitat de convergència i l'estabilitat, així com la robustesa de l'estructura i el temps que inverteix en adquirir-se.

Un altre dels punts forts del funcionament de l'estructura és que la bondat de la seva aproximació recaigui sobre l'observació d'un màxim, que no serà comparat amb cap llinard per tal de ser validat. Això provoca certa inestabilitat en el temps de convergència de l'estructura (que en realitat, és molt baixa, com es pot observar als resultats), però un cop passat el transitori, presenta una gran estabilitat enfront de canvis de la SNR o fins i tot en la variació de potències d'interferències. Fent més pal·lesca encara aquesta estabilitat es presenta el filtre d'*exponential smoothing*, que encara aporta més robustesa a la localització del màxim al llarg del temps.

Usant aquest punt fort, s'ha modificat l'estructura (es tracta de la **sisena** millora) per a que funcioni aprofitant la diversitat temporal; que el sistema d'adquisició sigui capaç no només de trobar el camí de màxima potència, sinó també la resta de camins detectables en recepció. Aquesta millora s'avaluarà en el capítol següent, amb un disseny adequat del sistema de control (veure capítol 7).

La fase de *tracking* de l'estructura comença el seu funcionament tan bon punt l'adquisició dóna la primera aproximació del possible punt de desmodulació. El seu punt fort principal és que recupera tota la redundància de la que disposava el receptor digital, i per tant, la seva estimació del punt correcte de *tracking*  $p_{track}$  serà molt ajustada a les necessitats del desmodulador, perquè disposa de les dades amb tota la informació possible. Aquest *tracking* també serà molt estable, puix que també disposa d'un filtre d'*exponential smoothing* per a eliminar les variacions ràpides, probablement generades per alguna inestabilitat del canal, i per contra, manté la informació històrica que ajuda a mantenir la coherència històrica del que passa al canal. La **setena** de les millores ha consistit en ajustar la mida del filtre adaptatiu de *tracking* per tal de minimitzar-ne el cost computacional.

Finalment, la **vuitena** de les millores ha consistit en ajustar al valor que presentava millors resultats d'adquisició el conformador de pols de *raised cosine*. S'ha realitzat l'estudi comparatiu per a diferents valors d' $\alpha$ , i se n'ha escollit el valor 0.8 com el més adequat. Malgrat aquest estudi comparatiu a nivell de simulació, les dades del projecte [dReEiCG14] s'han començat a transmetre sense conformador de pols, puix que presentava problemes d'envolupant no constant, que feien la transmissió més complicada en casos de baixes

SNR.

La validació d'aquestes millores s'ha pogut comprovar a l'apartat 5.10.2. A les figures 5.45, 5.46 i 5.47 s'ha observat per a dues longituds de dades possibles (100 i 600 símbols) que les millores realitzades (descrites a l'apartat 5.2 i resoltes més tard en aquest mateix capítol) sobre l'estructura proposada per Moran [Mor01] i detallada a l'apartat 4.2.2 són destacables, tant en termes de % d'adquisició i *tracking* correcte, temps d'adquisició i de manteniment d'aquesta, i que les millores aconseguixen que l'estructura s'adquireixi en moltes més ocasions amb condicions de canal més dures. El % de temps ben adquirit en el sistema millorat és comparable al comportament del sistema de [Mor01], però al voltant de -20dB de relació SNR pitjor. Quelcom similar succeeix amb els temps que triga a adquirir-se i que es manté adquirit, amb una relació de SNR similar. Finalment, en el moment d'observar quan s'adquireix i quan no, es veu clarament que el sistema proposat per [Mor01] s'adquireix correctament només amb SNR propera a 0dB, i per a tots els quatre escenaris. El sistema millorat, en canvi, pren valors correctes per tots quatre escenaris fins a valors més baixos de SNR, especialment per a l'*escenari 0*. Tan sols comentar que les simulacions de longitud 600 respecte a les simulacions de longitud 100 presenten una estabilitat major; això es tradueix en uns temps d'adquisició més baixos sobre el temps total de simulació (no és el cas que trigui menys a adquirir-se en sentit absolut). També es veu de forma evident a la gràfica 5.47 que el fet que les simulacions siguin més llargues permet més adquisicions especialment en condicions adverses. I finalment, com que els resultats de % d'adquisició i de *tracking* són millors i més estables quan més llarga és la simulació, també el % de dades desmodulades és millor.

Finalment, comentar que els resultats de l'estructura multiresolutiva han estat mesurats amb els de Moran [Mor01] també usant dades reals, del canal ionosfèric antàrtic, tal i com s'ha detallat en el punt 5.10.3. Els blocs de dades constaven d'uns 400 símbols, dels quals només uns 300 eren informació real transmesa. S'ha mostrat en quatre casos diferents l'evolució dels filtres adaptatius de les dues estructures, de la original proposada per Moran i també de la millorada, la seva estabilitat, la seva vulnerabilitat al soroll, fent especial èmfasi en el fet que l'estructura original presentava uns paràmetres de convergència més alts, i per tant, més ràpids, però alhora, més sorollosos. Malgrat la brevetat de les dades, la millora de resultats es corrobora en totes les mesures realitzades; tant en la precisió de la posició d'adquisició (veure figures 5.52 i 5.53), així com també en temps mig que el sistema triga a adquirir-se, alhora que el temps mig que el sistema roman adquirit (veure figures 5.54 i 5.55). Finalment, s'ha comprovat que també en el nombre de vegades que s'adquireix per a cada bloc de dades l'estructura multiresolutiva millorada pren

valors més estables que no pas la proposta de Moran [Mor01] (veure figures 5.56 i 5.57). Totes aquestes valoracions ens fan pensar que les millores sobre l'estructura multiresolutiva han estat positives i han millorat els paràmetres de mesura abans mostrats, i que s'ha aconseguit fer l'estructura multiresolutiva un sistema més estable i menys sorollós que la seva proposta anterior [Mor01].

A continuació caldrà veure les millores realitzades sobre les seqüències (veure capítol 6) i sobre el control i l'estabilitat del sistema (veure capítol 7). Cal tenir present que algunes de les millores presentades en aquest capítol no han pogut ser validades amb els resultats (p.ex. el comportament RAKE de l'estructura) per falta d'un sistema de control.

## CAPÍTOL 6

# DISSENY DE LES SEQÜÈNCIES PSEUDOALEATÒRIES

### 6.1 Introducció

En aquest capítol es presenta la primera de les contribucions majors d'aquest treball de tesi. L'estructura multiresolutiva necessita que les seqüències PN emprades per a modular compleixin algunes restriccions més enllà de les seqüències PN prèviament definides a la bibliografia (veure apartat 4.2.2). En el treball de Moran [Mor01] aquest problema es solucionava usant composicions de seqüències més breus, obtingudes de la bibliografia (veure [Gol68]) per tal de generar seqüències més llargues i que satisfessin les condicions que demana l'estructura. Malgrat tot, com ja s'ha vist a l'apartat 4.2.2, aquesta solució comportava que les seqüències finals tinguessin unes condicions de correlació creuada i d'autocorrelació pitjors que les originals, i per tant, no es podia considerar que fos un avenç per a l'òptim funcionament de l'estructura.

Cal dir que malgrat les seqüències PN s'han dissenyat per a una longitud  $N_c$  i un factor de delmació  $M$  concret, responnent a les necessitats actuals del projecte i de l'estructura multiresolutiva, la parametrització dissenyada sobre les seqüències PN podria adaptar-se a qualsevol  $N_c$  i  $M$  necessàries, sempre i quan  $N_c$  fos múltiple de  $M$ .

A continuació es detalla quins són els requisits de l'estructura multiresolutiva (veure 6.2), quines foren les primeres aproximacions per a resoldre el problema usant computació evolutiva (veure 6.3) i quina és la proposta final usada (veure 6.4). Aquesta proposta final usada no es basa en una funció de *fitness* per a la generació d'una família de seqüències, sinó que tindrà l'objectiu de determinar si la correlació creuada entre subseqüències pot

millorar els resultats d'adquisició.

Finalment, s'observen les anàlisis realitzades en les seqüències resultants en termes de satisfacció de restriccions (veure 6.5) i en termes de resultats del funcionament de l'estructura (veure 6.7).

## 6.2 Requisits de l'estructura multiresolutiva

En el context de l'estructura multiresolutiva, el ventall de condicions que es necessiten satisfer en la cerca de seqüències vàlides va més enllà de les típiques condicions fortes i febles definides a l'apartat 3.1.2 [PZB95, Sch09]. A continuació es detallen totes les característiques que s'han tingut en compte per a realitzar el disseny de les seqüències PN multiresolutives; la primera, la propietat de balancejat, es considera una condició forta ja que sense el seu acompliment no s'accepta la seqüència com a candidata, i tota la resta de característiques. Aquestes són condicions a satisfer a mesura del possible, en el nostre cas a minimitzar, però que no porten a l'algorisme a descartar la seqüència candidata d'entrada. Cal tenir en compte que s'assumirà que l'estructura treballa amb una seqüència PN de longitud 128, i que el nombre de branques de l'estructura (i per tant, també de subseqüències de la seqüència original) és de  $M = 4$ .

Per tal de satisfer també els requisits de la transmissió, en aquest capítol es dissenyen quatre paquets de seqüències per als diferents tipus de transmissió de dades que es poden trobar en aquest projecte (veure apartat 3.1.3). En primer lloc, un joc de seqüències per tal de treballar amb un sola seqüència (per exemple, usant una modulació binària de fase). També es dissenyen tres jocs més de seqüències; un joc que contempla l'ús de parelles de seqüències PN, un altre que contempla grups de 4 seqüències (perquè  $M = 4$ ) i finalment, un que disposa de famílies de 8 seqüències. En aquestes tres últimes famílies també s'haurà de tenir en compte la correlació creuada, no només l'autocorrelació (es veurà amb més detall més endavant), i el seu objectiu és usar-les per a incrementar el bit-rate del sistema. En primer lloc, doncs, es descriuen les condicions que cal que compleixin totes les seqüències (veure 6.2.1 i 6.2.2) i en segon lloc, es descriuen aquelles característiques que només hagin d'acomplir les famílies de més d'una seqüència (veure 6.2.2).

### 6.2.1 Balancejat

En primer lloc, s'ha forçat que tota seqüència candidata, acomplís la propietat de balancejat, tal i com també compleixen les seqüències PN de la bibliografia [Sch09, PZB95]:

$$\sum_{n=1}^{N_c} c^i[n] = 0 \quad (6.1)$$

La suma total dels valors de la seqüència PN haurà de ser zero, doncs. Podria ésser +1 o -1 en el cas de generar seqüències de longitud imparell, però en la generació de les seqüències multiresolutives sempre s'usarà el valor de longitud 128, per tant, el balancejat haurà de sumar zero.

### 6.2.2 Autocorrelació i correlació creuada

L'autocorrelació l'usarem com a mesura en dos casos diferents, ampliant la definició matemàtica que es pot trobar a [LG94]. Mesurarem l'autocorrelació tant de les seqüències PN multiresolutives senceres, com l'autocorrelació de les seves delmacions en factor  $M$ .

#### L'autocorrelació de les seqüències senceres

Es calcula l'autocorrelació de tota nova seqüència generada que hagi ja superat la condició anterior de balancejat. Un cop calculada l'autocorrelació es descartarà el valor màxim autocorrelació del vector (valor identitat), i se'n calcularà el seu valor mig en valor absolut. Aquesta característica generalment ja està minimitzada en les famílies de seqüències PN existents a la bibliografia [PZB95].

$$R_{AC}^i = \frac{1}{N_c} \sum_{n \neq max}^{N_c} |\text{corr}(c^i[n], c^i[n])| = R^{ii}(\tau) \quad (6.2)$$

on  $max$  és la posició del màxim de la correlació. Amb aquesta mesura es calcularà quina serà la interferència creuada possible d'una seqüència amb ella mateixa en el cas d'estar desplaçada en diferents instants de temps. Cal que aquest valor mig sigui baix per a que el sistema de *tracking* minimitzi la possibilitat de confusió en la seva estimació del punt d'adquisició correcte.

#### L'autocorrelació de les seqüències delmades

Es realitza el mateix càlcul d'autocorrelació que s'acaba de descriure, però amb cada una de les  $M$  seqüències delmades. També se n'extreu el valor màxim, i també se'n calcula el valor mig en valor absolut.

$$\begin{aligned}
R_{AC_1}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{n \neq \max}^{N_c} |\text{corr}(c_1^i[n], c_1^i[n])| \\
R_{AC_2}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{n \neq \max}^{N_c} |\text{corr}(c_2^i[n], c_2^i[n])| \\
R_{AC_3}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{n \neq \max}^{N_c} |\text{corr}(c_3^i[n], c_3^i[n])| \\
R_{AC_4}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{n \neq \max}^{N_c} |\text{corr}(c_4^i[n], c_4^i[n])| \tag{6.3}
\end{aligned}$$

S'obtenen quatre mesures de qualitat més per al disseny de les seqüències PN multiresolutives. En aquest sentit, l'objectiu és minimitzar l'autocorrelació de les subseqüències per a que al realitzar l'adquisició, que es fa a nivell de seqüència delmada, mostri la menor quantitat d'errors possible per falsa alarma.

### Correlació creuada entre seqüències

Aquest últim punt de disseny serà necessari introduir-lo només en el cas que la família que s'estigui dissenyant tingui més d'una seqüència (estem parlant, doncs, del cas de tenir dues, quatre o vuit seqüències, en el cas que la transmissió es faci amb més d'un usuari). Caldrà tenir en compte les correlacions creuades entre les diferents seqüències, tant pel que fa a la seqüència sencera com per la subseqüències de cadascuna d'elles.

**Correlació creuada de la seqüència sencera vs. família de seqüències** Caldrà calcular la correlació creuada de la seqüència amb totes les altres seqüències de la mateixa família. Aquesta propietat és habitual del disseny de seqüències PN en el cas d'haver de treballar en multiusuari [PZB95]; en el cas que ens ocupa no es tracta d'una aplicació multiusuari, sinó d'una aplicació de senyalització.

El càlcul a realitzar per a cada seqüència  $i$  de la família amb la homòloga  $j$ , on cal verificar que  $i \neq j$  és el següent:

$$R_{CC}^{ij}[\tau] = \frac{1}{N_c} \sum |\text{corr}(c^i[n], c^j[n])| \tag{6.4}$$

Es disposarà d'un valor mitjà de correlació creuada per a cada parella de seqüències



PN de la família.

**Correlació creuada de les seqüències delmades vs. família de seqüències** Finalment, cal realitzar el càlcul de la correlació creuada entre les seqüències delmades; aquest càlcul cal realitzar-lo, però, només entre les mateixes seqüències delmades de les diferents seqüències de la família dissenyada que ocupen la mateixa posició; la primera delmació de la seqüència  $i$ , amb la primera delmació de la seqüència  $i + 1$ , la segona amb la segona, i així successivament. La necessitat d'aquest càlcul sorgeix de l'intent de minimitzar la interferència entre diferents seqüències, per tant, de minimitzar la probabilitat de falsa alarma per part de la part d'adquisició de l'estructura multiresolutiva en realitzar la seva estimació.

Suposant  $M = 4$ , els càlculs a realitzar són doncs, com els següents:

$$\begin{aligned}
 R_{CC_1}^{i,j}[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_1^i[n], c_1^j[n])| \\
 R_{CC_2}^{i,j}[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_2^i[n], c_2^j[n])| \\
 R_{CC_3}^{i,j}[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_3^i[n], c_3^j[n])| \\
 R_{CC_4}^{i,j}[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_4^i[n], c_4^j[n])|
 \end{aligned} \tag{6.5}$$

on  $i$  i  $j$  corresponen als índexs de les seqüències PN de la família, i el subíndex correspon a l'índex de la versió delmada corresponent. En l'equació 6.5 es reflecteix només el que caldria calcular entre dues seqüències PN concretes de la família  $i$  i  $j$ ; si la família és de 2, 4 o 8, caldria fer els mateixos càlculs per a cada parella de seqüències.

El nombre de valors de correlació a minimitzar és, doncs, proporcional a la quantitat de seqüències que s'hagin dissenyat per a la família, tant en el cas del càlcul de la correlació creuada per a la seqüència sencera, com per la correlació creuada per les subseqüències delmades.

### La correlació creuada de les seqüències delmades (dins el mateix individu)

La última de les mesures realitzades sobre totes les seqüències multiresolutives generades és la correlació creuada entre les seqüències delmades (per a més detall sobre la correlació creuada, veure [LG94]). Minimitzar aquesta mesura és important en tant que cal prioritzar

que les diferents subseqüències no s'assemblin entre elles, puix que l'adquisició es realitza usant com a referència només una d'elles. Si sempre es prengué la mateixa seqüència de referència s'haurien de minimitzar només les correlacions creuades entre subseqüències amb aquesta escollida. La forma com es tindrà en compte la necessitat de l'estructura permetrà escollir qualsevol de les quatre subseqüències com a referència. Els càlculs a realitzar són els següents:

$$\begin{aligned}
 R_{CC_{12}}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_1^i[n], c_2^i[n])| \\
 R_{CC_{13}}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_1^i[n], c_3^i[n])| \\
 R_{CC_{14}}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_1^i[n], c_4^i[n])| \\
 R_{CC_{23}}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_2^i[n], c_3^i[n])| \\
 R_{CC_{24}}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_2^i[n], c_4^i[n])| \\
 R_{CC_{34}}^i[\tau] &= \frac{M}{N_c} \sum_{N_c} |\text{corr}(c_3^i[n], c_4^i[n])|
 \end{aligned} \tag{6.6}$$

Es tracta de sis valors més que caldrà minimitzar, perquè la interferència creuada entre cada una de les subseqüències sigui mínima.

### 6.3 Aproximacions prèvies a la solució

En aquest apartat es presenta una prova de concepte preliminar original, presentada a [ABM05], del disseny de les seqüències per a l'estructura multiresolutiva. En un primer moment, es procurà fer una aproximació a la solució desitjada considerant un factor de del·mació de  $M = 2$ , i per tant, simplificant el problema per a avaluar-ne la viabilitat [ABM05]. El disseny es realitzà amb una estratègia evolutiva; més endavant s'usaran altres algorismes adaptatius.

### 6.3.1 Primera aproximació [ABM05]

En la primera aproximació només es va considerar acomplir les restriccions explicades en l'apartat 6.2 excepte les autocorrelacions de les seqüències com de les subseqüències (veure equació 6.2 i 6.3 respectivament) i les correlacions creuades entre les subseqüències d'una sola seqüència (veure equació 6.6), però tan sols per a un valor de  $M = 2$ .

Malgrat tot, en aquell moment i per necessitats de l'aplicació, la família de seqüències PN a generar era d'un nombre elevat de membres, puix que l'aplicació s'estava orientant a ser multiusuari [dReEiC10]. La solució proposada [ABM05] es basa en l'estratègia evolutiva que es detalla a continuació.

#### Estratègia evolutiva (ES - *Evolution Strategies*)

Per tal de realitzar la proposta de solució s'usa una estratègia evolutiva (ES) del tipus  $(\mu, \lambda)$  (veure apartat 3.6). Les estratègies evolutives foren proposades inicialment per [Rec73, Sch75] per tal de solucionar problemes d'optimització numèrica de difícil resolució (NP-Hard). La notació  $(\mu, \lambda)$ -ES respon a una estratègia evolutiva de  $\mu$  individus de la població, i a  $\lambda$  fills, on els fills substitueixen les pitjors solucions de la població. Per a cada iteració es fa una selecció aleatòria dels pares. Aquests pares escollits pateixen mutació i creuament, i s'obté  $\lambda$  fills. La substitució es realitza de forma determinista, perquè els fills millors substitueixen els pares pitjors. Originalment, les ES es programaven amb vectors reals, i normalment, la mutació tenia més importància que el creuament. Actualment hi ha moltes més variants.

S'ha adaptat l'esquema d'una  $(\mu, \lambda)$ -ES per al disseny de les seqüències PN de la forma següent.  $\mu$  es fixa al nombre de seqüències PN necessàries (cal recordar que es buscava una aplicació multiusuari), mentre que  $\lambda$  es fixa a la unitat. Cada solució representa una seqüència PN, que està codificada per un vector de longitud  $N_c$  dígit binari, amb l'alfabet  $\{-1, 1\}$ . Per a cada iteració s'obté un individu usant la mutació d'un pare aleatori. Aquest individu s'avaluarà per tal de substituir el pitjor individu de la població, si la seva avaluació és millor que la d'aquest. El *fitness* de cada individu considera la correlació creuada original i de les seqüències delmades. El creuament entre individus no s'hi aplica per evitar similituds entre les seqüències i minimitzar interferències entre totes les solucions. La solució de l'algorisme és una família de  $\mu$  seqüències obtingudes quan s'aconsegueix el criteri de parada.

Una particularitat d'aquesta primera aproximació és que el *fitness* mesura les correlacions creuades entre les diferents seqüències de la família dissenyada. Llavors cal veure que

el *fitness* depèn de la població, que significa que cada vegada que s'introdueix una solució nova, cal recalculer tots els *fitness* altra vegada. També es considera una mesura de *fitness* global, que és la qualitat de la solució global, que s'avaluarà com la mitjana de tots els *fitness* dels diferents individus.

### Funcions de *fitness*

La solució òptima considerada minimitza els tres paràmetres de correlació creuada següents (veure equació 6.4) per a la correlació creuada de les seqüències senceres, i la correlació creuada entre les subseqüències de cada una de les seqüències de la família creada (veure l'equació 6.5). Com que tenim un valor de  $M = 2$  (cal recordar que  $M$  és el factor de la delmació), anomenarem aquests tres valors de la manera següent:  $R_{CC}^{ij}$  per la correlació creuada entre seqüències  $i$  i  $j$ , i  $R_{CC_1}^{ij}$  i  $R_{CC_2}^{ij}$  per a les correlacions cruades mitjanes entre subseqüències per a cada una de les seqüències de la família. Caldrà, doncs, una visió multiojectiu del problema [CVVL02]. S'ha realitzat, doncs, una funció de cost que es compon d'aquests tres valors.

$$CC_{ij} = \sqrt{\left(\frac{R_{CC}^{ij}}{M}\right)^2 + (R_{CC_1}^{ij})^2 + (R_{CC_2}^{ij})^2} \quad (6.7)$$

Els elements del *fitness* estan elevats al quadrat i se'n treu l'arrel quadrada perquè se n'avalua la distància. El *fitness* de cada un dels individus de la població es calcula com la inversa de la correlació creuada de tots els valors possibles:

$$\begin{aligned} A_{Ci} &= \frac{1}{\mu - 1} \sum_{j=1, j \neq i}^{\mu} CC_{ij} \\ F_i &= \frac{1}{A_{Ci}} \end{aligned} \quad (6.8)$$

Per tal d'avaluar la millora global de la família de seqüències ES generades es defineix una mitjana global a partir de cada un dels *fitness* de cada individu.

$$G_c = \frac{1}{\mu} \sum_{i=1}^{\mu} A_{Ci} \quad (6.9)$$

### Descripció de l'algorisme

El disseny de les seqüències ES s'inspira en una estratègia evolutiva del tipus  $(\mu, \lambda)$ -ES. L'algorisme és el següent:

1. Inicialment es genera una població de  $\mu$  individus. Cada un d'aquests individus es defineix com una seqüència PN. Cada una de les seqüències ha d'acomplir la condició forta, el balancejat. Si alguna de les seqüències no l'acompleix, és descartada i se'n genera un de nou fins que l'acompleixi.
2. Un cop generada la població de  $\mu$  individus que compleix el balancejat, es calcula el valor de *fitness*  $F_i$  per a tots els membres de la població.
3. Els membres de la població s'ordenen per valor decreixent de *fitness*:  $F_1 < F_2 < \dots < F_\mu$ .
4. Es crea un individu nou usant mutació a partir d'un dels  $\mu - 1$  millors pares. Si aquest nou individu no compleix les restriccions de balancejat, serà eliminat i aquest procés es repetirà fins que se n'aconsegueixi un que validi la condició forta.
5. Es recalcula la funció de *fitness* altra vegada per a tots els  $\mu$  individus, usant el membre nou en lloc de l'últim. Finalment, cal que hi hagi hagut una millora global (recordar la mesura  $G_c$ ) per tal d'acceptar la nova seqüència. Si no hi ha hagut una millora global (observant el valor de  $G_c$ ), es manté la seqüència antiga i es retorna al punt 4; si s'accepta, es retorna al punt 3.

El criteri de parada tant pot ésser temps de computació (un nombre màxim d'iteracions) com estabilitat de les solucions (que es mesuri la millora del sistema, i aquesta hagi deixat de millorar durant un determinat nombre d'iteracions).

### Resultats

S'han realitzat proves per a seqüències de longitud  $N_c = 64$ , i el nombre de seqüències demanades és una família de  $\mu = 64$ , considerant un factor de delmació  $M = 2$ . La família de seqüències resultants es compara amb dos famílies de seqüències PN habituals (veure apartat 3.3) en sistemes d'espectre eixamplat, les seqüències Gold [Gol68] i les seqüències Kasami [Kas66]. El nombre de seqüències a mostrar en les gràfiques en aquests resultats seran les 40 millors de les tres famílies. El procés d'obtenció del joc de seqüències es basa en els criteris d'optimització explicats anteriorment: maximització del *fitness* individual

(veure 6.8) i global (veure 6.9). Es decideix usar tan sols 40 seqüències de les 64 totals per a seleccionar-ne només les millors de totes les famílies, i perquè l'aplicació objectiu no precisa de més seqüències per al seu funcionament.

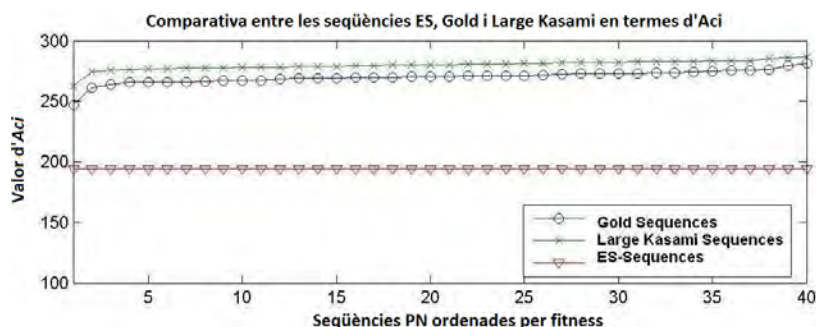


Figura 6.1: Valors de *fitness* de les tres famílies de seqüències PN

A la figura 6.1 es mostra la mesura de la correlació (abans anomenada  $A_C$ ) per a les 40 millors seqüències de totes tres famílies de seqüències. Les seqüències ES no només tenen un valor millor de *fitness*, sinó que a més, presenten un valor més estable o semblant entre les seqüències de la mateixa família. En les seqüències Gold i Kasami, a mesura que es prenen més seqüències PN de la família, les característiques mesurades empitjoren, i això en un entorn multiusuari - que és el que es treballa en aquest apartat - implica disposar d'usuaris avantatjats i usuaris amb seqüències no privilegiades. Aquest també és un dels punts forts de les seqüències ES.

