



AVALIAÇÃO DE IMPLEMENTAÇÕES DE ALGORITMOS GENÉTICOS NA ESTIMAÇÃO DOA

Neto, A.A.S.¹; Silva, H.V.L.²; Xavier, D.S.¹;
Lemos, R.P.²; Kunzler, J.A.²; Coelho, A.A.S.²; Ferreira, L.R.²

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás

Campus Anápolis

Anápolis-GOIÁS-Brasil

²Escola de Engenharia Elétrica, Mecânica e de Computação

Universidade Federal de Goiás

Goiânia-GOIÁS-Brasil

RESUMO: Este artigo avalia diversas implementações de algoritmos genéticos no problema da estimação da posição angular de fontes de sinais incidindo sobre um arranjo linear de sensores, que é um problema de minimização. As implementações estudadas consideram estratégias distintas no processo de seleção de estimativas