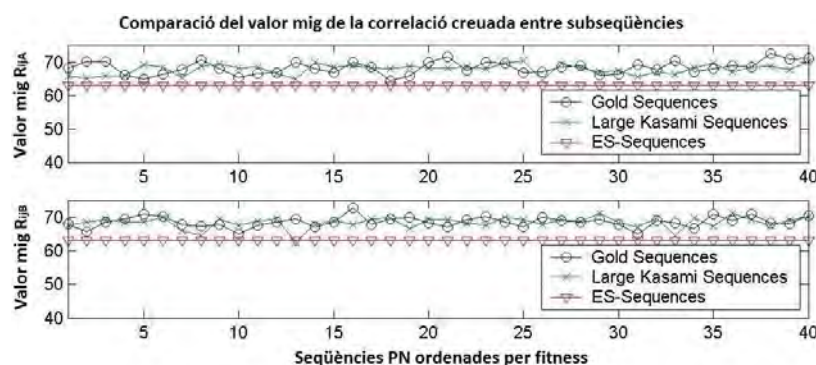


Figura 6.2: Valors de les correlacions creuades de les versions delmades de les tres famílies de seqüències PN

A la figura 6.2 es mostra la correlació creuada entre les seqüències delmades (en aquest cas,  $M = 2$ ), i s'observa que les seqüències ES també milloren els seus resultats respecte a les seqüències Gold i Kasami. I, tal i com s'ha observat anteriorment a la figura 6.1, els

resultats també mostren una millor estabilitat.

## Conclusions

Els resultats obtinguts en aquests resultats preliminars han estat encoratjadors, puix que la correlació creuada és millor en les seqüències ES no només en les seqüències completes sinó també en les subseqüències delmades.

S'avança en la cerca d'un conjunt de seqüències que poguessin satisfer les necessitats detallades en 6.2, per a un valor de  $M = 4$ , que era el necessari per a l'estructura. Així es proposa un altre mètode que tenia en compte de manera més formal els diferents paràmetres que hi havia com a restriccions [AFSB07]. Això serà amb un algorisme multi-objectiu, perquè el nombre d'objectius a minimitzar s'incrementa i la complexitat per a que cap d'ells es vegi especialment perjudicat, serà necessari la implementació d'un algorisme que tingui en compte tots els paràmetres de la mateixa manera.

### 6.3.2 Segona aproximació [AFSB07]

Un algorisme inspirat en les estratègies evolutives multiobjectiu<sup>1</sup> fou la segona elecció per tal de solucionar el problema multiobjectiu que presentaven les restriccions. Per tal de dissenyar la seqüència PN s'usà un procés inspirat en els MOEAs (*Multiobjective Optimization Evolutionary Algorithm*) [AFSB07] de tipus  $(\mu + \lambda)$ . Els millors i els pitjors individus de la població es llisten usant una funció de *fitness* que mesura la seva qualitat específica. A cada iteració, els pares se seleccionen de forma aleatòria. Aquestes solucions poden patir mutació i creuament, i s'obtenen  $\lambda$  fills. La substitució és determinista, ja que els fills substitueixen els pares pitjors. En aquest cas ja es considera el treball amb seqüències de longitud  $N_c = 128$  i  $M = 4$ , que són les necessàries per a l'aplicació en l'estructura multiresolutiva [Mor01]; aquesta longitud permet segmentar més la cerca i millorar el cost computacional.

S'usa un esquema d'un algorisme evolutiu  $(\mu + \lambda)$ -ES per al disseny de les seqüències PN de la forma següent. Es fixa  $\mu$  com el nombre de seqüències PN que es necessiten, mentre que  $\lambda$  es fixa a 1. Així doncs, cada solució representa una seqüència PN, que està codificada per un vector de  $N_c$  dígitos binaris (usant l'alfabet  $\{-1, 1\}$ ). En cada iteració,

<sup>1</sup>Es canvià l'enfoc de la primera aproximació (veure apartat 6.3.1) perquè en aquest segon cas, al començar a considerar seqüències PN de longitud 128 i per tant, un factor de delmació  $M = 4$ , el nombre d'objectius a complir per a cada seqüència es feia molt gran, i amb la ponderació d'una sola funció de *fitness* es corria el risc de deixar de banda la minimització d'alguns dels objectius en favor dels altres, i que el sistema provoqués que la solució fos poc homogènia.

s'obté un individu nou usant mutació respecte al pare. Tan sols es genera un fill per tal d'avaluar el funcionament global de les especificacions tenint en compte el nou individu. Aquest individu substituirà l'anterior en el cas de que obtingui uns resultats millors, i no el substituirà si els seus resultats són pitjors o iguals.

### Funció de *fitness*

La solució òptima ha de minimitzar les propietats de correlació creuada ( $R_{CC}$ ), tant per les seqüències completes com per les subseqüències obtingudes de la delmació, i els quatre valors d'autocorrelació de les seqüències delmades i el de les seqüències originals ( $R_{AC}$ ), a la vegada. Alhora, també haurà d'acomplir la condició forta de les seqüències PN, és a dir, el balancejat (veure equació 6.1). És per aquest motiu que s'usa un algorisme multiobjectiu [HNG94, SD94].

Tal i com es detalla en [SD94], alguns problemes de minimització multiobjectiu es consideren sota el paradigma de la optimització d'un sol objectiu perquè els objectius estan agrupats en una funció de *fitness* lineal amb pesos per a cada un d'ells. Llavors, la primera de les funcions de *fitness* que s'han considerat ha estat una que tingués en compte una composició de correlació creuada i autocorrelació. Però hi havia una dependència forta amb la composició de pesos usada, i evitant-ho es podia arribar a una solució més homogènia.

Els mètodes multiobjectiu purs basen la seva eficiència en la dominància de Pareto [Par96]. En el context de la optimització multiobjectiu, és difícil trobar un òptim global que maximitzi tots els objectius simultàniament. D'acord amb Pareto, una solució dominant és aquella que la seva funció objectiu no es millora simultàniament per cap altra solució. Això és, que no hi ha cap altra solució amb valors millors en tots els seus objectius. Els algorismes multiobjectiu basats en la dominància de Pareto parlen d'un conjunt de solucions no dominants, on cada solució representa un compromís entre els seus objectius. No hi ha cap solució que sigui globalment millor que les altres. Aquest joc de solucions s'anomena el set de Pareto òptim. L'algorisme guia la cerca en direcció al set òptim de Pareto.

Això es realitza classificant les solucions dins de categories. La primera categoria, que s'assigna rang 1, està formada per les solucions que són no dominants per cap altre solució de la població actual. La segona categoria, de rang 2, està formada per totes les solucions no dominants després de treure les solucions de rang 1 i així successivament. D'aquesta manera, quan les solucions estan classificades en rangs, la pressió genètica tendeix a portar la població cap al joc de Pareto òptim.

Per tal de comprendre el tipus de dades amb les que s'està treballant, s'han dut a ter-



me uns quants tests preliminars on s'aplicaven algorismes multiobjectiu basats en la dominància de Pareto. Els resultats, que no són mostrats en aquest treball, mostren que l'algorisme no podia guiar la cerca cap al front de Pareto, perquè era difícil trobar solucions dominants. No hi havia cap solució en la població que pogués dominar les altres solucions. Llavors, totes les solucions es consideraven del mateix rang, i no s'hi podia aplicar cap cerca efectiva. De fet, aquest problema és força habitual en optimització multiobjectiu quan el número d'objectius a optimitzar és molt alt (en el nostre cas, estem parlant de set objectius). Per aquesta raó, s'ha dissenyat una funció de *fitness* considerant la dominància parcial entre les solucions, tal i com s'explica a continuació. Per a cada individu, és a dir, seqüència, es calculen els *feature dominance values*  $\gamma_{ij}$  de l'individu al respecte de cada una de les seqüències de la població. El valor de *feature dominance value* de l'individu  $i$  comparat amb l'individu  $j$  és el número d'objectius de  $i$  que són millors que els de  $j$ . Llavors, el *fitness* de l'individu  $i$  ( $F_i$ ) correspon a la mitjana de tots els valors de *feature dominance value*. Es detalla el càlcul del *fitness* a l'equació següent:

$$F_i = \frac{1}{\mu - 1} \sum_{j=1; j \neq i}^{\mu} \gamma_{ij} \quad (6.10)$$

### Descripció de l'algorisme

L'algorisme dissenyat funciona de la forma següent:

1. Inicialment, es genera una població de  $\mu$  individus. Cada individu es defineix com una seqüència PN. Cada seqüència compleix la condició forta. Si hi ha alguna seqüència que no la compleix, es rebutja ja d'entrada i se'n crea una altra i es torna a avaluar.
2. Un cop la població de  $\mu$  individus vàlids ja està generada, el valor del *feature dominance* amitjanat, anomenat  $F_i$ , es calcula per a tots els membres de la població, on  $i \in [1, \mu]$ .
3. Els membres de la població s'ordenen per ordre decreixent de *feature dominance value* amitjanat ( $F_i$ ).
4. L'últim membre de la llista, que és el que està pitjor classificat, és el que serà seleccionat per a ser substituït.
5. Un altre individu nou es crea usant mutació d'algun dels  $\mu - 1$  pares de forma aleatòria. Si el nou individu no compleix la condició forta, serà rebutjat i se n'haurà de crear un de nou fins que l'acompleixi.

6. El valor mig de *feature dominance* es calcula de nou per als  $\mu$  individus, considerant el membre nou. El grau de millora s'avalua abans que el nou individu s'accepti o es rebutgi. Serà acceptat si obté millor rang que l'anteriorment esborrat. Si *rang* de la nova seqüència creada és més petit que el de la seqüència PN anterior, s'accepta el nou candidat, i es torna al pas 3. Sinó, es rebutja i es torna al pas 5.

El criteri per tal de parar l'algorisme pot ser per una banda el temps de computació, i per altra, l'estabilitat dels resultats observant la variació de les funcions  $F_i$  dels individus. En el cas que ens ocupa, el nombre d'intents ha estat usat com a límit.

## Resultats

El comportament de les seqüències dissenyades es compara amb les seqüències Gold [Gol68] i amb les seqüències Walsh Hadamard [And70, Wel74]. S'ha dissenyat un total de 40 seqüències EA, que seran comparades amb les 40 millors seqüències de les Gold i de les Walsh.

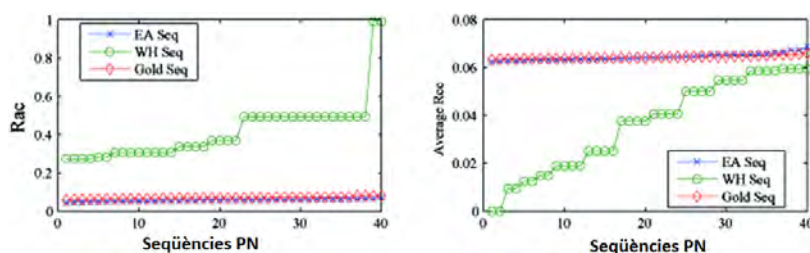


Figura 6.3: Valors de l'autocorrelació i de la correlació creuada per les seqüències completes per als tres jocs de seqüències (Gold, Walsh-Hadamard i EA)

A la figura 6.3 s'observa que els resultats per les seqüències EA són similars als que obtenen les Gold en termes d'autocorrelació, i en el cas de la correlació creuada, algunes de les seqüències EA en presenten de millor i d'altres estan lleugerament per sobre. Podríem dir que les seqüències Gold i les EA presenten resultats similars en aquesta mesura. Les seqüències Walsh presenten resultats pitjors en termes d'autocorrelació (substancialment pitjors) i millors en termes de correlació creuada (substancialment millors).

D'altra banda, a la figura 6.4 s'observa la comparació entre l'autocorrelació i la correlació creuada mitjana per a les quatre seqüències que s'obtenen de la delmació de les seqüències originals. Els millors resultats són els obtinguts per les seqüències EA, tot i que per algunes mesures (l'autocorrelació) són similars als que obtenen les seqüències Gold. Per la correlació creuada, les millors són les Walsh, però només per al primer conjunt de

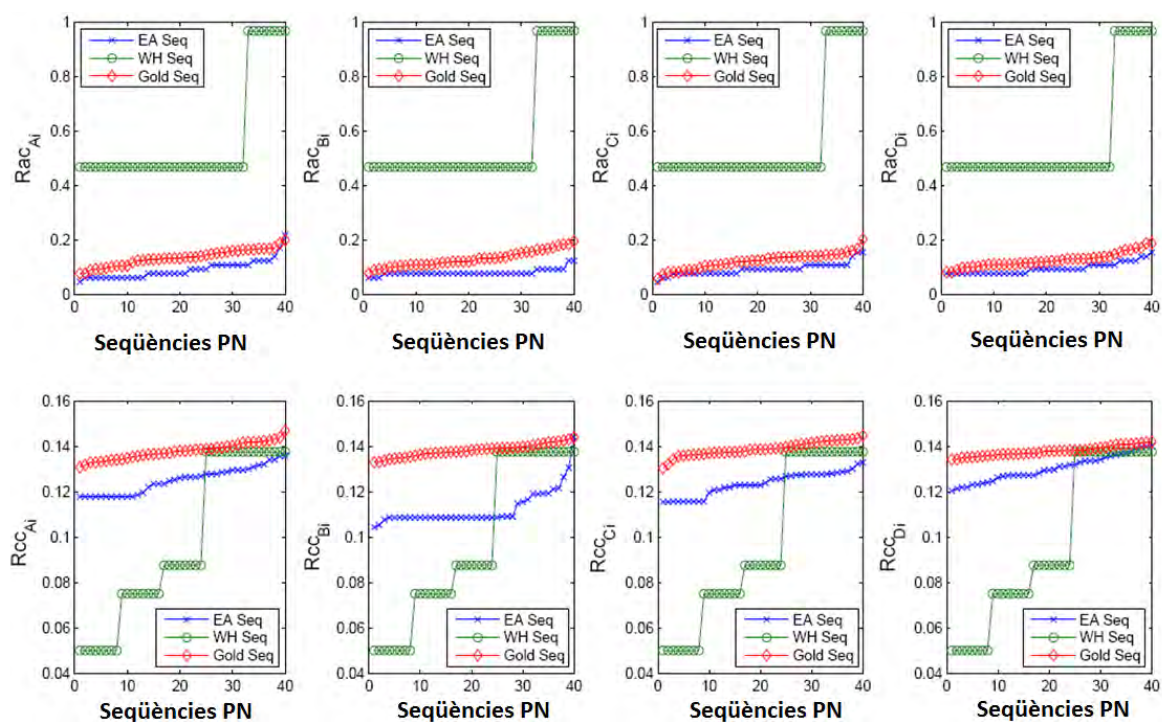


Figura 6.4: Valors de l'autocorrelació i de la correlació creuada de les seqüències delmades per als tres jocs de seqüències (Gold, Walsh-Hadamard i EA)

seqüències de la família. Les EA segueixen essent millors en termes de correlació creuada que les Gold. La valoració global és molt bona, doncs, des del punt de vista de resultats de les seqüències EA respecte a les altres seqüències existents en la bibliografia (veure apartat 3.3).

Si ens fixem amb els resultats obtinguts en aquesta segona aproximació, en comparació amb els obtinguts en la primera aproximació (veure apartat 6.3.1), s'observarà que malgrat les mesures finals poden tenir similituds (en totes es mesura un *fitness* que és un compendi dels paràmetres mesurats d'autocorrelació i de correlació creuada), el punt de partida és diferent. El nombre de paràmetres a minimitzar en aquesta segona aproximació és molt més gran, i per tant, les característiques finals de les seqüències obtingudes han de ser forçosament pitjors. És, doncs, difícil de determinar amb la comparativa de resultats si el funcionament multiobjectiu és més eficient que no l'estratègia evolutiva de l'apartat 6.3.1, puix que en aquest segon cas la complexitat del problema era força més gran.

## 6.4 Disseny de la solució

El disseny de la solució que es proposa en aquest treball de tesi es recolza en els algorismes genètics clàssics [Gol89]. S'ha reorientat la cerca de les seqüències respecte a les dues primeres propostes (veure apartats 6.3.1 i 6.3.2). El motiu és que a les estratègies evolutives usades en aquests dos casos evolucionaven amb dificultat, amb baixa probabilitat de trobar elements nous, puix que les ES es basaven només en mutació, i no en creuament. Una altra diferència de funcionament de l'algorisme genètic que es proposa respecte de les ES dels apartats anteriors és que les ES convergeixen cap a una població de seqüències, fent la selecció usant *steady state*. En canvi, l'algorisme genètic convergirà cap a una sola solució.

Aquesta proposta de solució no constarà d'una única funció de *fitness* per a trobar una població que respongui a les condicions demanades. S'ha plantejat dues opcions similars, amb una única diferència. La idea és generar dues poblacions amb una condició inicial diferenciada. En la primera de les propostes no es limitarà el valor de la correlació creuada entre subseqüències de la mateixa seqüència PN, però només en el cas d'estar sincronitzades (d'ara en endavant família GA1). En la segona de les propostes sí que es limitarà. L'objectiu és veure si, a la família GA1, els individus convergeixen cap a seqüències amb una elevada correlació creuada entre les versions delmades, és a dir, convergeixen cap a seqüències que estiguin generades per subseqüències similars o fins i tot iguals. En la segona de les propostes (d'ara en endavant, família GA2), tindrà en compte també l'objectiu de la correlació creuada entre subseqüències, de tal forma que es prioritzarà descartar seqüències PN generades a partir de subseqüències iguals o similars, a diferència del que succeïa amb la família GA1. Això vol dir que la primera de les famílies GA1 té un grau més de llibertat que la família GA2.

Aquesta doble prova planteja com a hipòtesi el fet que una elevada redundància en les subseqüències d'una mateixa seqüència pot ajudar a la convergència, focalitzant encara més el punt correcte d'adquisició, tot i que potser amb menys precisió. Aquesta hipòtesi es planteja d'entrada, es llançarà l'algorisme genètic per a totes dues funcions de *fitness*, i finalment s'avaluaran els resultats de totes dues famílies de seqüències.

### 6.4.1 L'algorisme genètic per a l'obtenció de les seqüències GA

L'algorisme genètic [Gol89] manté una població de solucions potencials, que són els individus, els quals evolucionen d'acord amb els operadors genètics, que són els de selecció, creuament i mutació. A l'avaluar els individus cadascun d'ells rep una mesura de bondat anomenada *fitness*, que fa referència a l'objectiu a aconseguir. La selecció imita el procés

de la supervivència en el medi on aquells individus més ben adaptats són els que aconseguen sobreviure. El creuament i la mutació modifiquen els individus, proporcionant així més varietat i canvi en la població.

L'algorisme comença, doncs, inicialitzant i avaluant una població. A cada generació es realitza un procés de selecció dels millors individus, que es constitueixen com a parels de la generació següent, un cop se'ls aplica un procés de recombinació i de mutació, i dona lloc a un nou conjunt d'individus que al seu torn són avaluats. Es genera una nova generació mitjançant un procés de selecció realitzat entre la població actual i els nous individus del conjunt. I el procés acaba quan es produeix una condició d'acabament.

### Codificació

Per tal de poder aplicar un algorisme genètic per a trobar la solució d'un problema determinat, el primer que cal fer és codificar el problema en un o diversos cromosomes artificials. En aquest cas, cada una de les seqüències que formen part de la població es codifiquen en un vector de 128 posicions binàries [Hol75] dins l'alfabet  $\{-1, 1\}$ , tal i com ja s'havia realitzat en les aproximacions anteriors (veure apartat 6.3).

### La generació de la funció de *fitness*

La funció de *fitness* per tal de trobar seqüències PN que millorin el seu funcionament en l'estructura multiresolutiva usa els mateixos paràmetres que la primera aproximació (veure 6.3.1) que s'expandeixen en més subseqüències en la segona aproximació (veure 6.3.2) i n'incorpora de nous. Els dividirem en dos conjunts:

- **Condicions fortes:** Aquestes són les condicions sense les quals cap individu no pot ser acceptat com a membre de la població. En condicions normals, contindria dues propietats ja vistes en l'apartat 3.1.2, que són el balancejat i el *run property*. En aquest cas es contempla només el balancejat (veure equació 6.1), puix que el *run property* afecta sobretot a les condicions de pseudoaleatorietat, i com que es tracta d'uns barems i no d'una condició tancada, es deixa de banda en aquesta aproximació. Més endavant es valorarà si aquesta hipòtesi ha estat escollida correctament.
- **Condicions febles:** Aquestes són les mesures que cal minimitzar per a que l'estructura multiresolutiva funcioni de forma òptima.
  - *Autocorrelació mitjana de la seqüència sencera:* es tracta de garantir que cada seqüència

GA no tingui similituds destacables amb sí mateixa desplaçada en el temps. Veure equació 6.2.

- *Autocorrelació mitjana de les quatre subseqüències delmades*: es tracta de mesurar que les subseqüències de cadascuna de les seqüències GA no s'assemblin massa a sí mateixes desplaçades en el temps. Veure equació 6.3.
- *Correlació creuada mitjana de les subseqüències delmades (en aquest cas,  $M=4$ ) (família de seqüències GA1)*: es minimitzarà la similitud entre les  $M$  subseqüències delmades corresponents a una seqüència GA per tal de fer que la probabilitat de falsa alarma entre elles en el moment de l'adquisició sigui mínima. Però a diferència del que es pot observa a l'equació 6.6, es mantindrà un sol grau de llibertat respecte a aquesta correlació, i és el punt inicial de la mateixa. Es tracta d'un canvi important respecte a les proves anteriorment realitzades, i la hipòtesi inicial és distinta; caldrà comprovar amb el seu funcionament si es tracta d'una hipòtesi vàlida. Segueix, doncs, l'equació que es detalla a continuació:

$$\begin{aligned}
 R_{CC12}^{i_{\tau \neq 0}} &= \frac{M}{N_c} \sum_{\tau \neq 0} |\text{corr}(c_1^i[n], c_2^i[n])| \\
 R_{CC13}^{i_{\tau \neq 0}} &= \frac{M}{N_c} \sum_{\tau \neq 0} |\text{corr}(c_1^i[n], c_3^i[n])| \\
 R_{CC14}^{i_{\tau \neq 0}} &= \frac{M}{N_c} \sum_{\tau \neq 0} |\text{corr}(c_1^i[n], c_4^i[n])| \\
 R_{CC23}^{i_{\tau \neq 0}} &= \frac{M}{N_c} \sum_{\tau \neq 0} |\text{corr}(c_2^i[n], c_3^i[n])| \\
 R_{CC24}^{i_{\tau \neq 0}} &= \frac{M}{N_c} \sum_{\tau \neq 0} |\text{corr}(c_2^i[n], c_4^i[n])| \\
 R_{CC34}^{i_{\tau \neq 0}} &= \frac{M}{N_c} \sum_{\tau \neq 0} |\text{corr}(c_3^i[n], c_4^i[n])| \tag{6.11}
 \end{aligned}$$

- *Correlació creuada mitjana entre les  $M$  subseqüències delmades (família de seqüències GA2)*: es minimitza tota interferència entre subseqüències en la seva totalitat, tal i com s'expressa en l'equació 6.6. Tal i com es mostra a les equacions 6.11 en el cas del disseny de la família GA1, s'ha decidit deixar com a grau de llibertat la possibilitat que la correlació creuada entre les dues subseqüències avaluades sigui alta en el cas que estiguin alineades; no és així, però, en el cas de tota la resta de valors de la correlació creuada. El motiu de plantejar aquestes dues funcions objectius (que seran degudament avaluades en els resultats) és fonamenta en

tres raonaments, detallats a continuació:

- \* Potser es tracta d'un paràmetre que no afecta la convergència el genètic en excés, i la diferència de resultats entre tenir-lo en compte o no tenir-li és irrellevant. Si el resultat és aquest, la hipòtesi de partida caldrà invalidar-la i treballar de tota manera amb les seqüències que presentin millor *fitness*, perquè acompliran tota la resta de minimitzacions. Si és així, els resultats de la família GA1 i els de la família GA2 no divergiran gaire.
- \* Potser l'algorisme genètic aprofita la possibilitat que es tracta d'un paràmetre no restringit, i fa que aquest valor de la correlació centrada sigui elevat. Si és així, tampoc suposa un problema gran de convergència o de probabilitat d'error en el receptor, puix que malgrat siguin semblants, les subseqüències estaran alineades, i per tant, si existeix algun tipus de contribució en els filtres adaptatius que no han convergit, serà sempre en la direcció del mateix punt d'adquisició. En aquest cas, caldrà comprovar quina és la seva afectació a nivell de resultats de l'estructura multiresolutiva.
- \* L'objectiu òptim seria que l'algorisme genètic assumís que aquest grau de llibertat implica que les subseqüències d'una seqüència PN poden ser iguals, o en tot cas, iguals i de signe canviat. Si és així, aquest valor de correlació creuada mesurat a l'equació 6.11 seria en realitat una autocorrelació, i per tant, ja seria just que s'obviés el valor del màxim. També en aquest cas caldria comparar els seus resultats amb els que ens presenti la família de seqüències GA2.

Com a primera aproximació s'ha decidit realitzar una distància equiponderada de totes aquestes condicions febles, per tal que penalitzi més els components que es desviïn dels valors baixos. Es calcula de la forma següent en el cas de buscar la família de seqüències GA1:

$$fitness_{1seq}^{GA1} = \sqrt{R_{AC}^2 + R_{AC_1}^2 + \dots + R_{AC_4}^2 + (R_{CC_{12}}^\neq)^2 + (R_{CC_{13}}^\neq)^2 + \dots + (R_{CC_{24}}^\neq)^2 + (R_{CC_{34}}^\neq)^2} \quad (6.12)$$

I en el cas de cercar la família de seqüències GA2:

$$fitness_{1seq}^{GA2} = \sqrt{R_{AC}^2 + R_{AC_1}^2 + \dots + R_{AC_4}^2 + R_{CC_{12}}^2 + R_{CC_{13}}^2 + R_{CC_{14}}^2 + R_{CC_{23}}^2 + R_{CC_{24}}^2 + R_{CC_{34}}^2} \quad (6.13)$$

La minimització d'aquest *fitness* farà més bona la seqüència per al seu funcionament en l'estructura multiresolutiva; caldrà veure en quina de les dues famílies s'obtenen més bons resultats. S'ha retornat a la visió no multiobjectiu, contradient el que s'ha detallat en la secció 6.3.2, perquè ha crescut molt el nombre d'objectius a minimitzar, i l'evolució del mateix algorisme multiobjectiu implantat allí hauria dificultat molt la convergència a un bon resultat equilibrat entre els diferents objectius.

**Justificació de la funció de *fitness* escollida** Algunes components de les funcions de *fitness* (veure equació 6.12 i 6.13) són conegudes pel seu ús anterior (l'autocorrelació de la seqüència sencera i l'autocorrelació de les subseqüències). Però la primera de les funcions de *fitness* incorpora una novetat, que ja ha estat detallada matemàticament en l'equació 6.11 i que a continuació se'n donaran els motius de fons.

L'objectiu final de provar si permetent una alta correlació creuada centrada en zero de les subseqüències no és altre d'observar en els resultats del genètic si poden existir bones seqüències pseudoaleatòries que es descomposin en quatre subseqüències de correlació creuada alta, i portat a l'extrem, quatre subseqüències iguals però amb diferent signe. Es tracta d'una condició de disseny nova, i totalment adaptada a les necessitats potencials de l'estructura.

Què guanya l'estructura multiresolutiva si funciona amb una seqüència dissenyada amb aquestes característiques? Redundància en els resultats sense perdre resolució. Si es tractés d'una solució possible, els quatre filtres adaptatius convergirien, i prendria el lideratge el que convergís de forma més clara; seria així, el camí de més potència. L'ajust final el realitzaria, tal i com també es fa ara, a través de la fase de *tracking*. Però la redundància entre els quatre filtres només resultaria interessant al principi. Un cop convergits els filtres, i localitzat el màxim, la desactivació dels altres tres filtres podria ser molt ràpida i, realment, només caldria activar-los per anar validant que es segueix el camí de més potència.

D'altra banda, però, aquest estudi només és possible en profunditat si es contrasta amb una família de seqüències que tingui característiques diferents. És per això que s'engegarà un algorisme igual al corresponent a les seqüències GA1 però amb la correlació creuada minimitzada en la seva totalitat. Serà l'algorisme que donarà les seqüències GA2. Caldrà veure, passi el que passi amb la convergència dels dos genètics, quina de les dues famílies resultants té un comportament millor.

En tot cas, aquestes han estat les hipòtesis plantejades. Caldrà validar quina de les dues és millor en termes de funcionament de l'estructura multiresolutiva. Tots els passos que es



detallen a continuació es realitzen de la mateixa manera per tal d'obtenir la família GA1 de seqüències i també la família GA2. No es replicarà doncs, en aquest document, tota la procedimentació.

### Inicialització

Un cop definida la codificació i la funció de *fitness* a avaluar en cada individu, s'inicialitza una primera població per tal de fer-la evolucionar. La població tindrà una mida de 130 individus<sup>2</sup>, i per tal de generar-los es realitza un procés aleatori. Per tal de saber si compleixen la condició forta, aquesta s'avalua, i si no l'acompleixen són descartats i substituïts per un altre individu generat de la mateixa manera que sí que l'acompleixi.

### Avaluació

Tot seguit, es realitza l'avaluació del càlcul del *fitness* de tots els individus de la població. Se n'obtenen les subseqüències (quatre per a cada individu) i se'n calcula cada un dels termes que formen al *fitness*, així com aquest mateix valor. D'aquesta manera es disposa ja de la ordenació dels individus més adaptats, o dels menys adaptats.

Un cop realitzada la inicialització i l'avaluació de la població, ja es procedeix a evolucionar la població, en aquest cas, usant creuament.

### Creuament

S'han implementat dues variants de creuament, anomenades per a aquest cas *creuament* i *creuament ad hoc*. Ambdues són creuaments unipunt (veure apartat 3.6). S'ha llançat l'algorisme genètic a la població usant alternativament un tipus de creuament o l'altre, i més endavant se'n mesuraran els resultats comparativament pel que fa al seu funcionament. La probabilitat de creuament en aquest algorisme genètic s'ha fixat a  $P_{creu} = 0.3$ , i la probabilitat de mutació a  $P_{mut} = 0.01$ .

El *creuament* es realitza prenent dos individus escollits aleatòriament i realitzant el creuament en un punt aleatori de la seqüència PN. Aquest tipus de creuament es realitza, doncs, tenint en compte tota la seqüència.

---

<sup>2</sup>Cal no confondre el nombre de seqüències PN amb la mida de la família; en aquest cas, es generen seqüències per a ser usades de forma individual, per tant, quants més individus es provin, més possible és obtenir seqüències que compleixin els requeriments.

El *creuament ad hoc* es realitza prenent dos individus escollits aleatòriament, però s'actua sobre les subseqüències delmades d'aquests dos individus. Es fa un creuament unipunt per la primera subseqüència (en un punt escollit aleatòriament), i el mateix per la segona, tercera i quarta subseqüència, tots ells amb punts de creuament diferents. I després es torna a generar la seqüència sencera a partir de la multiplexatge temporal de les versions obtingudes pel creuament de les versions delmades.

Davant de l'execució del creuament en la població, caldrà comprovar que el balancejat es segueixi complint en els individus. Això es realitza dins de la fase de creuament, sigui del tipus que sigui, i aquest balancejat es garanteix usant mutació (després de realitzar la mutació, es comprova que el balancejat sigui el correcte). És a dir, en el cas que la propietat no es compleixi, ja sigui a nivell de seqüència en el cas del *creuament* o a nivell de subseqüència, en el cas de *creuament ad hoc*, es realitza les mutacions necessàries en els elements discordants, que impedeixen l'acompliment de la propietat.

Finalment, comentar que la mutació es realitza únicament dins de la fase de creuament, i sobre dels individus que han estat resultat d'un creuament (de qualsevol dels dos tipus). La probabilitat de mutació s'ha fixat a  $P_{mut} = 0.01$  en aquest algorisme genètic.

## Selecció

La selecció consisteix en escollir els individus més bons per a propagar-se a la generació següent. És d'aquesta manera que s'exerceix la pressió selectiva inspirada en l'origen de les espècies de Darwin descrit per [Hol75]. Els individus amb més probabilitat de sobreviure seran els que passaran la seva informació genètica a les generacions següents.

En aquest sentit, s'ha reservat el 20% dels millors individus amb *fitness*, i s'han separat de la selecció, per tal de garantir d'aquesta manera que cap d'ells sigui descartat pel procés de selecció. L'algorisme de selecció actuarà, doncs, per a triar el 80% dels individus restants. En aquest algorisme genètic s'han implementat dos tipus de selecció: *i*) el *fitness proportionate selection* o *roulette-wheel selection* [Hol75] i la *ii*) selecció basada en torneig [Gol89, GD91].

En la *roulette-wheel selection* el valor del *fitness* de cada individu li associa una determinada probabilitat d'ésser seleccionat, proporcional a la participació del *fitness* de l'individu respecte al còmput de *fitness* acumulat de tota la població. I finalment, se selecciona l'individu en funció de la probabilitat associada al seu *fitness* calculant una variable aleatòria uniforme i comparant-la amb aquest valor. Es tracta d'un sistema de selecció elitista, que té per objectiu quedar-se amb els millors individus de la població.

En el cas de la selecció per torneig, s'escullen aleatòriament els individus de la població en parelles, en aquest cas, permetent la repetició d'individus - el que farà que el procés sigui més elitista -. D'aquests tornejos, se'n seleccionen els millors, els guanyadors de cada torneig, per tal de formar part de la següent generació de l'algorisme genètic. Es repeteix el procés (d'escollir la parella i fer el torneig) fins que s'omple la població.

Per tal de preservar la diversitat de la població, el que es fa és observar el conjunt dels *fitness* de tots els individus. Si aquest varia a mesura que el genètic evoluciona, no hi haurà problemes de diversitat; però si no és així, s'atura l'algorisme - perquè està clar que ja no s'estan generant solucions noves.

Un cop seleccionats els nous individus de la població, es recomença el procés, per tal de trobar una generació més de la població d'interès.

### Condicions de parada

Per tal d'aturar l'algorisme genètic ha d'ocórrer una d'aquestes tres situacions: *i*) o bé s'ha esgotat el nombre màxim d'iteracions especificat, o bé que *ii*) la població s'hagi estancat en un individu amb un bon *fitness*, que ha predominat sobre els altres individus de la població i que s'ha convertit en l'únic individu de l'antiga població, i finalment, *iii*) que hi hagi un estancament en l'evolució dels diferents individus; és a dir, que durant un seguit de convergències de l'algorisme, no s'està generant cap individu que faci variar la distribució dels *fitness* dels individus que hi ha a la població. Cal dir que hi haurà una situació en la que es podrà afirmar que l'algorisme genètic ha acabat el seu procés, i és quan es pot afirmar que ha convergit. Això succeeix quan tots els individus de la població han convergit cap al millor individu, i ha deixat d'haver-hi diversitat.

### 6.4.2 Algorisme Genètic per a la generació de les famílies de seqüències GA - 2, 4 i 8 usuaris

En el disseny de les famílies de seqüències multiusuari (de 2, 4 o 8 membres), s'ha partit del disseny de les seqüències GA detallat a l'apartat 6.4.1, prenent la funció de *fitness* de la primera família (família GA1), per els resultats que s'observaran més endavant en aquest treball de tesi (veure apartat 6.6); l'objectiu és, doncs, minimitzar la correlació creuada de les subseqüències llevat del punt en què estan en fase. Per ara, no hi ha l'objectiu de realitzar la mateixa comparativa que en el cas de les seqüències monousuari, tot comparant el funcionament en l'estructura multiresolutiva de la família de seqüències GA1 i la GA2. Tan sols es té la pretensió de veure els resultats de *fitness* dissenyat en les noves seqüències

i comparar-lo amb les seqüències  $m$ , Gold i Walsh, per tal de comprovar si els objectius descrits són assolibles.

Les famílies resultants s'han calculat, però, amb una estructura que s'acosta més a una estratègia evolutiva  $(\mu, \lambda)$ -ES, que no pas a un algorisme genètic. Com que l'objectiu final és obtenir una població de 2, 4 o 8 individus, i no un sol individu amb un bon *fitness*, es parteix d'una ES que genera una seqüència nova a cada iteració de l'evolució usant un algorisme genètic. Per tant, la generació de la família de seqüències es dona usant una estratègia evolutiva, però cada un dels individus que s'avaluen en la família, ve generat per un algorisme genètic.

**Funció de *fitness*** La funció de *fitness* per a cada un dels individus de la població és la següent:

$$fitness_{nseq}^a = \sqrt{(R_{AC}^a)^2 + \sum_{i=1}^4 (R_{AC_i}^a)^2 + \sum_{i=1}^4 \sum_{j=i+1}^4 (R_{CC_{ij}}^a)^2 + \sum_{b=2}^{nseq} (R_{CC}^{a,b})^2 + \sum_{b=2}^{nseq} \sum_{c=1}^4 (R_{CC_c}^{a,b})^2} \quad (6.14)$$

On  $a$  és l'índex de la seqüència sencera actual,  $i$  i  $j$  és l'índex de les subseqüències,  $nseq$  és el nombre de seqüències de la família. En l'expressió es contempla l'autocorrelació de la seqüència sencera (veure equació 6.2), l'autocorrelació de les seqüències delmades (veure equació 6.3), la correlació creuada entre les seqüències delmades (veure equació 6.11), la correlació creuada entre seqüències (veure equació 6.4) i finalment, la correlació creuada de les seqüències delmades entre seqüències (veure equació 6.5).

**Inicialització** La inicialització de l'estratègia evolutiva es fa usant les millors seqüències individuals trobades per l'algorisme presentat a l'apartat 6.4.1. D'aquesta forma es garanteix que almenys els paràmetres que es tingueren en compte en el genètic monousuari estan minimitzats. En realitat, però, la funció de *fitness* incorpora noves dades, que són les correlacions cruades, tant la correlació creuada entre seqüències, com la correlació creuada entre les subseqüències dels diferents individus d'una població (veure equació 6.4)

**Creuament i selecció** L'algorisme genètic dissenyat per a la generació de cada nova seqüència de la família és un genètic clàssic, com l'explicat a l'apartat 6.4.1. El cas particular implementat és un algorisme amb *creuament ad hoc* i selecció per torneig (TNS). L'algorisme genètic es llançarà una vegada per a cada generació de la ES de la família de

seqüències GA, per tal d'obtenir un individu nou. Alhora, a cada llançament de l'algorisme, se li cedeixen fins a 1000 generacions per tal d'obtenir una bona seqüència. Si la seqüència és bona, probablement no li caldrà esgotar totes les generacions disponibles per arribar-hi.

Un cop generada, s'avaluen tots els *fitness* de les seqüències de la família, i si el nou individu és millor que l'anterior, es manté. Si no ho és, es descarta i se'n genera un altre fins que l'acompleixi. En aquest sentit, s'usa un algorisme de selecció *steady-state*, consistent en eliminar sempre el pitjor element després d'haver fet un rànquing amb tots els individus de la població.

**Condicions de parada** Aquest algorisme tindrà poques variacions en el valor del *fitness* dels seus individus, perquè els paràmetres a millorar són molts. Les condicions de parada d'aquest algorisme són per esgotament del nombre d'iteracions permeses, en el cas de la família de 2 individus, de 2000 iteracions; la família de 4 individus, de 4000 iteracions, i la família de 8 individus, de 8000 iteracions.

### 6.4.3 Resultats i convergència

A continuació es detalla el comportament i la convergència de cada un dels algorismes evolutius implementats per tal d'obtenir les seqüències GA, tant la família GA1 com la família GA2. Es realitza un anàlisi de convergència per a cada mètode (així com de selecció i creuament) i també per a cada família de seqüències generada (2, 4 o 8 usuaris).

#### Resultats per a una seqüència (família GA1 i GA2)

A continuació es presenten els primers resultats per a les propostes explicades en l'apartat 6.4 per al cas de tenir una sola seqüència PN a dissenyar (veure apartat 6.4.1); és a dir, no es considera dins del *fitness* els valors de correlació creuada entre les diferents seqüències de la població.

**FAMÍLIA GA1** Els *fitness* resultants de les 4000 seqüències generades<sup>3</sup> es mostren a la figura 6.5; són les seqüències obtingudes en llançar 1000 vegades cada genètic, amb quatre

<sup>3</sup>Cal recordar que cada una d'aquestes seqüències GA s'han generat a partir d'una població de 130, escollint la millor d'elles després d'haver llançat el funcionament del genètic el nombre de generacions predeterminades. Un cop recol·lectades les millors seqüències de cada genètic llançat, s'agrupen en aquest conjunt de 4000 seqüències, les millors.

casos diferents (dos per creuament i dos per selecció, malgrat aquests resultats es presenten integrats puix que l'interès és obtenir la millor seqüència possible). S'ha dibuixat el valor de *fitness* ordenat de millor a pitjor; és evident l'empitjorament de les condicions de satisfacció de les restriccions per part de les seqüències generades a mesura que augmenta el número de seqüència. Les seqüències d'interès seran, doncs, les primeres d'aquesta llista. Són les que es poden observar a la part inferior de la figura 6.5. Malgrat tot, dins d'aquest grup més privilegiat, també n'hi ha amb un *fitness* més privilegiat que la resta (les tres o quatre primeres seqüències GA).

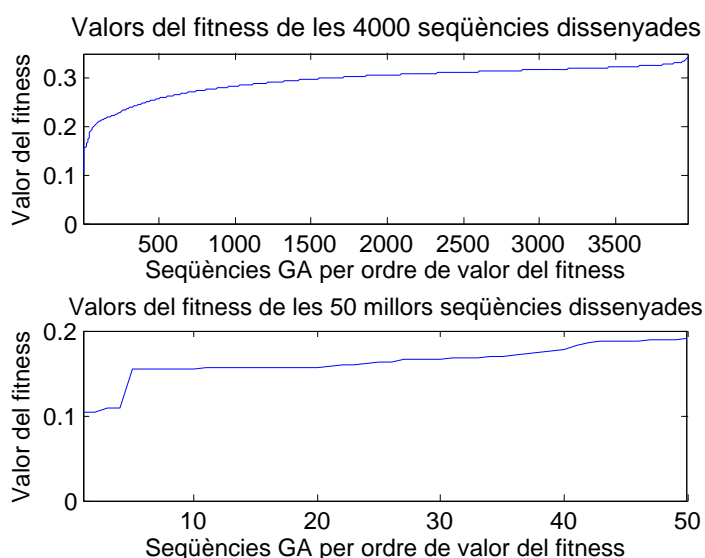


Figura 6.5: Valors de *fitness* de les seqüències de la família GA1 resultants, ordenats per ordre creixent de *fitness*, de millor a pitjor. La gràfica superior és la que presenta tots els resultats de *fitness* de totes les seqüències generades, i la inferior és un zoom del *fitness* de les 50 millors seqüències.

En el moment d'usar una d'aquestes seqüències es prendran la primera seqüència, que és la que presenten millors resultats en termes de satisfacció de les restriccions. No és problema la diferència de *fitness* entre les diferents seqüències perquè no es tracta d'un sistema multiusuari (veure apartat 6.3.2). D'aquest fet ja se'n parlarà a l'apartat 6.4.3.

A continuació es revisa l'evolució del millor resultat obtingut per a cada una de les proves llançades amb l'algorisme genètic. Són quatre combinacions possibles: *i*) creuament de seqüència sencera i *roulette-wheel selection*, *ii*) creuament de seqüència sencera i selecció per torneig, *iii*) creuament de les subsequències (*creuament ad hoc*) i *roulette-wheel selection* (RWS) i finalment *iv*) creuament de les subsequències i selecció per torneig (TNS). En cada cas es presenta només els millors resultats possibles de l'algorisme genètic, que ha estat

llançat 1000 vegades, a causa del fet que es va observar que la qualitat del resultat depenia molt de la inicialització del sistema.

**Creuament - RWS** A la figura 6.6 es mostra l'evolució de les 11 components del *fitness* (veure equacions 6.12 i 6.13) i el mateix *fitness* del millor individu de les 1000 poblacions llançades. La població va obtenint generacions millors fins passades les 680 generacions, quan per estabilitat en les últimes generacions es para l'algorisme.

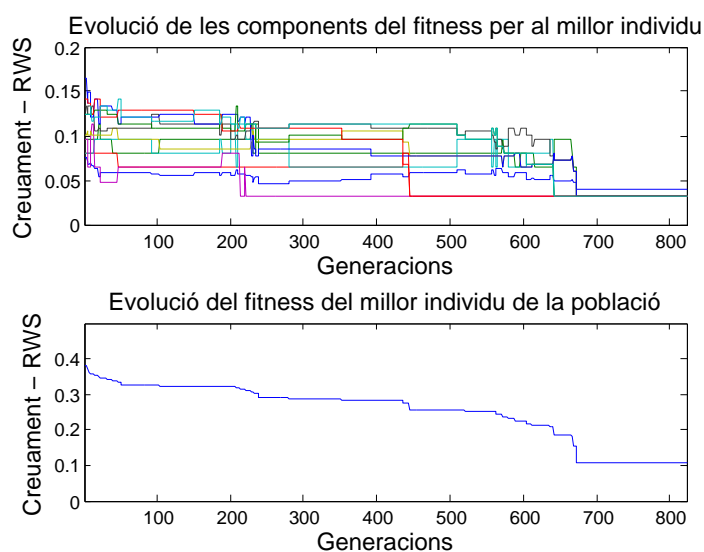


Figura 6.6: Evolució del millor individu en funció del número de generació de l'algorisme genètic entre les 1000 poblacions llançades en el cas de que el GA funciona amb *creuament* i selecció per ruleta

**Creuament - TNS** A la figura 6.7 es mostra l'evolució de les components del *fitness* i el mateix *fitness* del millor individu de les 1000 poblacions llançades, per les primeres 500 generacions, moment en el que l'estabilitat dels resultats obtinguts fa que es pari l'algorisme genètic i que es doni per bo el millor individu en termes de *fitness*.

**Creuament ad hoc - RWS** A la figura 6.6 es mostra l'evolució de les components del *fitness* i el mateix *fitness* del millor individu de les 1000 poblacions llançades, per a les primeres 800 generacions, moment en què l'estabilitat dels resultats fa parar l'algorisme genètic.

**Creuament ad hoc - TNS** A la figura 6.6 es mostra l'evolució de les components del *fitness* i el mateix *fitness* del millor individu de les 1000 poblacions llançades, per a les primeres 800 generacions, moment en el què l'estabilitat dels resultats fa parar l'algorisme genètic.

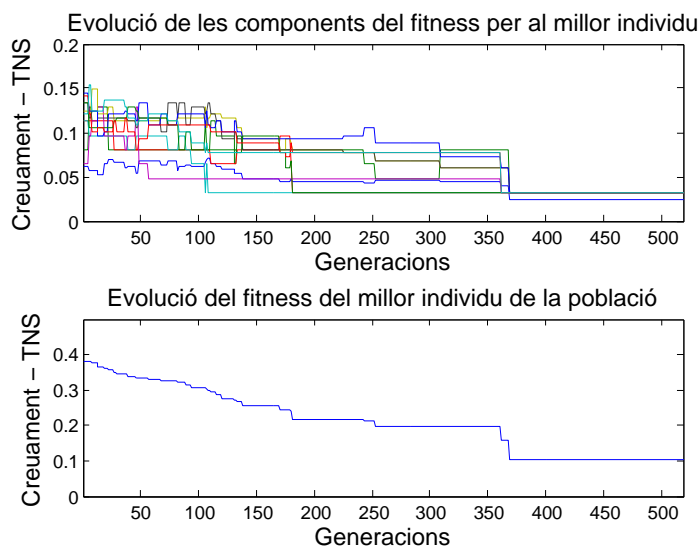


Figura 6.7: Evolució del millor individu en funció del número de generació de l'algorisme genètic entre les 1000 poblacions llançades en el cas de que el GA funciona amb *creuament* i selecció per torneig

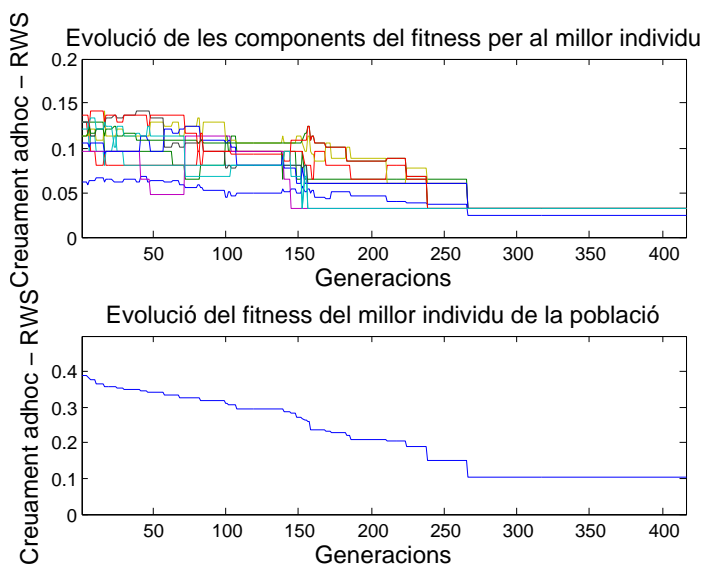


Figura 6.8: Evolució del millor individu entre les 1000 poblacions llançades en el cas de que l'algorisme genètic funciona amb *creuament ad hoc* i selecció per ruleta



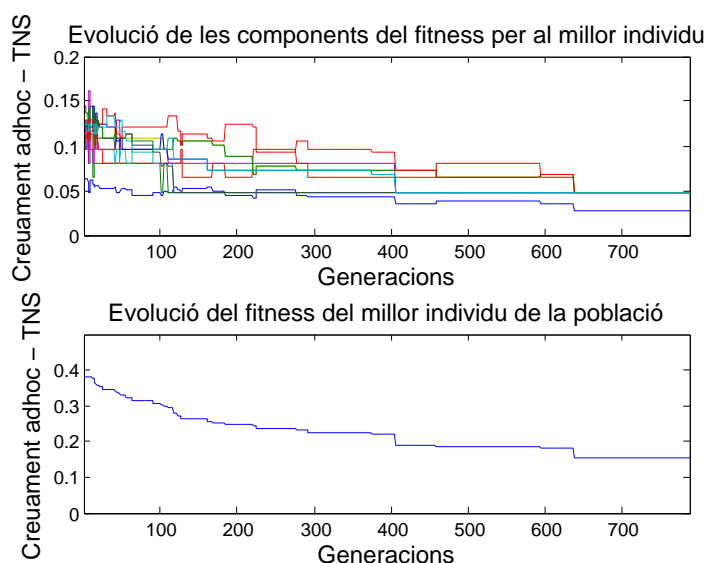


Figura 6.9: Evolució del millor individu en funció del número de generació de l'algorisme genètic entre les 1000 poblacions llançades en el cas de que el GA funciona amb *creuament ad hoc* i selecció per torneig

**Avaluació del millor creuament i la millor selecció** Finalment, cal fer una avaluació de quin ha estat el mètode de creuament i de selecció que ha donat millors resultats en termes de *fitness*.

Tal i com s'observa a la figura 6.10, on es mostren ordenats de millor a pitjor *fitness* tots els individus resultants dels algorismes genètics, no hi ha una diferència substancial de funcionament entre les quatre variants de l'algorisme genètic funcionant. Si s'observa amb deteniment les millors seqüències, aquelles que tenen un *fitness* més baix, es pot afirmar que el punt de sortida és més baix per tres dels quatre genètics: *i)* creuament i selecció per ruleta, *ii)* creuament i selecció per torneig, i finalment *iii)* creuament ad hoc i selecció per ruleta. D'aquests tres millors, el creuament i la selecció per torneig és el que obté un parell de seqüències amb *fitness* més baix (veure figura 6.10, part inferior), a diferència de les altres dues, que només en disposa la primera de les seqüències.

Malgrat aquest anàlisi, si la observació és més oberta i es mira l'anàlisi sencer, les quatre corbes de *fitness* evolucionen pràcticament a la mateixa velocitat, i per tant, no es pot afirmar que un dels quatre mètodes sigui clarament millor que els altres tres.

D'altra banda, però, convé observar quin és el nombre de generacions necessàries per a la convergència de la seqüència GA1 per a cada un dels mètodes. Aquesta informació la tenim a la figura 6.11, on es mostren els boxplots del nombre de generacions necessàries

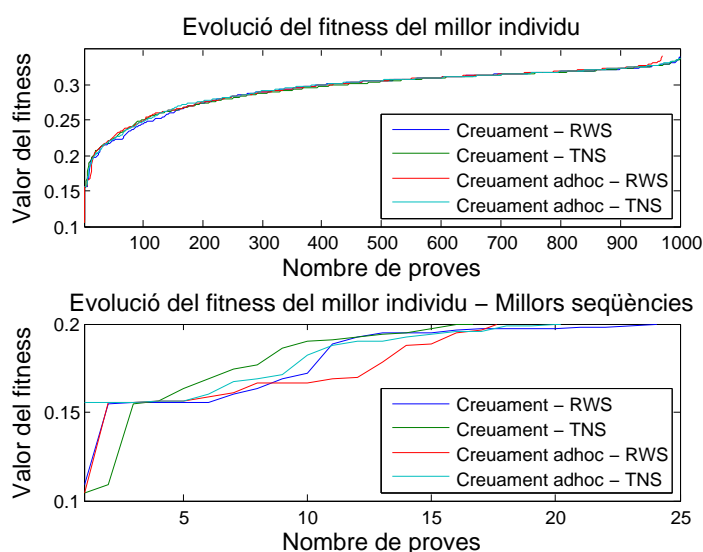


Figura 6.10: Comparativa del comportament per a les quatre variants de l'algorisme genètic engedades per tal d'obtenir les seqüències GA1, ordenades de millor a pitjor *fitness*. En aquest cas no es contemplen les generacions, puix que s'assumeix que els diversos GA ja han convergit. Es pren, doncs, l'individu resultant de cada genètic amb el millor *fitness* possible.

per a la convergència dels algorismes genètics de cada tipus. En aquesta figura s'observa com els mètodes que usen com a selecció el *roulette-wheel selection* són lleugerament més òptims que els que usen torneig. La diferència és d'aproximadament 30-35 generacions en mitjana. Per tant, encara que sigui només per a aquesta dada, cal dir que la selecció per ruleta és lleugerament més ràpida que la selecció per torneig.

**FAMÍLIA GA2** Els *fitness* resultants de les 4000 seqüències generades es mostren a la figura 6.12, tal i com ja s'havia realitzat per a les seqüències GA1; són les seqüències obtingudes en llançar 1000 vegades cada genètic, amb quatre casos diferents (dos per creuament i dos per selecció). S'ha dibuixat el valor de *fitness* ordenat de millor a pitjor; és evident l'empitjorament de les condicions de satisfacció de les restriccions per part de les seqüències generades en comparació amb les seqüències GA1. Les seqüències que s'usaran són, doncs, les primeres d'aquesta llista. Són les que es poden observar a la part inferior de la figura 6.12.

No es mostrarà en aquest cas quins són els millors mètodes de creuament i de selecció, malgrat que el treball realitzat ha demostrat que els resultats són com els ja mostrats per a les seqüències GA1. Tampoc es realitza una comparació directa dels valors del *fitness*

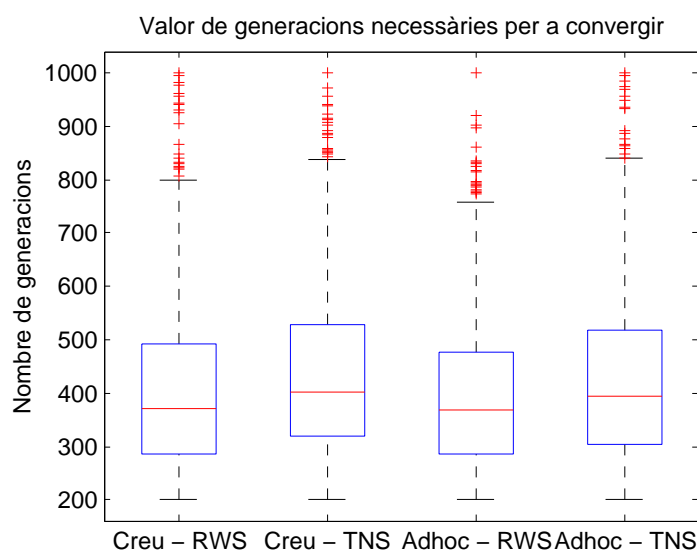


Figura 6.11: Boxplot del nombre de generacions necessàries per a la convergència en cadascun dels mètodes usats en l'algorisme genètic per a la generació de la seqüència GA1, durant les 1000 iteracions de l'algorisme genètic.

obtinguts en les proves de les seqüències GA1 i GA2, puix que com que l'objectiu de *fitness* és diferent perquè els paràmetres a tenir en compte són distints, no aportaria informació.

### Resultats per a múltiples seqüències - escenari multiusuari

Els resultats que es presenten a continuació estan classificats per nombre de seqüències que té cada família dissenyada. Cal recordar que, tal i com s'ha descrit a l'apartat 6.4.2, les famílies de seqüències s'han dissenyat usant estratègies evolutives, alhora que l'algorisme genètic clàssic, per a fer-los convergir. Cal considerar, doncs, que els resultats tindran dues evolucions a tenir en compte: les generacions de l'estratègia evolutiva amb el recompte de *fitness* per a cada individu de la família, alhora que l'evolució de les generacions de l'algorisme genètic clàssic engegat per a obtenir una seqüència nova per a la família i per a cada generació de l'ES.

**Família de 2 seqüències** A la figura 6.13 es mostra l'evolució del *fitness* de l'estratègia evolutiva per a les dues seqüències que formen la família, mostrant doncs l'evolució del *fitness* de cada una de les dues seqüències. Es poden observar dues coses: en primer lloc, el valor del *fitness* és pitjor que en el cas de tenir una sola seqüència, ja que s'incorporen força factors nous dins de la funció de *fitness*. En segon lloc, que el rang de variació del *fitness* és

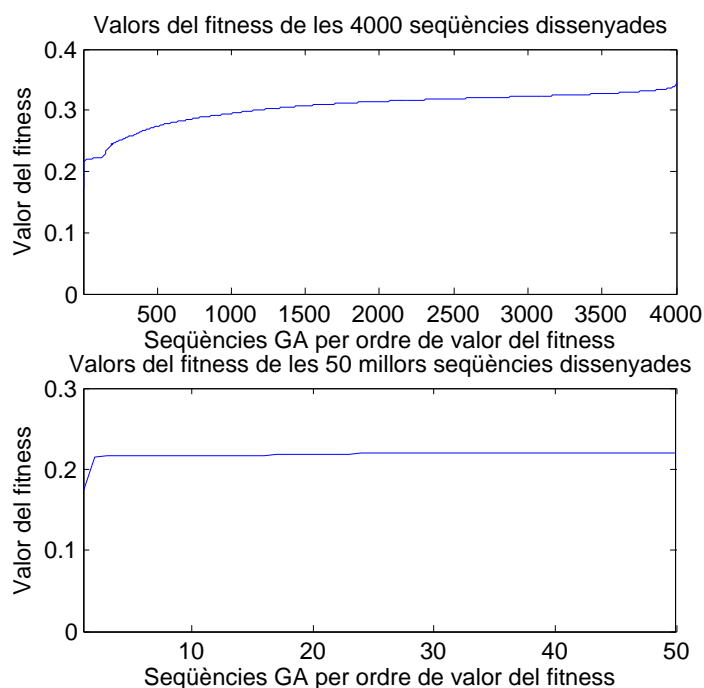


Figura 6.12: Valors de *fitness* de les seqüències GA2 resultats, ordenats per ordre creixent de *fitness*, de millor a pitjor

menor, o dit d'una altra manera, que a l'algorisme li costa trobar una seqüència que millori la família actual. Cal pensar que la inicialització es realitza amb les millors seqüències obtingudes de l'algorisme genètic (amb les seves quatre variants) descrit a l'apartat 6.4.1, per tant, una bona part de la funció de *fitness* ha estat ja optimitzada.

D'altra banda, a la figura 6.14 s'observa la convergència de la millor seqüència (la que presenta un *fitness* menor en la figura 6.13) que s'ha dissenyat per a minimitzar la funció de *fitness* de la família de 2 seqüències. S'observa que la millora de totes les components (en total 16) del *fitness* és complicada, i que sovint cal assumir que alguna de les característiques tindrà un valor més elevat a canvi de que d'altres puguin tenir un valor més baix.

S'ha realitzat el mateix detall de l'aplicació de les estratègies evolutives i els algorismes genètics per a la família de 4 seqüències i també per a la de 8 seqüències. Aquests resultats es poden trobar a l'annex E, amb el mateix detall que s'acaben de mostrar els resultats per a la família de 2 seqüències.

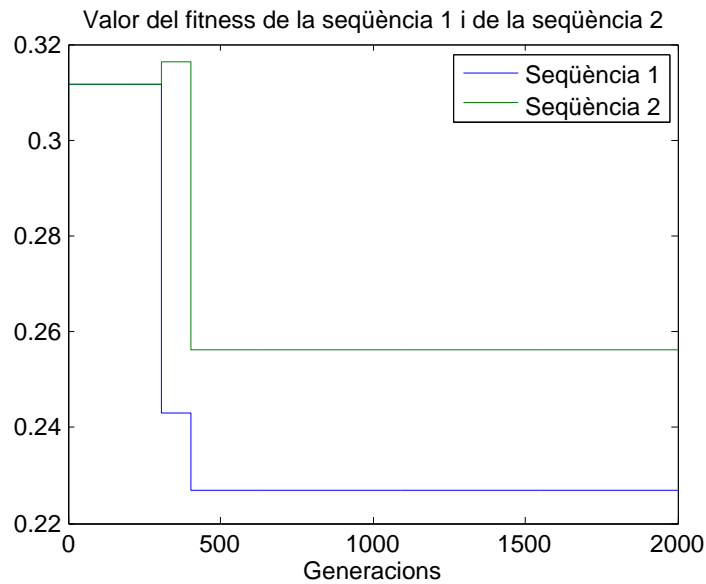


Figura 6.13: Evolució de les components del *fitness* de cada seqüència en la família de 2 seqüències per a les 2000 generacions de l'estratègia evolutiva

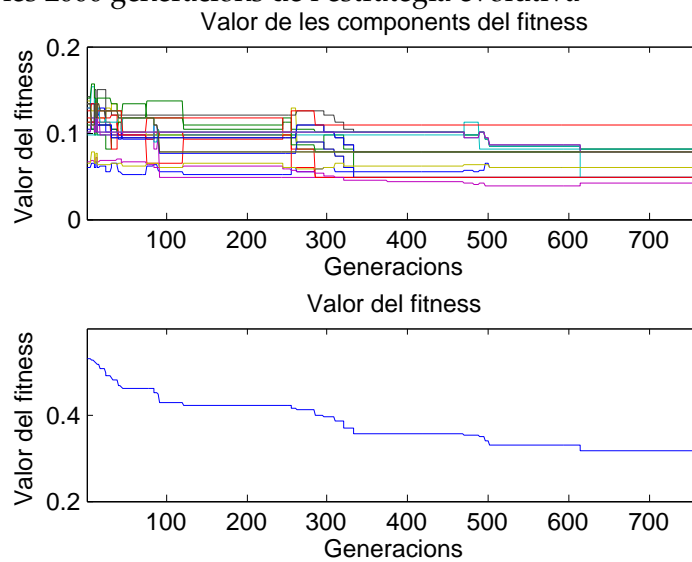


Figura 6.14: Evolució de les components del *fitness* i del *fitness* de la millor seqüència generada pel GA en la família de 2 seqüències (la que a la figura 6.13 presenta un *fitness* més baix) en les seves 1000 generacions

## 6.5 Resultats comparatius a les seqüències PN clàssiques en termes de satisfacció de les restriccions de l'estructura

Abans d'avaluar les seqüències GA dissenyades mitjançant l'algorisme detallat en l'apartat 6.4 en termes de satisfacció de les restriccions, cal recordar breument les restriccions que demana l'estructura multiresolutiva (veure apartat 6.2). Cal que totes les seqüències dissenyades compleixin la condició forta del balancejat (veure l'equació 6.1). També cal que totes les seqüències acompleixin una bona autocorrelació (veure equació 6.2) i alhora, que l'autocorrelació de les seves subseqüències també sigui bona (veure equació 6.3). Finalment, cal que la correlació creuada entre les subseqüències d'una determinada seqüència PN també sigui mínima - excepte en el punt central, que no està controlat en el cas GA1 (veure equació 6.11) - o per contra, també en el punt central, tal i com s'ha dissenyat per les seqüències GA2 (veure equació 6.6). Fins aquí les restriccions que ha d'acomplir tota seqüència PN dissenyada. Però si aquesta seqüència pertany a una família que té dos o més membres, també ha d'acomplir les restriccions de correlació creuada entre seqüències (veure equació 6.4), i també la correlació creuada entre les seqüències delmades de les diferents seqüències de la família (veure equació 6.5).

### 6.5.1 Resultats en termes de mesura de *fitness*

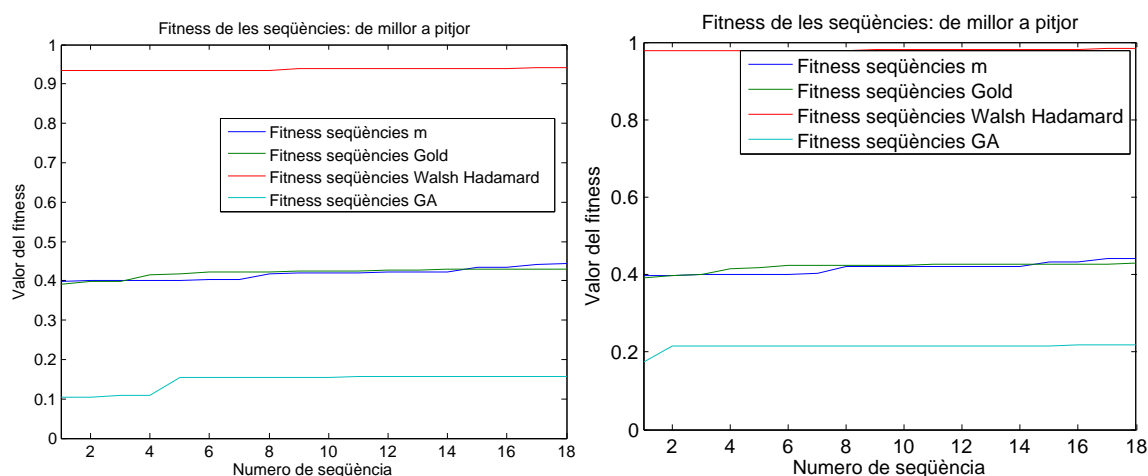
A continuació es presenten els resultats de les seqüències GA generades en termes de *fitness*. El valor del seu *fitness*, que en el fons és el seu grau de satisfacció de les restriccions demanades a l'apartat 6.2, es compara amb els equivalents en les seqüències Gold [Gol68], seqüències *m* [Gol67] i seqüències Walsh [And70].

Cal aclarir en aquest cas que es farà una valoració per separat de les seqüències de la família GA1 i de la família GA2. El motiu és que com que el que canvia entre l'una i l'altra és precisament la funció de *fitness*, els valors parcials d'aquesta funció també seran diferents i no té sentit col·locar-los a la mateixa gràfica comparativa. Es realitzaran, doncs, les comparacions de la família GA1 amb les altres seqüències, i acte seguit les de la família GA2 també amb les altres seqüències.

A la figura 6.15.a i 6.15.b s'observen el valor del *fitness* per als millors 18 valors de les seqüències abans esmentades per al disseny d'una sola seqüència PN. S'hi mostren, doncs, els valors per a les 18 seqüències que presenten un millor *fitness* en els termes definits. Cal veure que les seqüències Walsh són les que presenten pitjors valors de *fitness*, seguides de les seqüències Gold, i finalment les seqüències *m*. No és estrany que les millors després

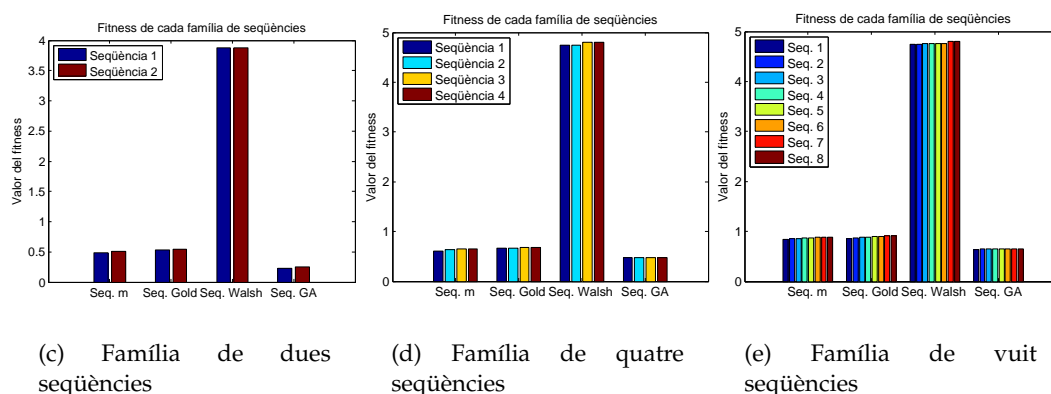
## 6.5 Resultats comparatius a les seqüències PN clàssiques en termes de satisfacció de les restriccions de l'estructura 233

de les seqüències GA siguin les seqüències  $m$ , puix que es tracta del disseny d'una sola seqüència, i per tant, prima el valor de l'autocorrelació; cal recordar que les seqüències  $m$  estan dissenyades per a minimitzar l'autocorrelació de la seqüència sencera, per tant, un dels paràmetres a minimitzar pel *fitness* també és un dels objectius d'aquesta seqüència ja prèviament dissenyada. D'altra banda, s'observa també en aquestes dues figures que el *fitness* pren valors més elevats si s'avalua amb el de les seqüències GA2, puix que tenen en compte una posició més de la correlació creuada.



(a) Una sola seqüència - Família GA1

(b) Una sola seqüència - Família GA2



(c) Família de dues seqüències

(d) Família de quatre seqüències

(e) Família de vuit seqüències

Figura 6.15: Valors de *fitness* de les cinc famílies de seqüències PN

Una altra de les mesures interessants sobre aquests valors de *fitness* és la variabilitat del seu valor, fins a quin punt els resultats de les primeres seqüències són canviants o per contra, s'assemblen en valor entre ells. A la figura 6.16 (per a les GA1) i 6.17 (per a

les GA2) s'observen alhora els *boxplots* del *fitness* per a les 18 millors seqüències GA, i al seu costat, el *boxplot* del *fitness* per a totes les seqüències possibles disponibles per a realitzar la comparació entre les seqüències GA1 i les seqüències *m*, Gold i Walsh (són el conjunt de seqüències *m* que és més reduït, la resta disposen de més seqüències per a cada família). Les desviacions són baixes per a totes les seqüències en el cas de les 18 millors seqüències, però malgrat tot, es veu de forma clara quina família té uns pitjors resultats: les seqüències Walsh. I es torna a observar clarament que la millor mitjana pertany a les seqüències GA. D'altra banda, però, si es tenen en compte totes les seqüències disponibles, les seqüències Walsh acumulen també la major desviació, no només els pitjors resultats. I les seqüències GA presenten altra vegada els millors resultats en termes de mitjana, tant en el cas particular de les GA1 com en el de les GA2.

### 6.5.2 Resultats en termes d'autocorrelació

A continuació es farà una revisió dels resultats de les seqüències GA en termes d'autocorrelació. Cal recordar que l'autocorrelació s'avalua tal i com s'ha detallat a l'equació 6.2 per a les seqüències completes, i a l'equació 6.3 per l'autocorrelació en les subseqüències. També cal tenir present que els valors que es presenten són sempre valors mitjos en totes les posicions de cada una de les seqüències.

Els resultats es presenten a continuació, separats en funció del nombre de seqüències de cada una de les famílies (fins ara els resultats s'havien presentat junts).

#### Una sola seqüència

La figura 6.18 mostra una comparativa dels valors d'autocorrelació, tant per les seqüències senceres com per les subseqüències (es combinen igual que en el *fitness*, calculant-ne la distància), i la correlació creuada entre les subseqüències. S'ha realitzat la mesura per les seqüències GA1 (en el cas de la figura 6.18.a) i les seqüències GA2 (en el cas de la figura 6.18.b) dissenyades, però també per les seqüències Gold, *m* i Walsh. En la figura 6.18 s'observa com la dependència entre l'autocorrelació i la correlació creuada són dos mesures sobre les seqüències que creixen en valor de forma força lineal entre totes les famílies, malgrat que en alguna família es presenten com a núvol. I en aquesta gràfica s'observa que els millors parells pertanyen a les seqüències GA dissenyades (tant les GA1 com les GA2, no hi ha diferències de valors significatives), seguides de les seqüències *m*, de les Gold i finalment, de les Walsh.

Els resultats de la figura 6.18 són coherents en el sentit que les seqüències GA han estat



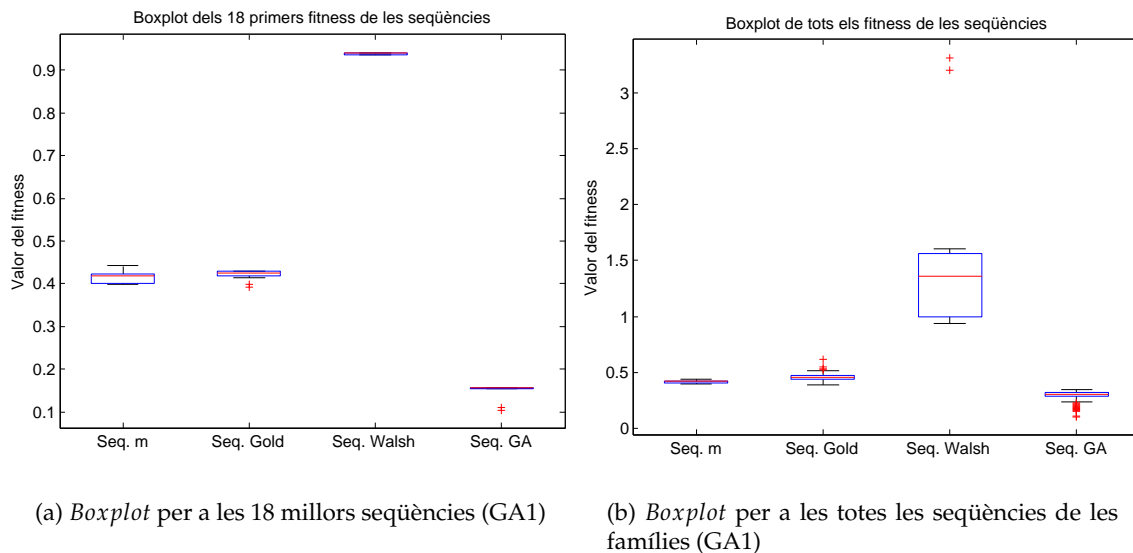


Figura 6.16: **(Una sola seqüència - GA1)** *Boxplot* dels valors de *fitness* dels elements de cada família de les seqüències PN

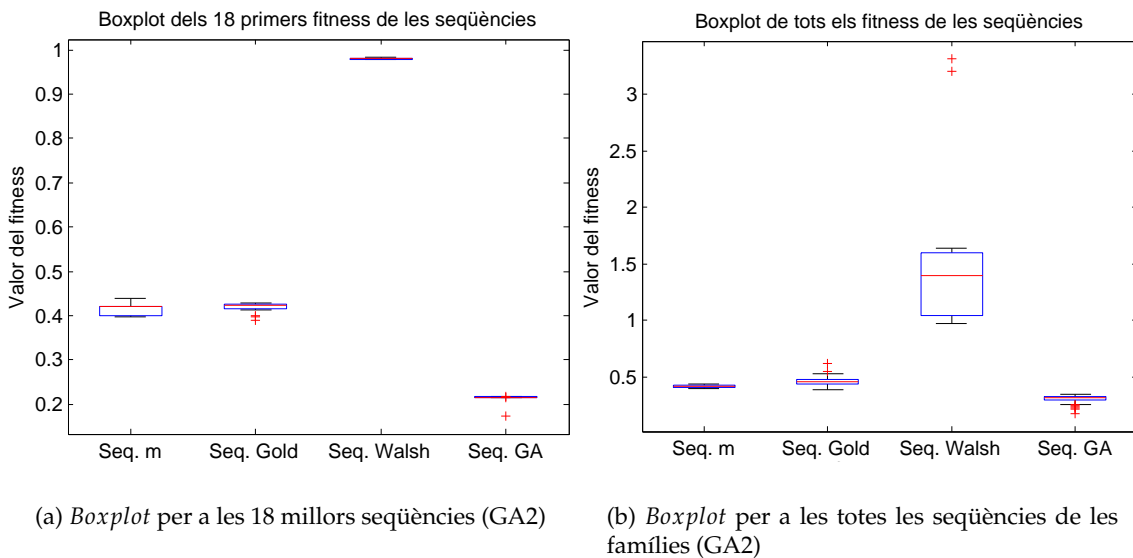


Figura 6.17: **(Una sola seqüència - GA2)** *Boxplot* dels valors de *fitness* dels elements de cada família de les seqüències PN

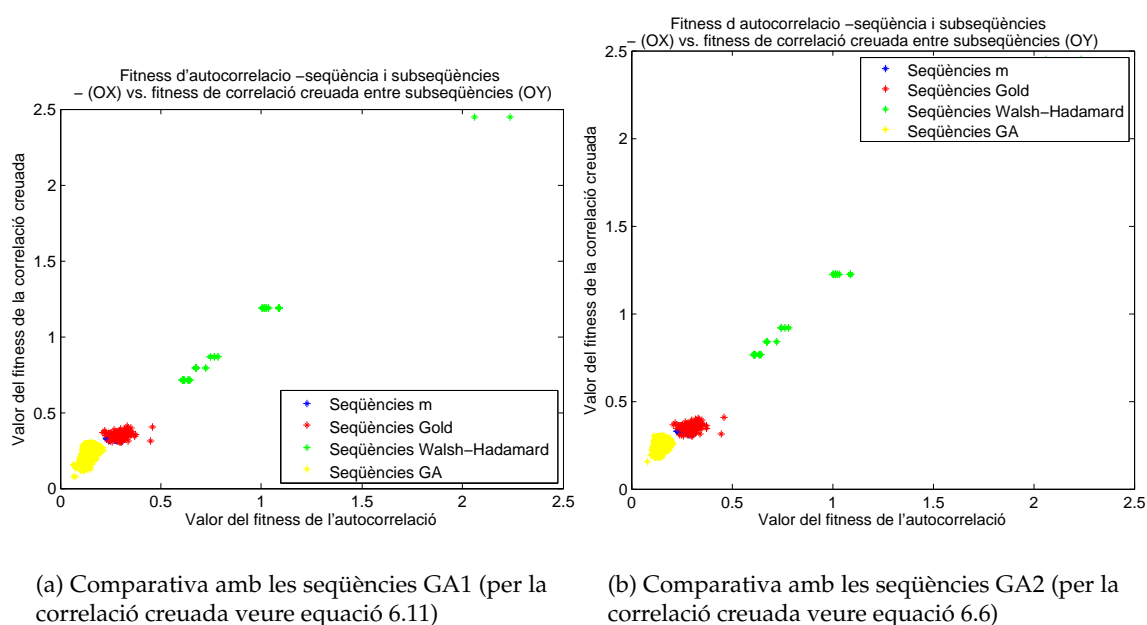


Figura 6.18: **(Una sola seqüència)** Comparativa dels valors d'autocorrelació (seqüència sencera i subseqüències) i de la correlació creuada entre les subseqüències de les diferents famílies

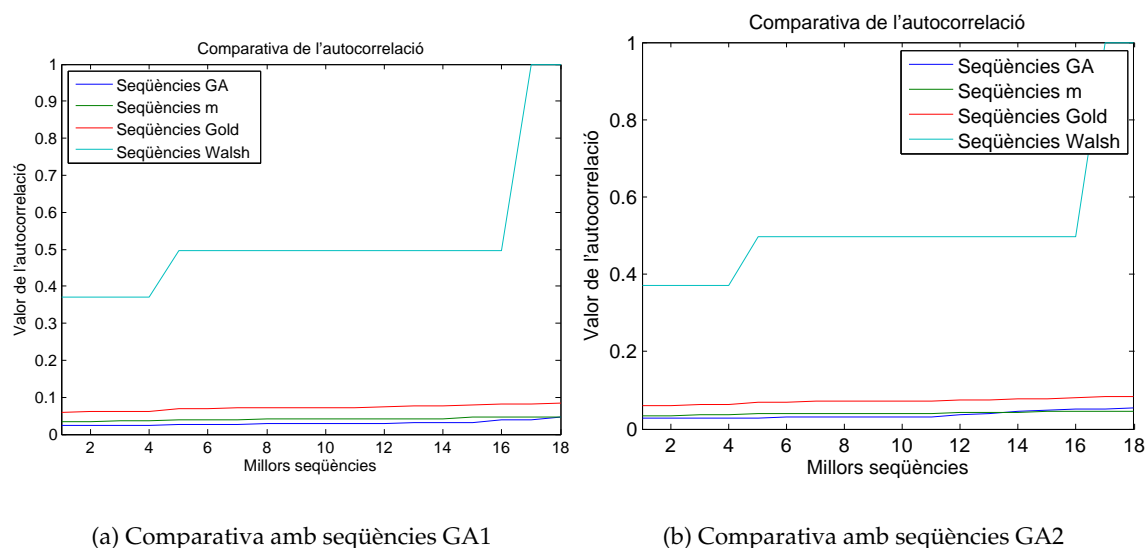


Figura 6.19: **(Una sola seqüència)** Comparativa dels valors de l'autocorrelació de la seqüència sencera en les 18 millors seqüències de cada família

dissenyades per minimitzar l'autocorrelació i la correlació creuada entre les subseqüències; les seqüències  $m$  han estat dissenyades per minimitzar l'autocorrelació entre les seqüències senceres, i les seqüències Gold per a mantenir un equilibri entre correlació creuada i autocorrelació. Finalment, les Walsh només minimitzen la correlació creuada de les seqüències senceres.

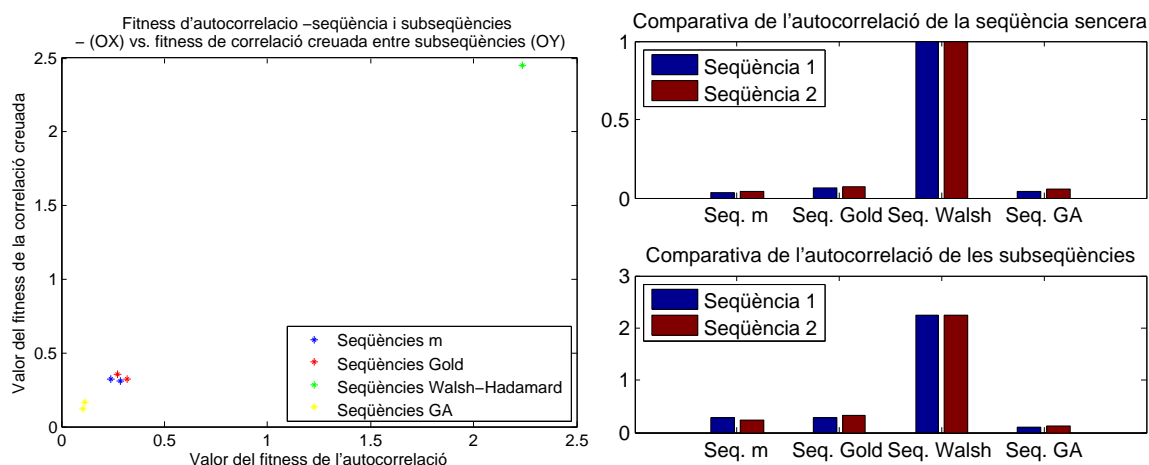
A la figura 6.19 es realitza una comparativa entre els valors d'autocorrelació (combinats de la seqüència sencera i de les subseqüències de la mateixa forma que es realitza amb el *fitness*) i les diferents seqüències dissenyades, ordenades de millor autocorrelació a pitjor per a les millors 18 seqüències de cada família. Altra vegada les millors són les seqüències GA, tant les GA1 com les GA2, seguides de les seqüències  $m$ , de les Gold i finalment les Walsh.

Com a conclusió d'aquesta avaluació dels termes del *fitness*, es pot dir que els paràmetres de disseny de les seqüències GA milloren les seqüències de comparació (les  $m$ , les Gold i les Walsh), i alhora, també es pot dir que no hi ha diferències significatives de comportament de *fitness* entre les seqüències GA1 i les GA2. Les GA2 són lleugerament pitjors en el sentit de la correlació creuada entre subseqüències perquè tenen un grau menys de llibertat, però els valors no són significativament superiors. Caldrà realitzar altres mesures sobre aquestes seqüències per a poder determinar quina família funciona millor en l'estructura multiresolutiva (mesures sobre els resultats del sistema d'adquisició).

### **Família de dues seqüències**

A la figura 6.20.a s'observa la comparativa dels valors de l'autocorrelació, en l'eix OX per a la seqüència sencera i les seqüències delmades, i en l'eix OY per a la correlació creuada. Els dos valors prenen una relació propera a la linealitat a nivell global, essent les que presenten millors valors les seqüències GA dissenyades seguides de les  $m$ , de les Gold. Les que tenen valors més alts i per tant, presenten un *fitness* pitjor són les seqüències Walsh-Hadamard.

La figura 6.20.b presenta la comparativa de l'autocorrelació de les seqüències senceres, i també la comparativa de l'autocorrelació de les seqüències delmades. En aquest cas, és clar que les seqüències  $m$  han estat dissenyades per a minimitzar l'autocorrelació, perquè presenta uns molts bons valors, especialment de la seqüència sencera. Les seqüències GA presenten el segon millor valor de l'autocorrelació de la seqüència sencera i en tercer lloc, les seqüències Gold, que presenten un comportament equilibrat entre autocorrelació i correlació creuada. Les pitjors seqüències en termes d'autocorrelació són les Walsh-Hadamard. En observar l'autocorrelació de les seqüències delmades, les apreciacions són



(a) Comparativa dels valors d'autocorrelació (seqüència sencera i subseqüències) i de la correlació creuada (veure equació 6.11) entre les subseqüències d'una mateixa seqüència de les diferents famílies

(b) Valor de l'autocorrelació de la seqüència sencera i de les subseqüències per a cada família

Figura 6.20: Resultats en termes d'autocorrelació per a grups de **dues seqüències**

molt similars, només a destacar que les que presenten millors valors són les seqüències GA dissenyades. No és estrany, doncs, perquè han estat dissenyades amb aquest paràmetre en la seva funció de *fitness*.

### 6.5.3 Resultats en termes de correlació creuada

A continuació es farà una revisió dels resultats de les seqüències GA en termes de correlació creuada. Cal recordar que la correlació creuada s'avalua tal i com s'ha detallat a l'equació 6.4 per a les seqüències completes, i a l'equació 6.11 per la correlació en les subseqüències en el cas GA1 i l'equació 6.6 per a les subseqüències GA2. També cal tenir present que els valors que es presenten són sempre valors mitjos en totes les mostres possibles de cada una de les seqüències.

#### Una sola seqüència

En analitzar els resultats en termes de correlació creuada, per una sola seqüència cal tenir en compte només el valor de la correlació creuada entre les subseqüències de cada una de

les seqüències calculades. És aquest valor el que es mostra a la figura 6.21. Els millors valors, en global, són per a les seqüències GA, tant les GA1 com les GA2, seguit de prop per les seqüències  $m$  i les seqüències Gold. Les seqüències Walsh tenen un valor força més elevat, dista de les altres tres famílies.

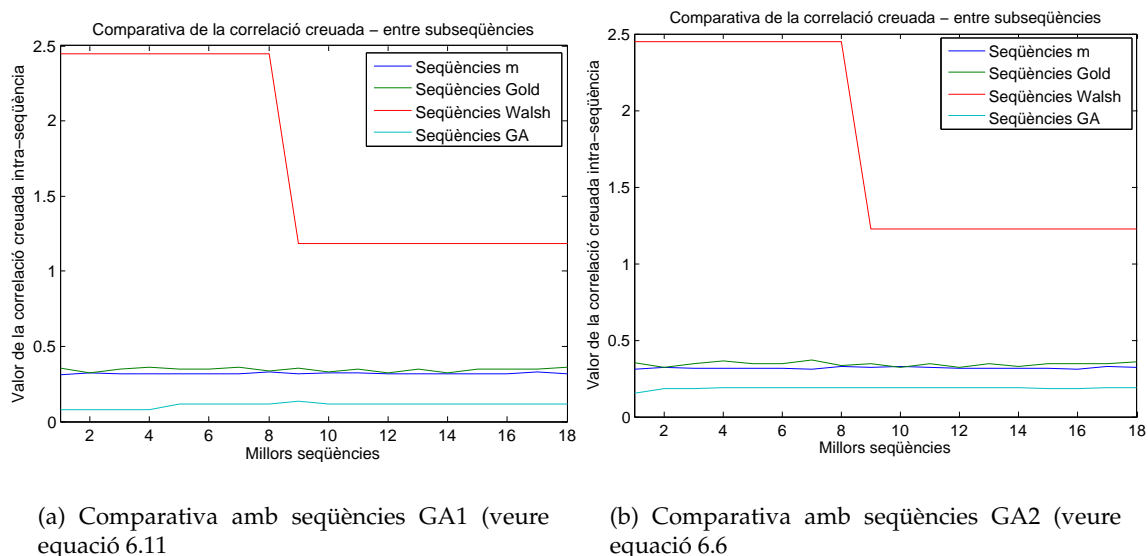


Figura 6.21: (Una sola seqüència) Comparativa dels valors de la correlació creuada de les seqüències delmades en les 18 millors seqüències de cada família

Cal observar que a la figura 6.21 els resultats no estan ordenats per ordre creixent de correlació creuada. Són les seqüències de l'eix OX que estan ordenades de menor a major *fitness*, i es corresponen les millors 18 seqüències de totes les famílies.

### Família de dues seqüències

A la figura 6.22.a es presenten els resultats dels valors de la correlació creuada entre les seqüències delmades de la mateixa seqüència. Les que presenten millors valors són les seqüències GA, puix que la funció de *fitness* amb la que han estat dissenyades contemplava aquest paràmetre.

A la part superior de la figura 6.22.b s'observen els valors de la correlació creuada de les seqüències senceres entre elles; en aquest cas, la que presenta millors valors és la família de seqüències Walsh-Hadamard, ja que han estat dissenyades per a fixar a zero aquests valors. Just després, el millor comportament el tenen les seqüències GA, amb un valor de correlació creuada significativament menor que per les famílies  $m$  i Gold. Pel que fa a la

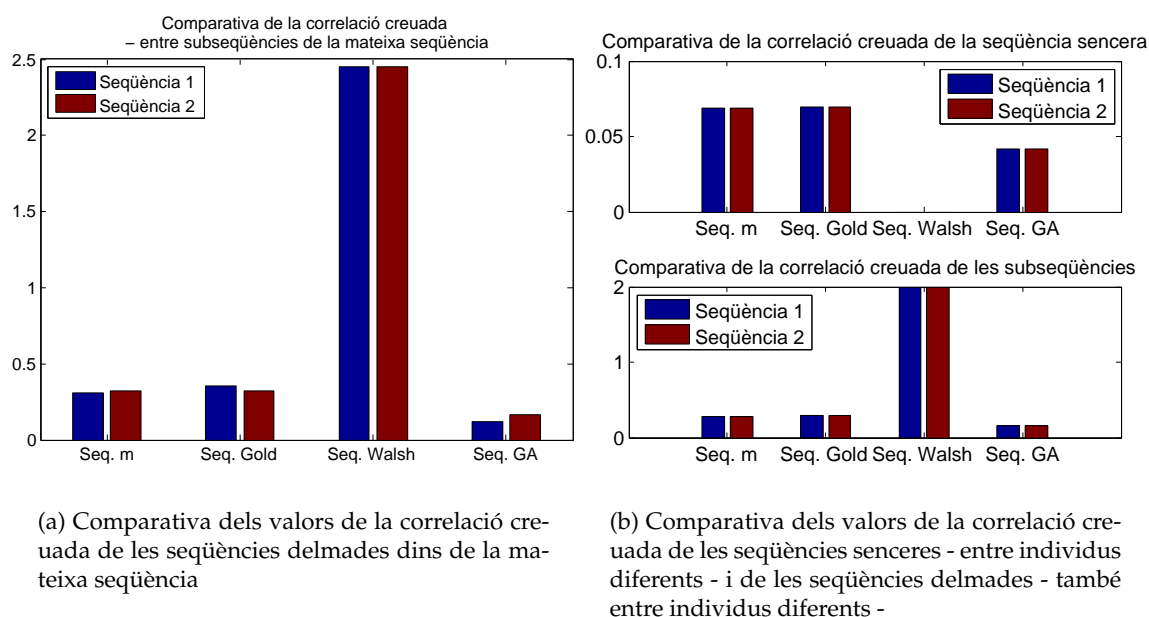


Figura 6.22: Resultats en termes de correlació creuada per a grups de **dues seqüències**

correlació creuada entre les diferents subseqüències de cada seqüència, les que presenten millor valor mitjà són les seqüències GA; en aquest cas també es tracta d'un paràmetre que ha estat optimitzat amb el genètic.

## 6.6 Validació de la hipòtesi inicial i funcionament de l'estructura multiresolutiva per les seqüències GA dissenyades

En aquest moment, i després de comparar en termes de *fitness* i correlació específica els conjunts de seqüències dissenyats amb els conjunts de seqüències de la literatura, cal validar si la hipòtesi inicial plantejada sobre les seqüències resultants s'ha acomplert (veure apartat 6.4), i alhora, quin és el funcionament de les seqüències noves en l'estructura multiresolutiva. Aquestes proves es realitzen tan sols amb la família de 4000 seqüències monousuari resultat de GA1 i les 4000 resultat de GA2, no agrupades per parelles o per famílies. S'escullen aquestes seqüències perquè atesos als resultats de *fitness* explicats a l'apartat 6.5. Són les més adequades per ser usades dins de l'estructura multiresolutiva.

### 6.6.1 Estudi i validació de la hipòtesi inicial

Cal estudiar la validesa de la hipòtesi plantejada en origen (veure detall en 6.4.1); a les seqüències GA1 s'ha donat el grau de llibertat a la correlació creuada entre subseqüències de tal manera que l'algorisme genètic hagi pogut convergir a la mateixa subseqüència en tots quatre casos, de tal manera que aquesta correlació creuada es converteixi en realitat en una autocorrelació. Caldrà estudiar si els resultats són els previstos, o per contra, no ho són i aquesta hipòtesi de partida és errònia. D'altra banda, qualsevol generació de seqüències a partir de combinacions lineals de subseqüències no és bona com a resultat; cal que acompleixi les condicions de l'estructura multiresolutiva. Els resultats analitzats es mostren a la taula 6.1.

L'estudi s'ha basat en la correlació creuada realitzada entre la primera de les subseqüències ( $SubSeq_A$ ) amb les altres tres ( $SubSeq_B$ ,  $SubSeq_C$  i  $SubSeq_D$ , assumint que  $M = 4$ ). En funció del resultat de la correlació creuada entre subseqüències s'identifica si s'ha obtingut subseqüències idèntiques (o canviades de signe) o bé subseqüències clarament diferenciades. En aquest sentit, s'han mesurat els màxims de correlació creuada i també s'ha identificat si el resultat d'aquesta correlació creuada era equivalent a una autocorrelació. Els resultats es mostren a la taula 6.1. S'ha realitzat una prova a cada seqüència en els casos de que el *fitness* sigui millor, les primeres seqüències de la família, i a mesura que el *fitness* anava empitjorant, s'han anat prenent mesures de forma més espaiada.

Els resultats mostrats a la taula 6.1 indiquen que l'algorisme genètic ha convergit majoritàriament a autocorrelacions (per això entre parèntesi es proporciona l'equivalència de la subseqüència respecte a la primera de les subseqüències). A mesura que el *fitness* va empitjorant, es troben menys casos de subseqüències iguals o canviats de signe, i més casos de correlacions cruades més baixes, de l'ordre de 0.5 com a màxim.

A partir de les dades resumides de la taula 6.2<sup>4</sup>, es pot dir, doncs, que la hipòtesi inicial ha estat validada amb claredat. L'algorisme genètic ha aprofitat el grau de llibertat que se li ha donat, i entre les primeres seqüències n'ha generat un conjunt amb les subseqüències altament correlades; tant altament correlades que es tracta en molts casos de la mateixa subseqüència o bé d'ella mateixa canviada de signe. En aquest punt convé ressaltar que es tracta de l'algorisme genètic, en el cas que ens ocupa inicialitzat 4000 vegades (cal recordar que hi havia 2 mètodes de creuament i 2 mètodes de selecció), que ha portat a aquesta convergència. No es tractava de cap prioritat ni cap condició ni forta ni feble, el fet que les subseqüències apareguessin iguals. En canvi, però, s'havia deixat el grau de llibertat

<sup>4</sup>Les dades de la taula 6.2 es donen ordenades per ordre de *fitness* creixent en funció dels resultats obtinguts amb els algorismes genètics.

Taula 6.1: Valors de les correlacions creuades de les subseqüències, en les seqüències GA1 d'un sol usuari. Se'n mesura el màxim de la correlació creuada, i en el cas que les subseqüències siguin iguals entre elles o iguals amb el signe canviat, s'adjunta entre parèntesi la relació amb la primera de les subseqüències.

<b>Núm. Seqüència</b>	<b>Valor <i>SubSeq<sub>A</sub></i></b>	<b>Màxim Corr. <i>SubSeq<sub>B</sub></i></b>	<b>Màxim Corr. <i>SubSeq<sub>C</sub></i></b>	<b>Màxim Corr. <i>SubSeq<sub>D</sub></i></b>
Seq 1	A	-1 (-A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 2	A	-1 (-A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 3	A	1 (+A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 4	A	1 (+A)	1 (+A)	1 (+A)
Seq 5	A	-1 (-A)	1 (+A)	1 (+A)
Seq 6	A	1 (+A)	-1 (-A)	1 (+A)
Seq 7	A	1 (+A)	1 (+A)	-1 (-A)
Seq 8	A	1 (+A)	1 (+A)	-1 (-A)
Seq 9	A	-0.5	0.6	0.5
Seq 10	A	1 (+A)	1 (+A)	-1 (-A)
Seq 11	A	-1 (-A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 12	A	1 (+A)	1 (+A)	-1 (-A)
Seq 13	A	1 (+A)	1 (+A)	-1 (-A)
Seq 14	A	1 (+A)	-1 (-A)	1 (+A)
Seq 15	A	-1 (-A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 16	A	1 (+A)	-1 (-A)	1 (+A)
Seq 17	A	-1 (-A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 18	A	-1 (-A)	1 (+A)	1 (+A)
Seq 19	A	-1 (-A)	1 (+A)	1 (+A)
Seq 20	A	-1 (-A)	1 (+A)	1 (+A)
Seq 21	A	-1 (-A)	1 (+A)	-1 (-A)
Seq 22	A	1 (+A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 23	A	-1 (-A)	-1 (-A)	1 (+A)
Seq 24	A	1 (+A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 25	A	-0.8	1 (+A)	-1 (-A)
Seq 30	A	1 (+A)	1 (+A)	1 (+A)
Seq 35	A	-0.9	-0.9	0.9
Seq 40	A	-0.5	-0.7	0.6
Seq 45	A	-0.5	1 (+A)	1 (+A)
Seq 50	A	1 (+A)	1 (+A)	0.6
Seq 100	A	-1 (-A)	-1 (-A)	-1 (-A)
Seq 500	A	0.5	-0.5	0.5
Seq 1000	A	-0.4	0.6	1 (A)
Seq 1001	A	-0.5	-1 (-A)	-0.4
Seq 1500	A	-0.6	0.5	-0.4
Seq 1501	A	0.5	-0.4	0.4
Seq 2000	A	0.3	0.3	-0.4
Seq 2001	A	-0.4	0.4	0.5
Seq 2500	A	-0.6	0.6	-0.4
Seq 2501	A	0.5	0.4	-0.6
Seq 3000	A	-0.4	-0.3	-0.3
Seq 3001	A	-0.4	0.4	0.4



## 6.6 Validació de la hipòtesi inicial i funcionament de l'estructura multiresolutiva per les seqüències GA dissenyades 243

Taula 6.2: Estadístiques de les correlacions creuades entre subseqüències, per a certes mostres de les 4000 seqüències GA1 generades

Marge de seqüències	$ XCorr  > 0.5$	$ XCorr  > 0.75$	$ XCorr  > 0.95$	$ XCorr  = 1$
Seq 1-5	100%	100%	100%	100%
Seq 1-10	93.3%	90%	90%	90%
Seq 1-25	97.3%	96%	95%	95%
Seq 1-50	97.3%	88%	73.3%	72.6%
Seq 1-100	98%	81.3%	57.6%	56%
Seq 1-500	82.4%	47.2%	27.3%	24.9%
Seq 1-1000	66.4%	31.8%	17.3%	15.7%
Seq 1-2000	49.3%	18.7%	9.5%	8.6%
Seq 1-3000	38.9%	12.6%	6.3%	5.7%

corresponent perquè pogués ésser així.

Cal aclarir, però, que la minimització de la correlació creuada entre subseqüències (que a vegades es converteix en una minimització de l'autocorrelació) està alhora minimitzant l'autocorrelació de la seqüència sencera, per tant, no empitjora - sinó que millora - les condicions globals de les seqüències obtingudes en el cas de que les subseqüències estiguin en fase. En el cas que no estiguin en fase, és la correlació creuada mínima entre subseqüències la que millora l'autocorrelació de la seqüència sencera. Cal veure a l'apartat 6.5 que s'aconsegueixen uns valors d'autocorrelació de la seqüència sencera i de correlació creuada molt bons, millors que la majoria de les famílies de seqüències de la literatura. Alhora, també cal comentar que els resultats obtinguts han estat avaluats amb quatre algorismes genètics diferents (variant selecció i creuament) i totes quatre convenen que les millors solucions en termes de *fitness* són assumint que les subseqüències són iguals (o iguals canviades de signe).

Ara caldrà veure si la validació de la hipòtesi inicial proposada també es tradueix en que les seqüències funcionen millor amb l'estructura multiresolutiva. És per això que ara es compararan els resultats d'adquisició de les seqüències GA1 amb els resultats de les seqüències GA2. Serà aquest un bon criteri per tal de determinar el millor funcionament, la família de seqüències que millor s'adequa a les nostres necessitats.

### 6.6.2 Funcionament de l'estructura multiresolutiva

La primera de les proves realitzades sobre les seqüències GA (tant les GA1 com les GA2) és una comparativa de funcionament entre les millors seqüències generades. Malgrat les seqüències GA han estat ordenades per ordre creixent de *fitness*, és a dir, per ordre de qualitat de satisfacció de restriccions de l'estructura original, cal mesurar que sobre els quatre escenaris de simulació quina d'elles té un millor funcionament. A continuació se'n detallen els resultats.

L'últim que cal dir és que les proves han estat realitzades amb paquets de 600 símbols i amitjanant els resultats de 5 proves per tal d'obtenir els resultats. S'han realitzat dos proves; en primer lloc, s'ha avaluat el comportament de les 48 millors seqüències en termes de *fitness*, i en segon lloc, se n'ha avaluat el comportament per a valors de *fitness* pitjors, però uniformement mostrejats fins a arribar al nombre màxim de seqüències dissenyades. L'objectiu d'aquestes proves és validar si el *fitness* usat per a fer convergir l'algorisme genètic disposava dels paràmetres adequats, és a dir, si el *fitness* està ben dissenyat. Si és així, els resultats haurien de dir-nos que les seqüències amb menys *fitness* presenten millors resultats, i les que tenen un *fitness* més elevat tenen uns resultats pitjors.

#### Proves d'adquisició per a les seqüències GA1

La primera de les comparacions realitzades és en termes de % d'adquisició correcta. En les figures 6.23 i 6.24 s'observen els resultats per a les 48 millors seqüències en termes de *fitness*, i en la figura següent, la figura 6.25, s'hi observa l'estudi discret de les seqüències (l'estudi de tan sols una seqüència d'un conjunt de seqüències amb el *fitness* similar), i comprèn una mostra uniformement distribuïda de les seqüències generades.

D'aquestes gràfiques se n'extreu que el comportament del % d'adquisició no empitjora alhora que creix el valor del *fitness*. Cal partir de la premisa que es coneix la dificultat d'adquisició en cada un dels escenaris dissenyats (veure secció 2.5.2). L'escenari 0 és el d'adquisició més assequible, seguit dels altres escenari, per ordre invers de dificultat (de més senzill a més difícil). Aquesta gradació de dificultat en aconseguir i mantenir l'adquisició és fruit del disseny dels escenaris (veure secció 2.5.2), però també en la observació dels resultats del capítol anterior (veure secció 5.10).

En tenir el coneixement de la dificultat d'adquisició de cada un dels escenaris, es fa la valoració sobre el comportament de l'estructura per a cada una de les seqüències GA dissenyades. En aquest sentit, i a les tres figures anteriorment referenciades (figura 6.23, figura 6.24 i figura 6.25) s'observen comportaments de l'estructura que no es ceneixen a

aquest progressió. Es poden classificar de la manera següent:

- Evolució adequada: succeeix quan el comportament del % d'adquisició és bo, i empitjora suaument amb el fet que els escenaris siguin d'adquisició més complicada, i també amb una SNR pitjor. És el cas de seqüències 5, 18, 19, 20 de la figura 6.23, i més lluny també de les seqüències 35, 39, 41, 42, 43 i 45 de la figura 6.24. Cal dir en aquest cas que les 4 millors seqüències validen totalment la hipòtesi plantejada en el disseny de les seqüències (és a dir, les seves subseqüències tenen una correlació màxima - veure apartat 6.6.1).
- Evolució adequada-ràpida: succeeix quan el comportament del % d'adquisició és bo, i empitjora de forma ràpida amb el fet que els escenaris siguin més complicats i la SNR més dolenta. És el cas de les seqüències 3, 4, 22 i 24 de la figura 6.23, i també de les seqüències 27, 35, 37 i 40 de la figura 6.24.
- Evolució irregular: succeeix quan el comportament de l'adquisició és bo pràcticament en tots els valors, excepte per a valors concrets de SNR i escenaris concrets; així el que passa és que no hi ha una evolució regular. Això demostra que hi ha algun paràmetre que no s'ha tingut en compte al fer el disseny de les seqüències i caldria haver-lo tingut en compte. Per exemple, les seqüències 1, 2, 7, 11 i tantes d'altres de la figura 6.23, i les 36, 47 i 48 i d'altres de la figura 6.24.
- Mal funcionament: finalment, hi ha casos en els que l'estructura no funciona correctament usant les seqüències GA dissenyades. De fet, el seu comportament és pitjor que l'obtingut en les millors de la secció 5.10. Com a exemples, tenim les seqüència 9 de la figura 6.23 i les seqüències 26, 28, 31 i tantes d'altres de la figura 6.24.

### Proves d'adquisició per a les seqüències GA2

La mateixa avaluació s'ha realitzat per les seqüències resultants del segon *fitness* definit, les seqüències GA2. Els resultats del % d'adquisició en aquestes seqüències es poden observar a les figures 6.26 i 6.27 en l'estudi continu (des de la seqüència 1 fins a la 48), i a la figura 6.28 en l'estudi discret. D'aquestes gràfiques se n'extreu que el comportament del % d'adquisició no empitjora proporcionalment amb l'increment del *fitness*, igual que el que succeïa amb la mateixa avaluació del GA1. També cal dir que s'observa comportaments distints i irregulars en alguns casos, tal i com ja havia succeït en l'apartat 6.6.2.

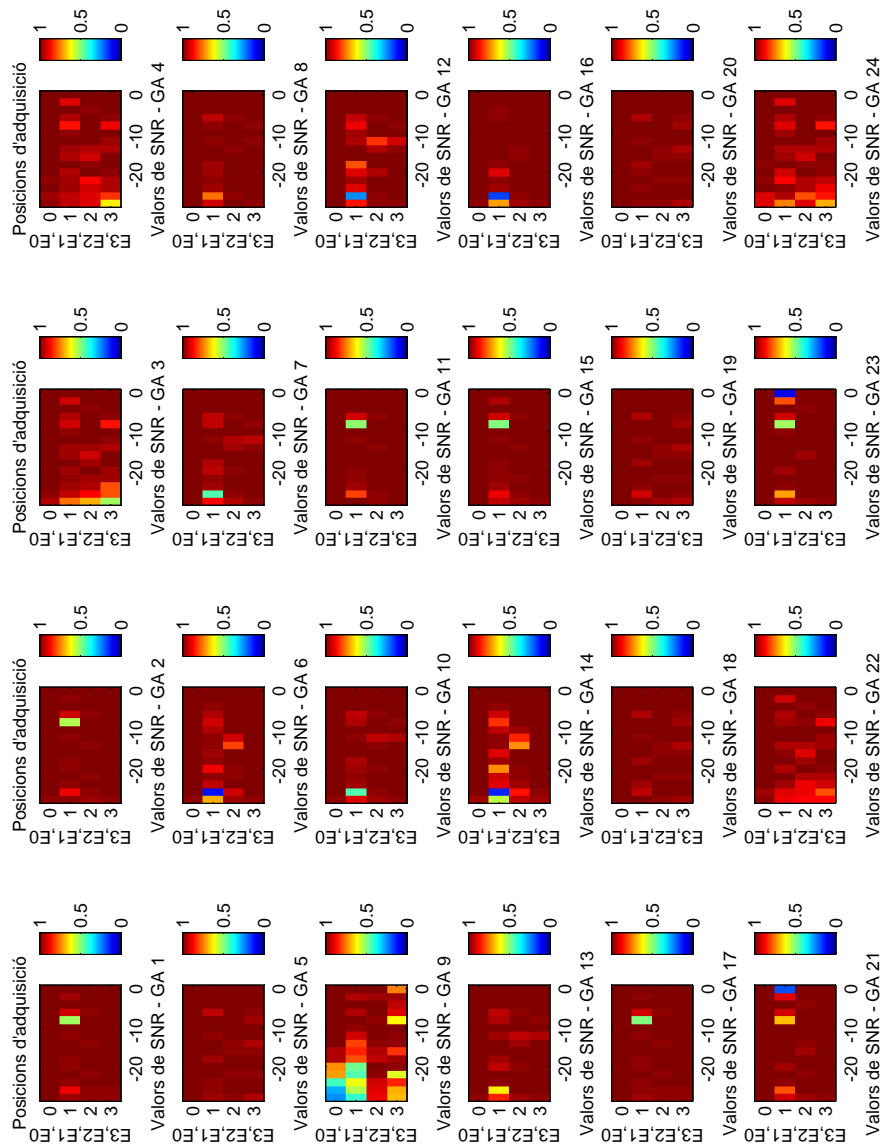


Figura 6.23: Probabilitat d'adquisició correcta per a cada seqüència GA1 dissenyada - 24 primers millors *fitness* (seqüències de la 1 a la 24). En l'eix OY hi ha l'escenari, i en l'eix OX la SNR.

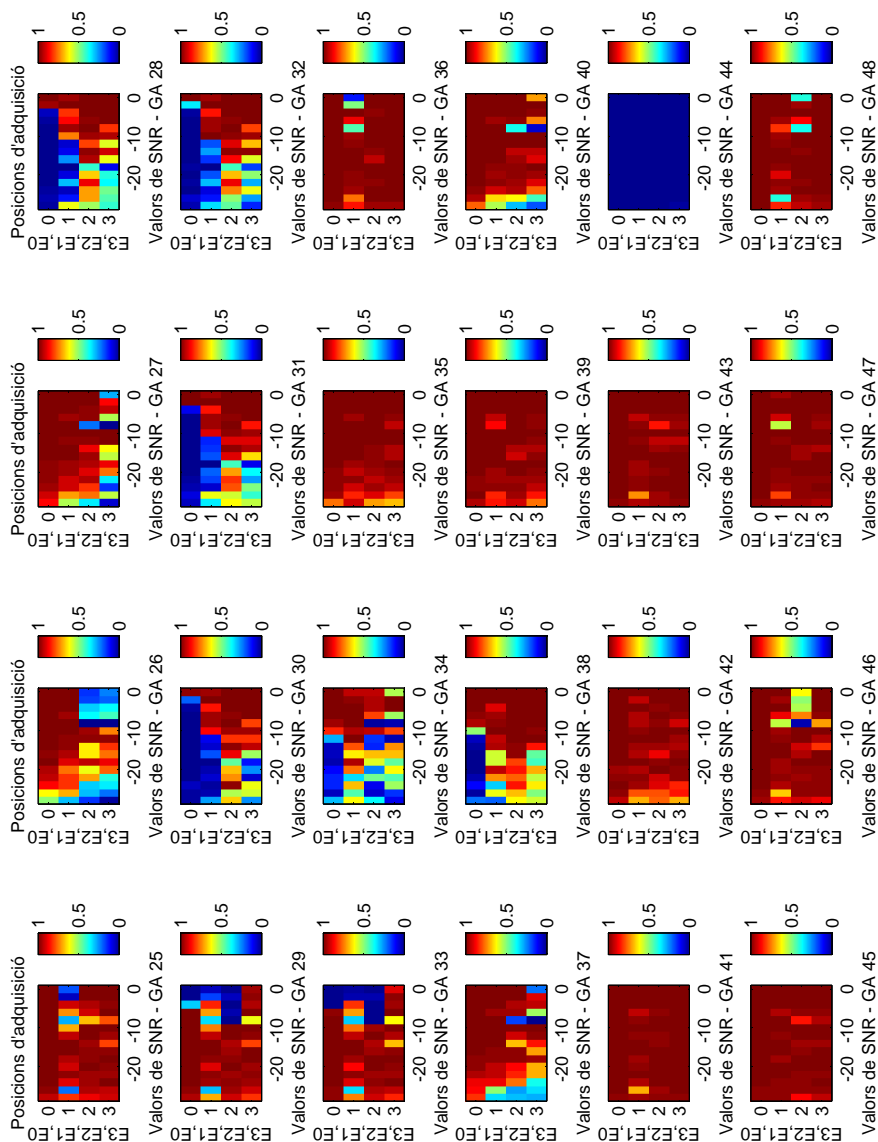


Figura 6.24: Probabilitat d'adquisició correcta per a cada seqüència GA1 dissenyada - 24 segons millors *fitness* (seqüències de la 25 a la 48). En l'eix OY hi ha l'escenari, i en l'eix OX la SNR.

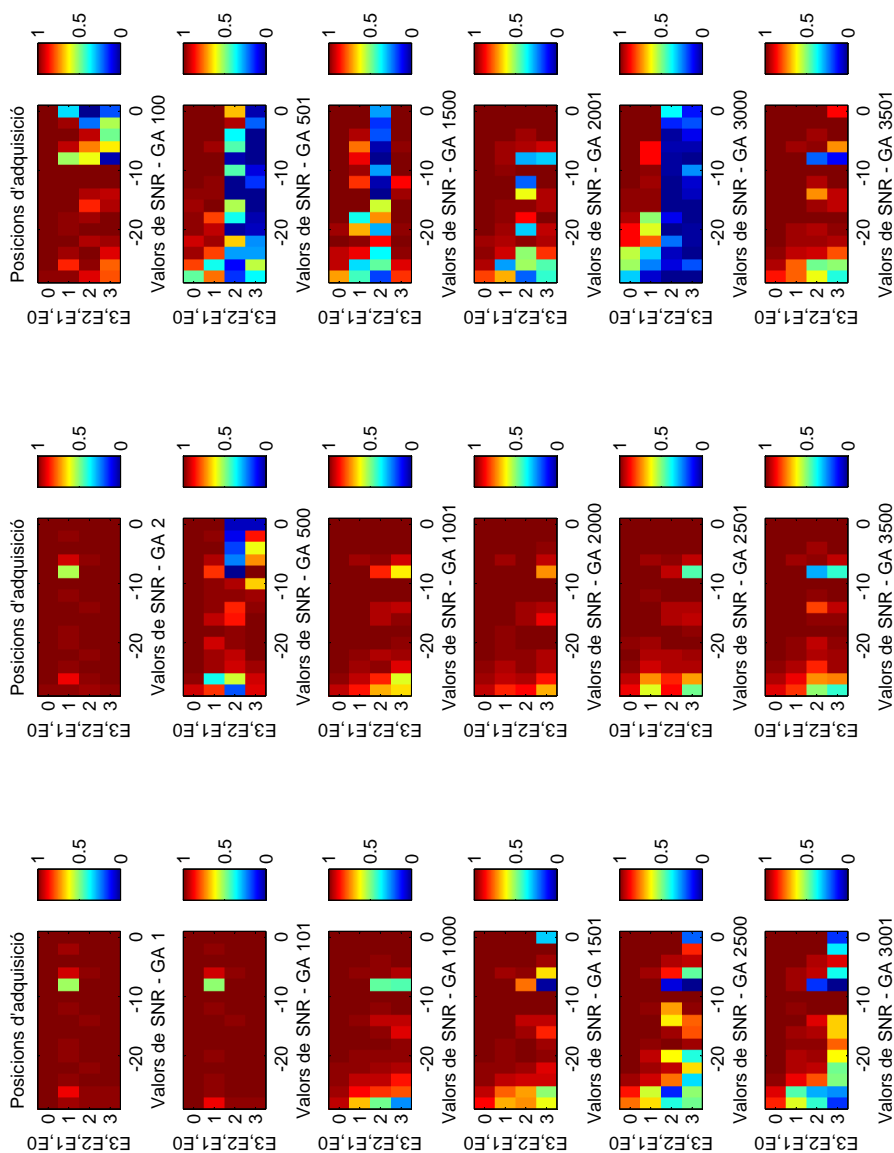


Figura 6.25: Probabilitat d'adquisició correcta per a cada seqüència GA1 dissenyada - mostreig discret de *fitness* (marge de seqüències de la 1 a la 3501). En l'eix OY hi ha l'escenari, i en l'eix OX la SNR.

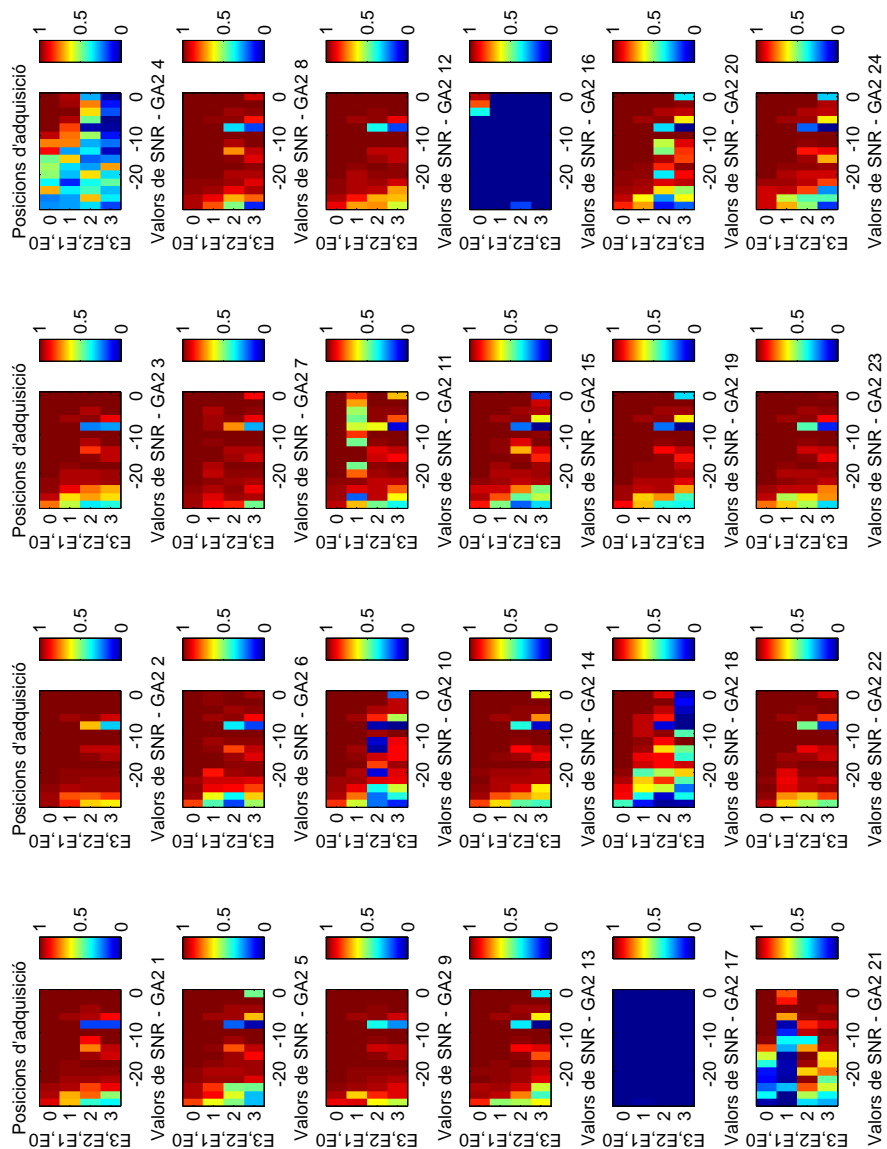


Figura 6.26: Probabilitat d'adquisició correcta per a cada seqüència GA2 dissenyada - 24 primers millors *fitness* (seqüències de la 1 a la 24). En l'eix OY hi ha l'escenari, i en l'eix OX la SNR.

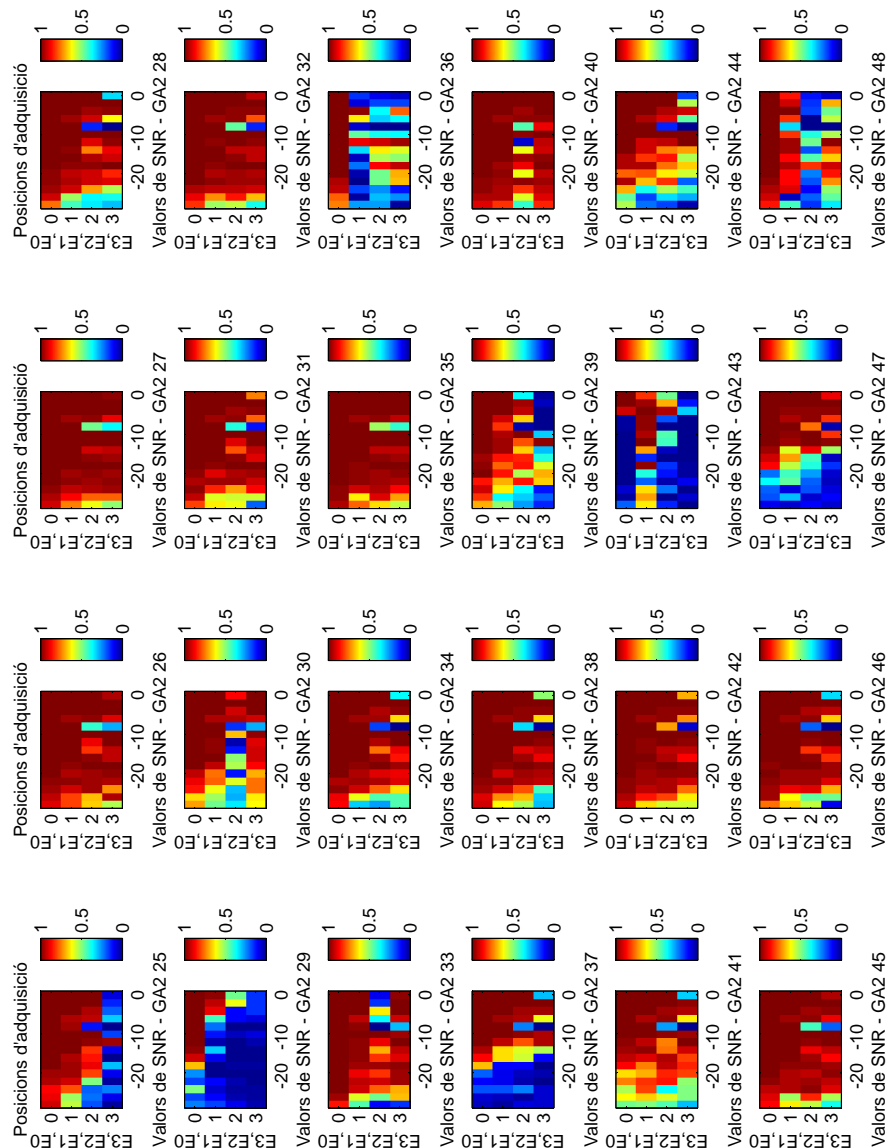


Figura 6.27: Probabilitat d'adquisició correcta per a cada seqüència GA2 dissenyada - 24 segons millors *fitness* (seqüències de la 25 a la 48). En l'eix OY hi ha l'escenari, i en l'eix OX la SNR.



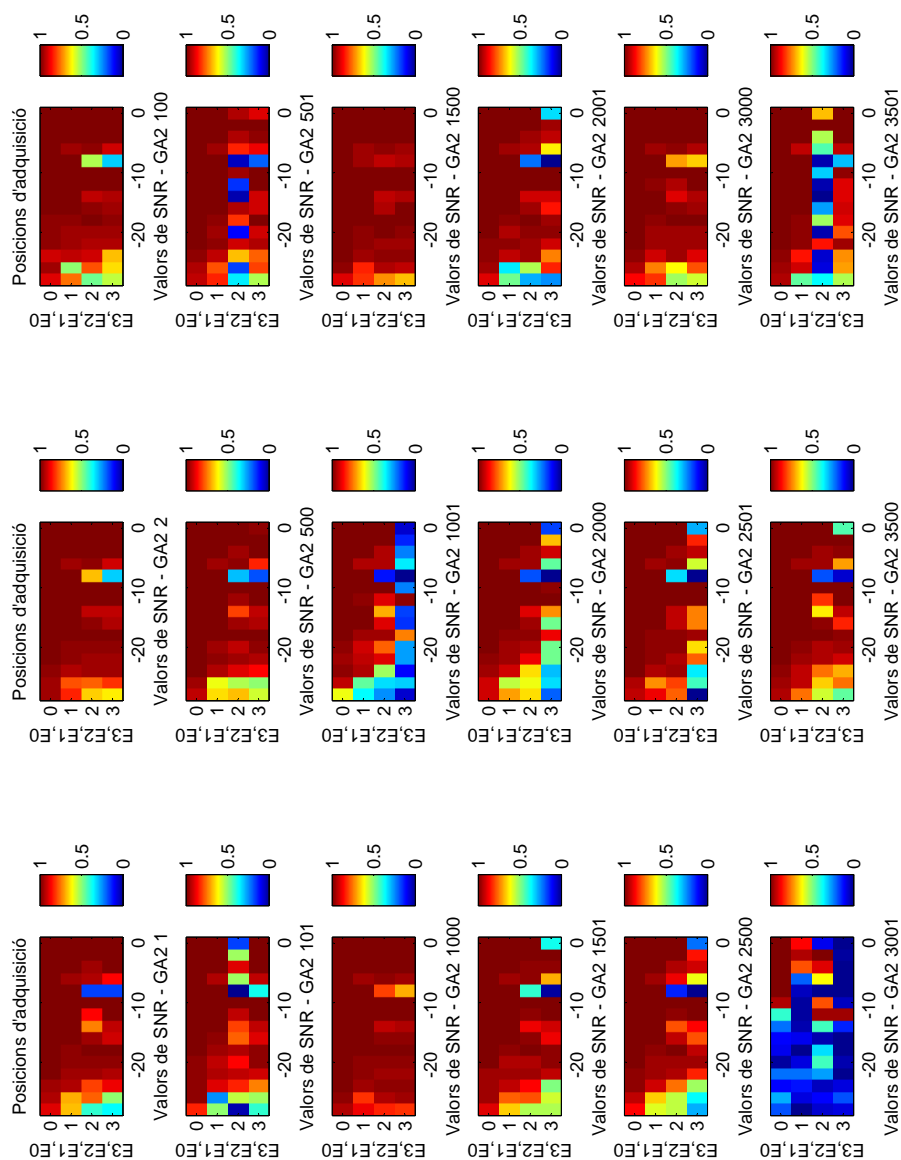


Figura 6.28: Probabilitat d'adquisició correcta per a cada seqüència GA2 dissenyada - mostreig discret de *fitness* (marge de seqüències de la 1 a la 3501). En l'eix OY hi ha l'escenari, i en l'eix OX la SNR.

### 6.6.3 Generació d'una funció de descriptiva del comportament de l'estructura amb les seqüències GA

En aquest apartat es descriurà el funcionament aplicat de les seqüències GA1 i GA2 de les quals ja s'ha analitzat l'acompliment dels requisits de l'estructura multiresolutiva (veure apartat 6.2). I d'aquesta descripció se'n definiran un conjunt de funcions que permetin quantificar el seu bon o mal funcionament més enllà del paràmetre del *fitness* amb el que s'han generat les seqüències. Tot seguit, un cop avaluada la qualitat del funcionament de les noves seqüències, es definiran un conjunt de costos, alguns d'ells ja tinguts en compte en la funció de *fitness* i d'altres que no ho han estat, per tal d'avaluar si hi ha algun tipus de dependència entre el funcionament i algun dels costos que no ha estat tingut en compte, amb l'objectiu d'incloure'l a la nova funció de *fitness* del proper disseny de seqüències GA.

Per tal de poder determinar la qualitat dels resultats obtinguts amb les noves seqüències GA, s'han definit un conjunt de funcions descriptives en funció dels resultats presentats a la secció 6.6.2. D'ara en endavant, s'anomenaran funcions  $FE_i$  (Funció Error), en el sentit de que descriuen matemàticament el bon o mal funcionament de l'estructura en el seu treball amb cada una de les seqüències. Aquesta funció s'ha aplicat tant al conjunt de les primeres 50 seqüències analitzades, com a les altres mostres de tot el paquet de seqüències generat. Aquests  $FE$  dissenyats tenen en compte la qualitat dels resultats d'adquisició de l'estructura, alhora que l'escenari de treball i el valor de la SNR, penalitzant més uns o altres. L'objectiu final serà redefinir la funció de *fitness* de l'algorisme genètic per a generar una família de seqüències GA que presenti millors resultats d'adquisició.

$FE_1$  El primer dels  $FE$  dissenyats té en compte el % de posicions d'adquisició errònies que s'han estimat, ponderats inversament amb la relació SNR i amb l'escenari simulat. Quan pitjor és la SNR, més influència té en el càlcul del  $FE_1$ . Alhora, quan més complicat és l'escenari de simulació, més influència té en el càlcul del  $FE$ . En aquest cas, la ponderació tant de l'escenari com de la SNR és inversament proporcional. El  $FE$  serà millor quan més baix sigui el seu valor final, computant tots els valors possibles de simulació, per a tots els escenaris i per a totes les SNR.

$$FE_1 = \sum_{esc=0}^3 \sum_{SNR=-30}^0 \frac{1}{esc+1} \left| \frac{1}{SNR} \right| \left( 1 - \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR)}{100} \right) \quad (6.15)$$

on  $esc$  és la variable sencera que indica el número d'escenari (de millor -0- a pitjor -3-), SNR és la relació senyal a soroll que va des de -30dB fins a 0dB, i  $\text{posAdqCorrect}$  és el %

de temps que el sistema està correctament adquirit.

$FE_2$  El segon dels  $FE$  dissenyats té en compte el % de posicions d'adquisició errònies que s'han estimat, però tenint en compte sobretot la diferència de probabilitat d'adquisició d'un valor de SNR al següent. Penalitza especialment, doncs, les seqüències que s'havien descrit com a *Evolució irregular* (veure apartat 6.6.2). L'expressió matemàtica correspon a l'equació següent:

$$FE_2 = \sum_{esc=0}^3 \sum_{SNR=-30}^0 \frac{1}{esc+1} \left| \frac{1}{SNR} \right| \cdot \left| \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR)}{100} - \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR-1)}{100} \right| \quad (6.16)$$

$FE_3$  El tercer  $FE$  dels dissenyats té en compte els mateixos paràmetres que el  $FE_1$ , però dóna més pes a la proporcionalitat de la SNR, que la fixa com a quadràtica. Es descriu a l'equació següent:

$$FE_3 = \sum_{esc=0}^3 \sum_{SNR=-30}^0 \frac{1}{esc+1} \left| \frac{1}{SNR} \right|^2 \left( 1 - \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR)}{100} \right) \quad (6.17)$$

$FE_4$  El quart  $FE$  dels dissenyats té en compte els mateixos paràmetres que el  $FE_2$ , però també dóna més pes a la proporcionalitat de la SNR, que també fixa com a quadràtica. Es descriu a l'equació següent:

$$FE_4 = \sum_{esc=0}^3 \sum_{SNR=-30}^0 \frac{1}{esc+1} \left| \frac{1}{SNR} \right|^2 \cdot \left| \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR)}{100} - \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR-1)}{100} \right| \quad (6.18)$$

$FE_5$  El cinquè  $FE$  dels sis dissenyats té en compte els mateixos paràmetres que els anteriors, però no amb la mateixa proporció.

$$FE_5 = \sum_{esc=0}^3 \sum_{SNR=-30}^0 10^{SNR/10} \frac{1}{esc+1} \left( 1 - \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR)}{100} \right) \quad (6.19)$$

Així doncs, malgrat els paràmetres a tenir en compte són els mateixos, la proporciona-

litat que indueix la SNR és ara exponencial, primant encara més la penalització en el cas de tenir SNR bones, properes al zero.

$FE_6$  L'últim dels  $FE$  dels sis dissenyats usa els mateixos paràmetres, però tal i com ja feien el  $FE_2$  i el  $FE_4$ , parla sobretot del gradient de probabilitat d'adquisició entre un valor de SNR i el següent. L'equació que el descriu és la següent:

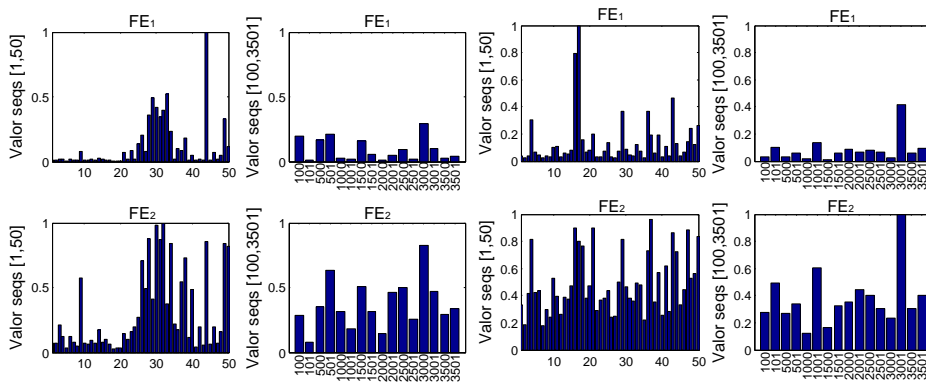
$$FE_6 = \sum_{esc=0}^3 \sum_{SNR=-30}^0 10^{SNR/10} \frac{1}{esc + 1} \cdot \left| \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR)}{100} - \frac{\text{posAdqCorrect}(esc,SNR-1)}{100} \right| \quad (6.20)$$

**Resultats per a les seqüències GA1 i GA2** A continuació es presenten els resultats dels sis  $FE$  avaluats sobre les seqüències GA de prova, tant en l'estudi continu de les primeres 50 seqüències com en l'estudi discret de les seqüències distribuïdes en el conjunt. Els resultats es poden observar a la figura 6.29. En aquesta figura es mostren els valors que prenen les sis funcions  $FE$  per a les seqüències escollides; si el *fitness* original estès definit de forma òptima, s'observaria un valor creixent a mesura que l'índex de la seqüència es fa més gran, perquè el funcionament empitjoraria a mesura que ho fa el *fitness* de cada individu.

Es pot observar, però, com aquests nous  $FE$  calculats disten molt del creixement que tenia el *fitness* dissenyat per a la generació de les seqüències PN (veure figura 6.5), i que per tant, obre la possibilitat que altres paràmetres de les seqüències també s'haurien hagut de tenir en compte. Cal aclarir que els sis nous  $FE$  donen valors diferents en funció de si avaluen les seqüències GA1 o les GA2, puix que els resultats que presenten aquestes enfront de l'adquisició també són molt diferents. El que caldrà veure més endavant és si aquestes avaluacions diferents dels  $FE$  estan apuntant cap als mateixos paràmetres de les seqüències, que podrien mancar a la funció de  $FE$  original de l'algorisme genètic.

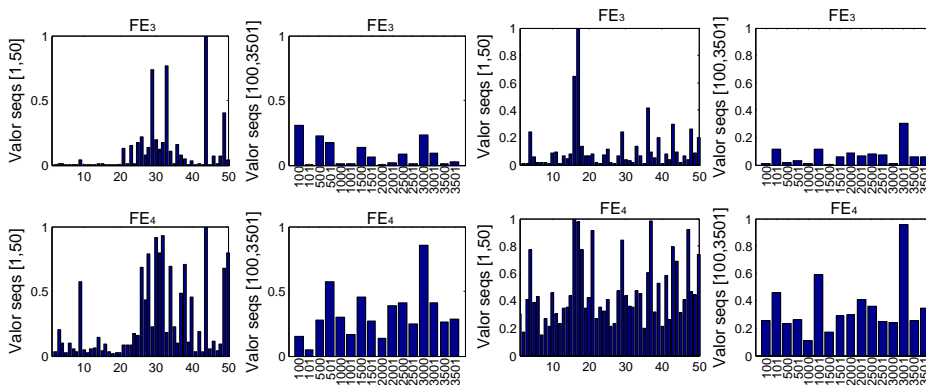
#### 6.6.4 Tractament de les dades per al disseny d'una nova funció de $FE$

A continuació cal realitzar un estudi estadístic sobre els valors vistos a les figures 6.29, per a comprovar si hi ha una dependència real entre el funcionament descrit en aquestes figures, i un seguit de costos que es definiran a continuació. Alguns d'ells ja han estat tinguts en compte en la definició de la funció de *fitness* original, però l'objectiu real és trobar-ne d'altres que afectin al funcionament de l'estructura multiresolutiva.



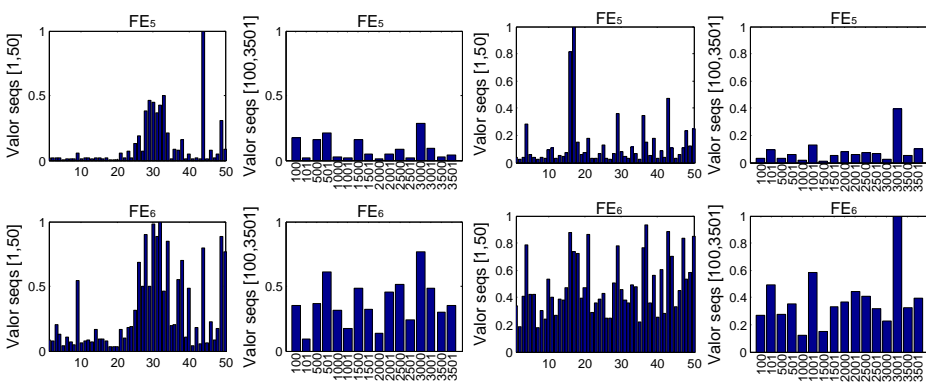
(a) Seqüències GA1

(b) Seqüències GA2



(c) Seqüències GA1

(d) Seqüències GA2



(e) Seqüències GA1

(f) Seqüències GA2

Figura 6.29: Resultats dels sis *FE* nous dissenyats per a l'avaluació del comportament de les seqüències GA1 i GA2 (marge de seqüències de la 1 a la 3501)

A continuació es presenta l'estudi estadístic [CH06] realitzat sobre les dades obtingudes en els càlculs de *FE* anteriorment presentats. En aquest estudi estadístic es pretén demostrar que les funcions de *FE* usades per a dissenyar les seqüències GA1 i GA2 no eren completes, i que calia tenir en compte altres paràmetres per tal de que el seu valor de *FE* realment fos inversament proporcional a la qualitat del funcionament que l'estructura multiresolutiva exhibeix quan usa les seqüències dissenyades i avaluades amb el GA.

### Generació de la matriu de costos

Amb l'objectiu de cercar dependències entre els nous *FE* avaluats sobre els resultats de les seqüències, a continuació es genera una matriu de costos (que d'ara en endavant anomenarem matriu *FF* com a abreviació de *Fitness Feature*) amb un conjunt de mesures sobre les seqüències PN dissenyades. Aquestes mesures tant contemplaran alguns dels paràmetres ja avaluats en la funció de *FE* per al disseny de les seqüències GA, com d'altres que no han estat tinguts en compte, i que per tant, són susceptibles de ser importants de cara a un futur disseny d'una altra família de seqüències GA usant un altre *fitness*. Posteriorment se n'avaluarà la seva influència [CH06]. Tot aquest procés es realitzarà tant per les seqüències GA1 com per les GA2, i així s'anirà mostrant en els resultats gràfics.

La matriu de costos *FF* contindrà tantes files com mostres de *FE* es vulguin tenir en compte, i tantes columnes com paràmetres a validar la seva dependència. Un cop generada la matriu, s'usarà l'equació següent:

$$y_i = FF \cdot W_i \quad (6.21)$$

on  $y_i$  és el vector de  $FE_i$  que cal obtenir, i del que es parteix per tal de fer la regressió multivariable, la matriu *FF* és l'anomenada *Fitness Feature*, o també anomenada matriu de costos, per tal d'obtenir les dependències entre els valors de  $FE_i$  nous i la matriu de costos.  $W_i$  són, doncs, el vector de pesos obtinguts que ajusten l'equació anterior. Els pesos seran uns o altres en funció de si el  $FE_i$  és un o altre, però també en funció de si la matriu *FF* està normalitzada d'una forma o altra, per tal d'uniformitzar les dades i que el resultat de la regressió sigui més fiable.

A continuació es detallen totes les dades que s'usaran per a construir la matriu *FF*.

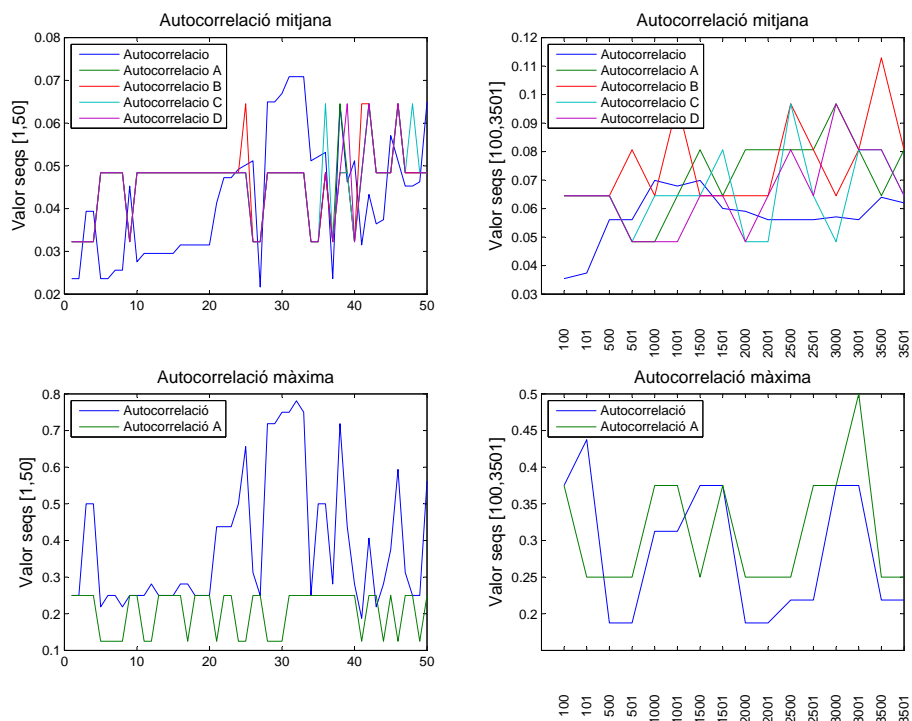
**Funció de *fitness*** Per començar, el primer dels paràmetres que tindrem en compte és la funció de *fitness* dissenyada per al disseny de les seqüències GA. Els resultats d'aquests

valors de *fitness* es poden observar a la figura 6.29.

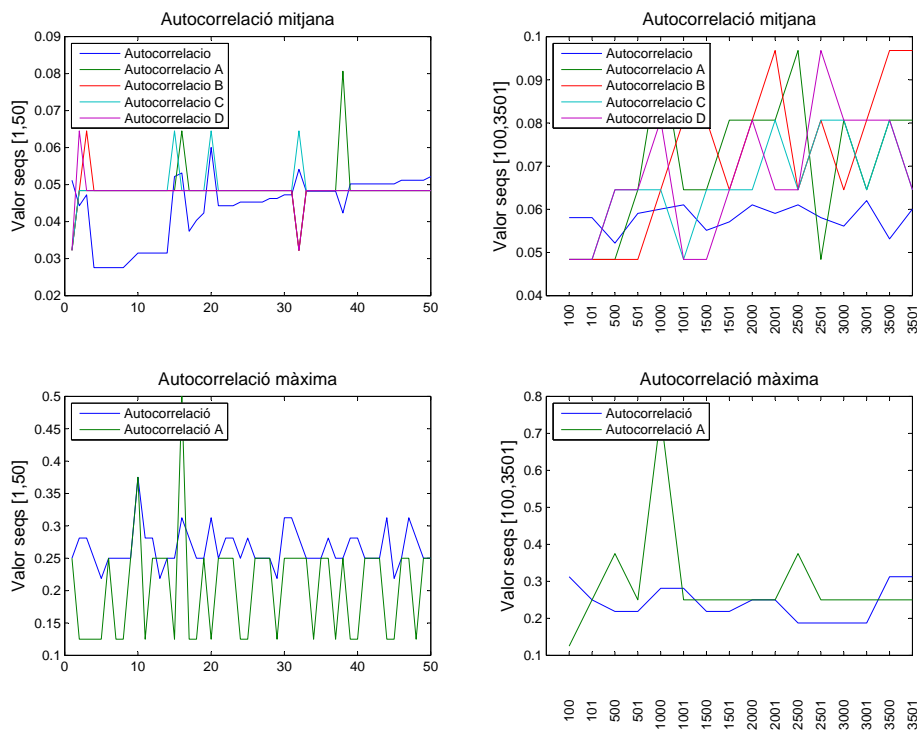
**Les autocorrelacions de les seqüències GA** Un altre valor que cal que aparegui a la matriu *FF* és l'autocorrelació, tant de la seqüència sencera com de les subseqüències. S'avalua el valor de l'autocorrelació (veure figura 6.30, part superior de les dues gràfiques a i b), en primer lloc, i després, els valors de pic de l'autocorrelació (veure figura 6.30, part inferior de les dues gràfiques a i b). El primer dels valors, l'autocorrelació, ja ha estat tingut en compte en el disseny de la funció de *fitness*, tant el valor per la seqüència sencera, com cada un dels valors d'autocorrelació per a cada una de les quatre subseqüències (A, B, C i D) de cada seqüència. Es pot observar la variació d'aquest valor en les dues gràfiques superiors de la figura 6.30. D'altra banda, s'ha decidit tenir en compte també els valors de pic de l'autocorrelació, perquè es considera que poden tenir certa dependència amb la probabilitat de falsa alarma en l'adquisició. Si hi ha un valor fora del central en l'autocorrelació que presenta un valor elevat, vol dir que la seqüència té una certa similitud amb ella mateixa desplaçada, i aquest fet pot donar lloc a equívocs en la recepció. Els valors de pic de l'autocorrelació per a la seqüència sencera, i també per a la primera de les subseqüències (A) es poden observar a les dues gràfiques inferiors de les subfigures 6.30. En aquest cas només s'ha tingut en compte el valor de pic de la primera subseqüència perquè, si no hi ha cap alteració del sistema, és aquesta la que s'usa per a adquirir, i per tant, la més susceptible de patir falsa alarma.

**Les correlacions creuades intraseqüència de les seqüències GA** Un altre dels paràmetres a tenir en compte són les correlacions creuades entre les subseqüències GA dissenyades. Tal i com s'ha comentat anteriorment per a l'autocorrelació, en aquest cas també es contemplarà el valor de la correlació creuada mitjana i la de pic - exceptuant el valor centrat per  $\tau = 0$  tal i com ja es va detallar a l'equació 6.11 - per a les seqüències GA1; està clar que per les seqüències GA2 es fa referència a l'equació 6.6. En aquest cas, però, només es tindrà en compte la correlació creuada entre subseqüències, puix que s'està treballant amb un sol usuari i per tant, no té sentit mesurar les de la seqüència sencera.

Els resultats per als dos conjunts de seqüències (GA1 i GA2) es poden observar a la figura 6.31. La correlació creuada mitjana ha estat calculada entre la primera de les subseqüències (*Subseq<sub>A</sub>*) i les altres tres (*Subseq<sub>B</sub>*, *Subseq<sub>C</sub>* i *Subseq<sub>D</sub>*). A les figures superiors de cada subfigura s'observa la correlació creuada, que ja es va tenir en compte en el moment de dissenyar el *fitness*. A les gràfiques inferiors de cada subfigura 6.31 s'observen els valors de pic de la correlació creuada. En aquest cas, no van ser tinguts en compte a l'hora



(a) Seqüències GA1



(b) Seqüències GA2

Figura 6.30: Valors calculats de l'autocorrelació (tant mitjans com màxims) per a generar la matriu de costos. En l'eix OX, l'índex de la seqüència GA i en l'eix OY els valors d'autocorrelació màxima (deixant a banda el valor d'autocorrelació quan  $\tau = 0$ )



de dissenyar les seqüències GA i ara sí que entraran a la matriu de costos per a analitzar si el seu valor influeix.

**Els càlcul dels *runs* de les seqüències GA** Un altre dels càlculs possibles a realitzar sobre les seqüències PN i les corresponents subseqüències és el recompte dels *runs*. Es tracta d'una de les propietats que es defineixen com a necessàries per a aconseguir la pseudoaleatorietat de les seqüències (veure secció 3.1.2). Malgrat aquesta necessitat, no s'havia tingut en compte per al disseny de les seqüències GA (veure apartat 6.4). El motiu és perquè com que el recompte de *runs* ha de seguir una tendència inversament proporcional a les potències de dos, però no té la obligatorietat de donar uns valors concrets, es tracta d'una condició feble de difícil avaluació. Malgrat tot, ara es computaran tots els *runs* tant per la seqüència sencera com per la subseqüència primera (A)<sup>5</sup>, per tal de veure si una proporció errònia té influència en el mal funcionament de les seqüències GA en l'estructura multiresolutiva.

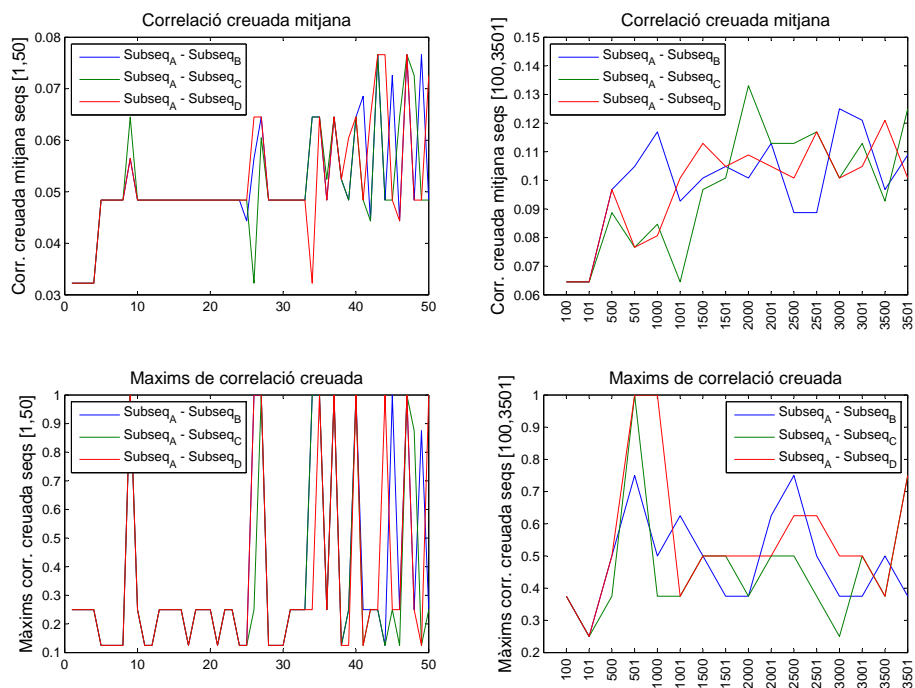
Per tal de disposar d'un criteri de valoració dels càlculs que es realitzaran respecte a les seqüències senceres i les seves respectives seqüències delmades, a la figura 6.32 s'observa la distribució teòrica dels *runs* tant per la seqüència sencera de longitud 128, com per a cada una de les subseqüències de longitud 32.

En primer lloc, s'observa el càlcul dels *runs* per a la seqüència sencera. A la figures 6.33 i 6.35 s'observa la distribució dels *runs* per a cada conjunt de seqüències dissenyades. A causa de la longitud de les seqüències dissenyades, es contemplarà només el valor dels *runs* fins a l'ordre 5, i no més enllà, tot i que probabilísticament se'n poden trobar de més grans. Les seqüències obtingudes no compleixen en general aquesta propietat, puix que si s'observa la figures 6.33 i 6.35 amb detall, els valors per a cada un dels *runs* de cada seqüència és molt divers, i no segueixen cap patró estàndard. Fins i tot en alguns casos s'observa que tots els *runs* tenen el mateix valor d'aparició o fins i tot, que els *runs* d'ordre més elevat tenen més aparició que d'altres d'ordre més baix. Malgrat això, s'observa que per les seqüències GA2 compleixen millor la propietat de distribució dels *runs* que no pas les seqüències GA1.

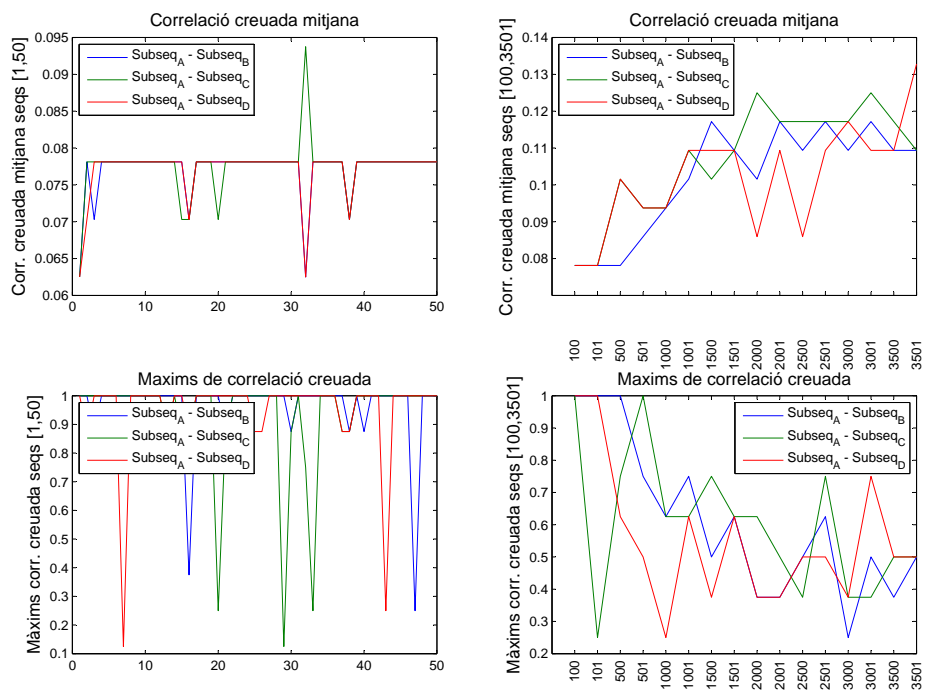
El mateix exercici s'ha realitzat per als *runs* de la primera de les subseqüències (A). El motiu pel que s'ha tingut en compte la primera i no les altres és el mateix que pels casos anteriors, perquè ha estat la *Subseq<sub>A</sub>* la que s'ha usat per tal de realitzar l'adquisició. El resultat es mostra a les figures 6.34 i 6.36, i s'assembla força a l'obtingut per a la seqüència

---

<sup>5</sup>S'avaluaran el nombre de *runs* per a cada seqüència malgrat aquests tenen relació amb l'autocorrelació, es proporcionarà més informació si s'avaluen per separat.



(a) Seqüències GA1



(b) Seqüències GA2

Figura 6.31: Valors calculats de la correlació creuada intraseqüència (tant mitjans com màxims - excepte pel valor de  $\tau = 0$ , tal i com s'ha indicat a l'equació 6.11 per a les seqüències GA1 i a l'equació 6.6 per a les seqüències GA2) per a generar la matriu de costos

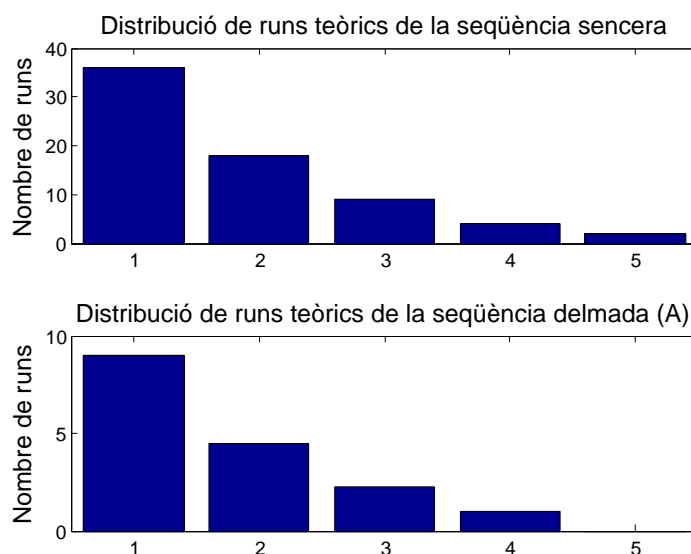


Figura 6.32: Distribució teòrica dels *runs* de la seqüència (longitud 128) i la subseqüència (A) (longitud 32)

sencera; no s'observa un paràmetre de funcionament constant, tot i que sí que la majoria de les  $Subseq_A$  tenen més *runs* d'ordre 1, seguits dels *runs* d'ordre 2 i així amb l'ordre 3, el 4 i el 5, que no succeïa així amb el cas de les seqüències senceres (malgrat que les seqüències GA2 presenten millors resultats).

Malgrat haver calculat ja la distribució de *runs* tant per a la seqüència sencera com per la primera de les subseqüències, ens cal encara mesurar el compliment de les proporcions necessàries (veure figura 6.32) per a cada una de les seqüències i subseqüències. I aquesta mesura caldrà dissenyar-la, perquè al tractar-se de diverses magnituds per a cada seqüència, caldrà definir-ne la manera de tenir en compte el pes de cada error.

En primer lloc es calcula l'error quadràtic mig dels *runs* de les seqüències i les subseqüències A respecte de les distribucions ideals mostrades a la figura 6.32. El resultat d'aquest càlcul es pot observar a les figures 6.37. L'objectiu és donar una mesura de la distància o error en la distribució dels *runs* de les seqüències, tant les senceres com les delmades i amb la regressió multilíneal analitzant-ne si aquest aspecte és rellevant respecte al bon funcionament de les seqüències. No té en compte, però, el pes de l'error associat a cada longitud de *run*; és a dir, els errors dels *runs* d'ordre 1 tenen el mateix pes que els errors dels *runs* d'ordre 4, etc. En aquest sentit, com que la quantitat esperada de cada un dels *runs* no és la mateixa, s'ha decidit que la ponderació pot ser una bona mesura.

La mesura següent realitzada ha estat la suma del nombre de *runs* per a cada seqüència

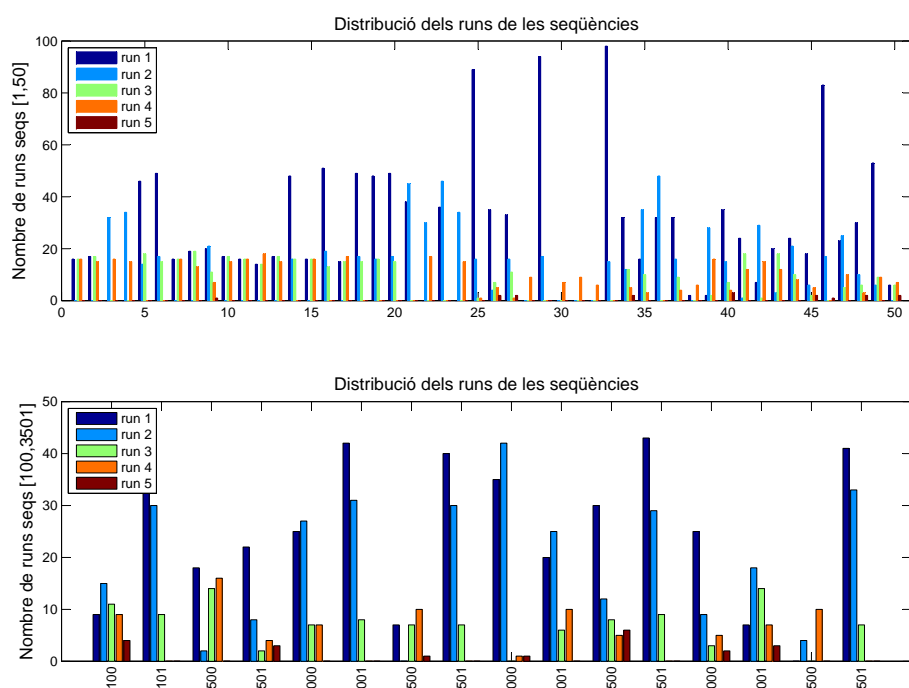


Figura 6.33: Càlculs dels *runs* de les seqüències GA1 per a cada una de les seqüències escollides (eix OX) i el nombre de *runs* (eix OY)

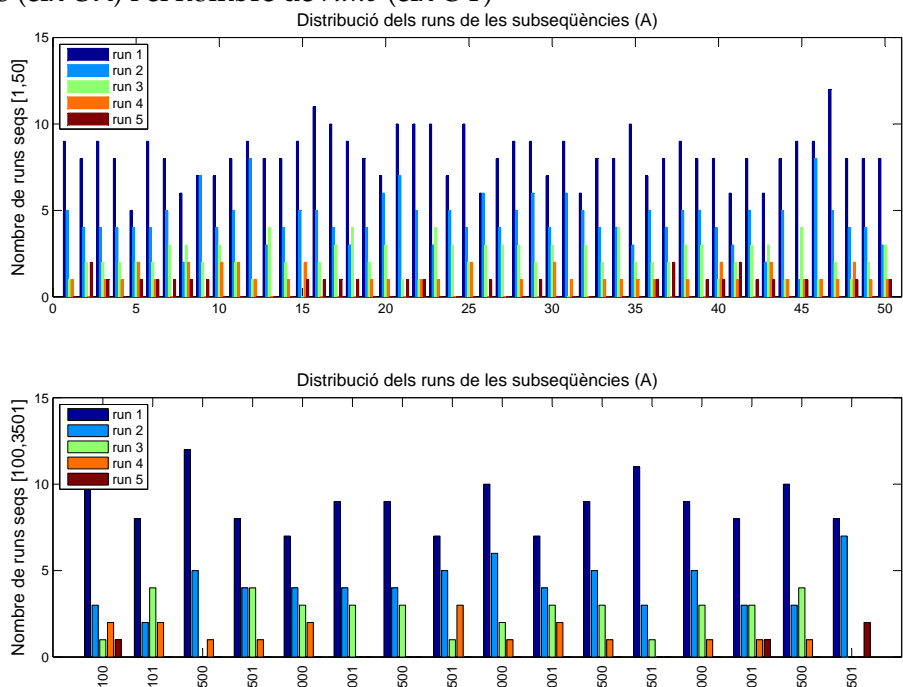


Figura 6.34: Càlculs dels *runs* de les subseqüències (A) de les seqüències GA1 per a cada una de les seqüències escollides (eix OX) i el nombre de *runs* (eix OY)

## 6.6 Validació de la hipòtesi inicial i funcionament de l'estructura multiresolutiva per les seqüències GA dissenyades

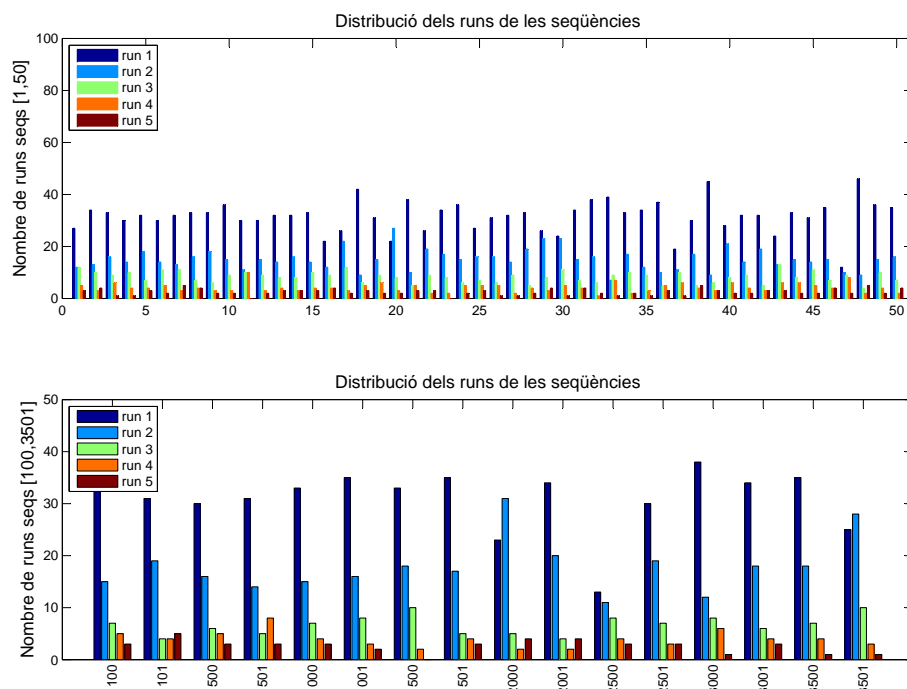


Figura 6.35: Càlculs dels *runs* de les seqüències GA2 per a cada una de les seqüències escollides (eix OX) i el nombre de *runs* (eix OY)

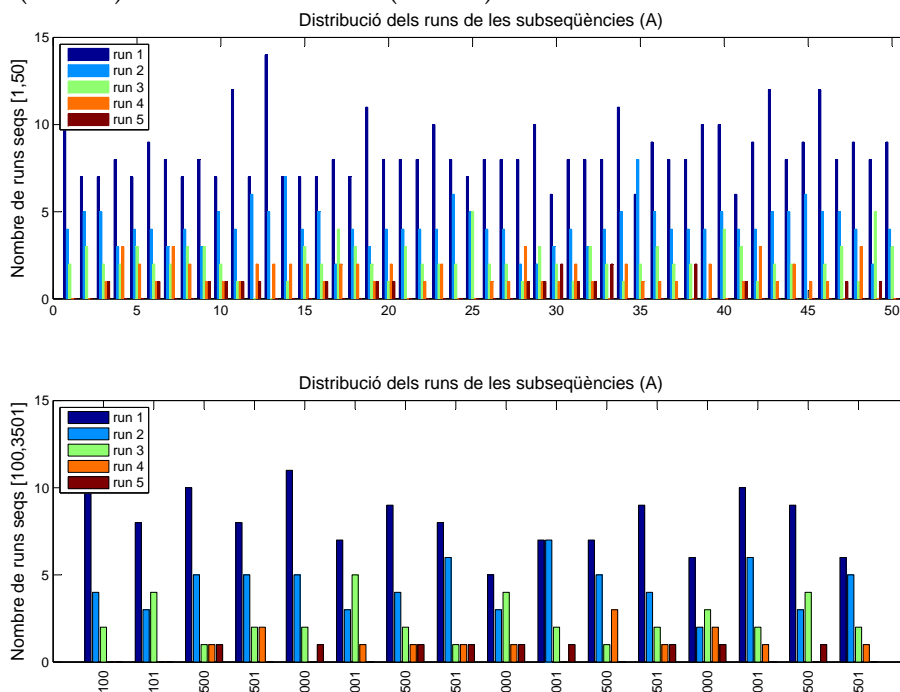
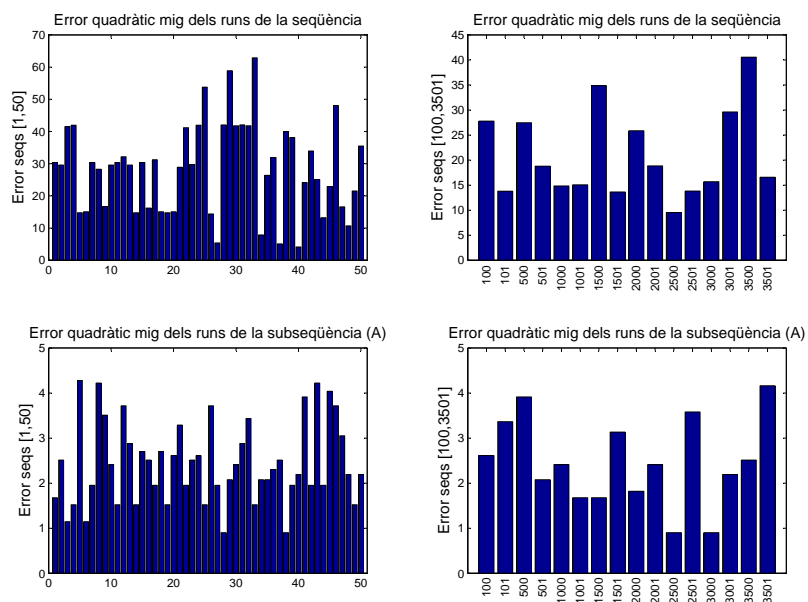
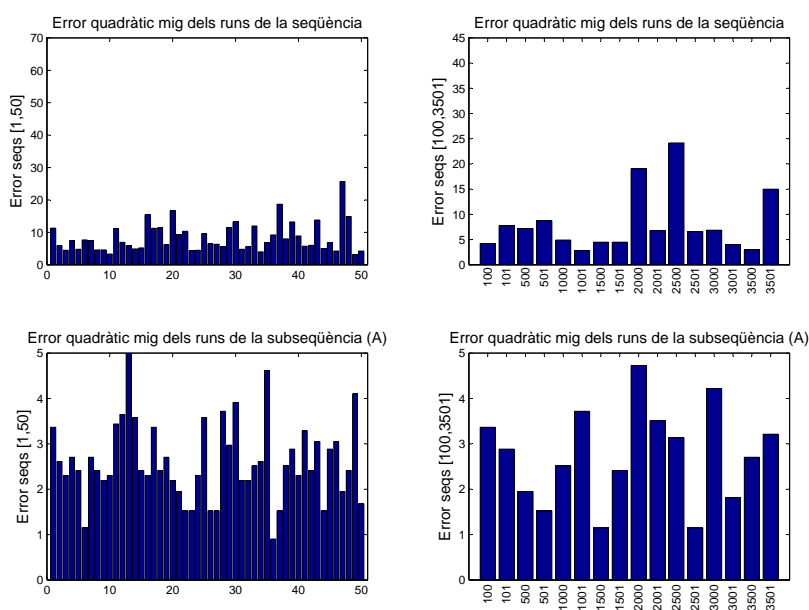


Figura 6.36: Càlculs dels *runs* de les subseqüències (A) de les seqüències GA2 per a cada una de les seqüències escollides (eix OX) i el nombre de *runs* (eix OY)



(a) Seqüències GA1



(b) Seqüències GA2

Figura 6.37: Càlculs de l'error quadràtic mig de la distribució de *runs* de cada seqüència (seqüència i subseqüència (A)) respecte de les distribucions ideals, mostrades a la figura 6.32. A l'eix OX l'índex de la seqüència, i a l'eix OY l'error quadràtic mig de la distribució de *runs*.

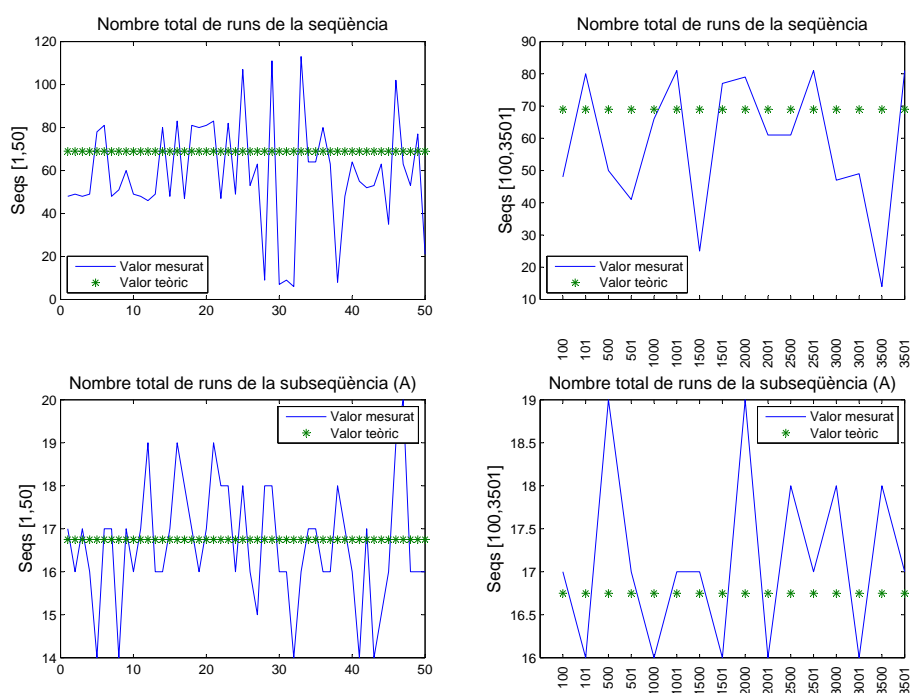
i subseqüència A. Es pot observar aquesta mesura en la figura 6.38. En cada gràfica s'hi pot observar també el valor esperat del nombre de *runs*. Així, queda clar que en alguns casos, hi ha molts més *runs* dels esperats - per tant, s'entén que hi ha molts *runs* de poca longitud - i en altres casos, el nombre de *runs* és molt més baix que l'esperat, per tant, s'entén que hi ha molts *runs* de major longitud.

La última de les mesures realitzades sobre el nombre de *runs* és la suma ponderada, que es mostra a la figura 6.39. En aquest cas, el que es fa és fer el còmput total dels errors però considerant que els errors en els *runs* d'ordre 1 compten la unitat, els errors en els *runs* d'ordre 2 compten el doble, els errors en els *runs* d'ordre 3 el triple, i així successivament. La justificació d'aquesta mesura és perquè el nombre de *runs* ideal per a longituds grans és menor, per tant, la seva manca en alguns casos pot suposar que no n'hi hagi cap o quasi cap.

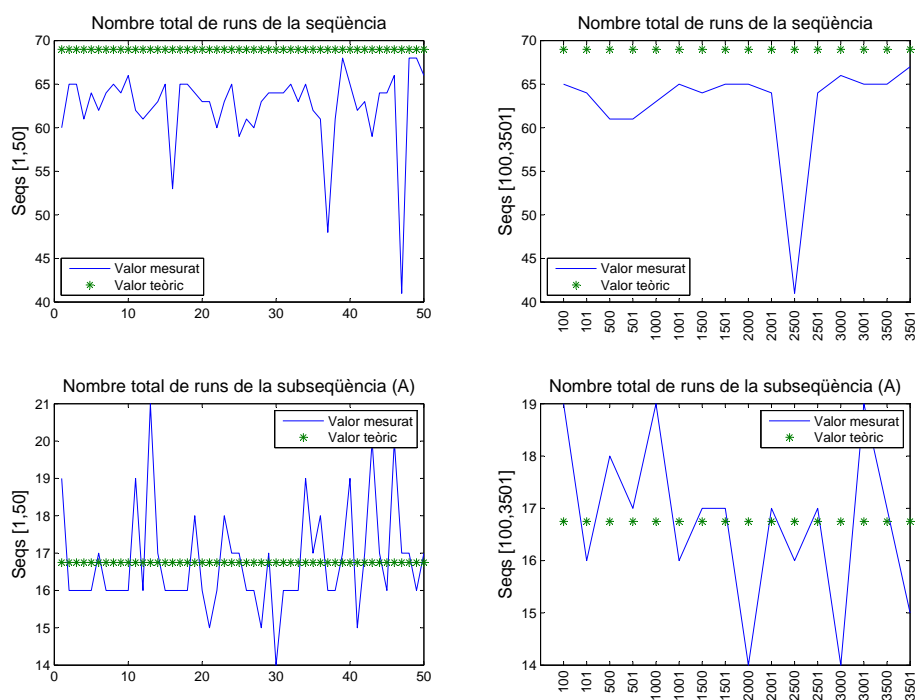
Fins aquest punt arribem en la generació de la matriu *FF* per a l'avaluació de la contribució de cada una d'aquestes mesures en els errors trobats en el funcionament de l'estructura multiresolutiva amb seqüències GA. Els valors calculats sumen un total de 24 contribucions possibles (la matriu *FF* té, doncs, 25 columnes, assumint que la primera serà només d'uns, tal i com demanen els algorismes de regressió). A continuació es detallen els escalatges i les transformacions realitzades per tal de realitzar aquest processat de les dades [CH06].

### **Escalatge i transformació de la matriu *FF***

En primer lloc, per tal de poder validar si els costos de la matriu *FF* contenen dependències d'altres paràmetres no mesurats en la funció de *fitness* original, com ara la distribució de *runs* o els valors màxims laterals de les correlacions, caldrà escalar i transformar la matriu de costos convenientment, per a que totes les dades que conté siguin tractades amb un marge dinàmic normalitzat i que no hi hagi predominàncies d'unes sobre les altres. Les funcions de transformació usades es mostren a la figura 6.40. Les proves posteriors han inclòs la matriu de costos originals (*FF*), la matriu de costos amb un escalatge Max-Min ( $FF_{MAX-MIN}$ ), la matriu de costos amb una transformació logarítmica ( $FF_{LOG}$ ), la matriu de costos amb una transformació d'arrel ( $FF_{ArrelQ}$ ) i finalment, la matriu de costos amb una transformació exponencial ( $FF_{EXP}$ ). En funció de quina sigui la naturalesa dels costos a tractar, la millor normalització serà una o altra [CH06], malgrat que les normalitzacions han estat aplicades a cada columna de la matriu sense possibilitat de que cada cost tingués una normalització distinta.



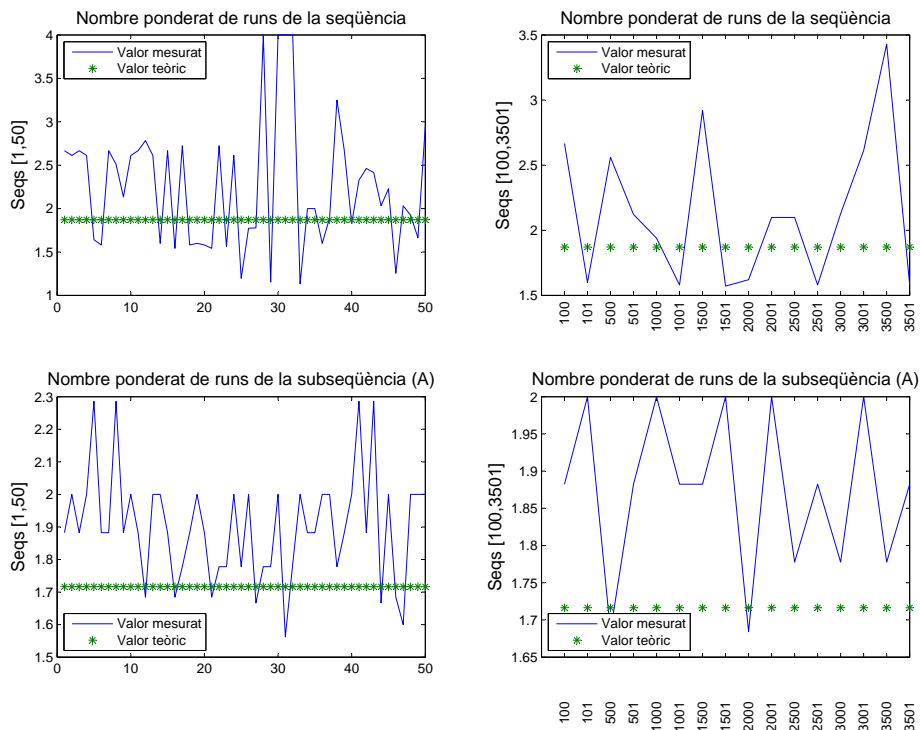
(a) Seqüències GA1



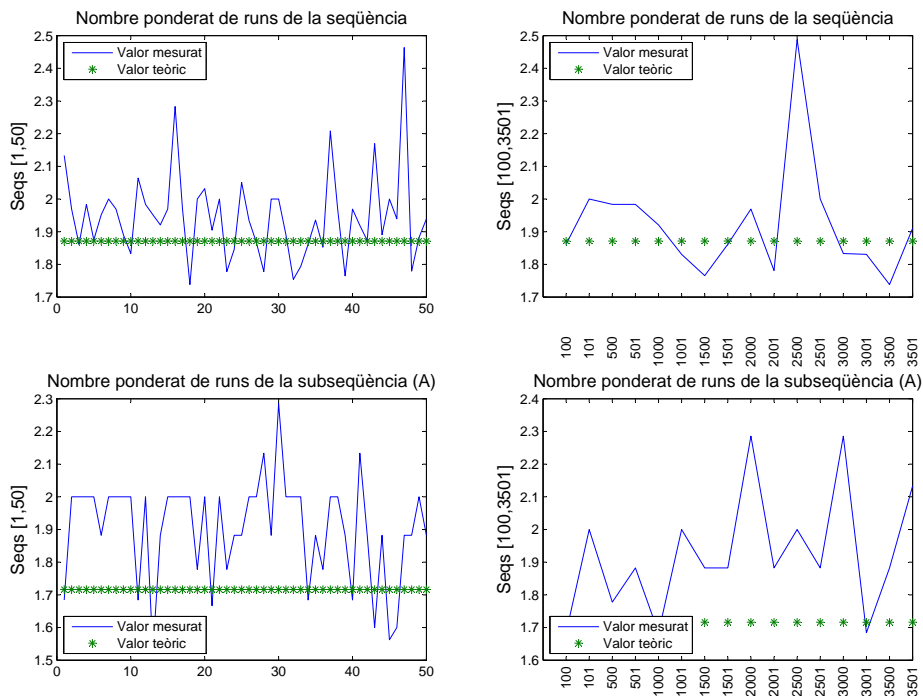
(b) Seqüències GA2

Figura 6.38: Suma del nombre de *runs* (seqüència i subseqüència (A)). A l'eix OX l'índex de la seqüència, i a l'eix OY la suma del nombre de *runs*.





(a) Seqüències GA1



(b) Seqüències GA2

Figura 6.39: Suma ponderada del nombre de *runs* (seqüència i subseqüència (A)). A l'eix OX l'índex de la seqüència, i a l'eix OY la suma del nombre de *runs*.

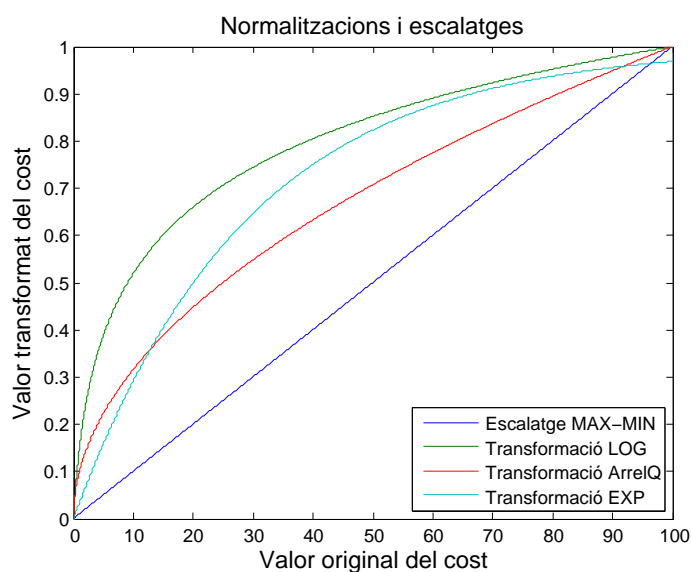


Figura 6.40: Escalatges i transformacions aplicats a les dades

En aquest sentit, caldrà una valoració prèvia de quina de totes les normalitzacions realitzades pot donar millors valors en realitzar les regressions. Amb aquesta finalitat, s'ha avaluat els moments centrats en zero d'ordre tres i quatre (*skewness* i *kurtosis* respectivament) dels costos normalitzats. Tota regressió lineal és susceptible de disposar de millors resultats si la matriu de costos que utilitza conté dades que segueixen distribucions normals [CH06]. És per això que n'avaluarem en primer lloc (veure figura 6.41) l'*skewness* i la *curtosi*. Les millors dades seran aquelles tals que aquests moments siguin mínims, idealment zero. Es pot observar a la figura 6.41 que hi ha pesos més normals que d'altres. La transformació exponencial té els pitjors resultats en molts d'aquests pesos. També s'observa que si comparem els resultats de l'escalatge Max-Min amb el fet de no aplicar cap transformació no hi ha grans diferències en quant a la normalitat de les dades (com ja calia esperar, puix que es tracta només d'un escalatge i no d'una transformació). Les dues millors transformacions, globalment, són la logarítmica i la de l'arrel quadrada, amb lleuger avantatge de l'arrel quadrada en alguns pesos. Per tal de validar aquesta conclusió, s'ha realitzat el test de Lilliefors [Lil67, Lil69], i es mostren els seus resultats a la figura 6.42 els seus resultats. Allí s'hi mostra el resultat estadístic del test de Lilliefors; per a la màxima normalitat el seu resultat hauria de ser mínim, zero en el cas ideal. És de fàcil observar que presenta uns resultats afins als ja comentats de la figura 6.41, malgrat que amb les seqüències GA1 la normalització de l'arrel quadrada no presenta tants bons resultats com en les GA2.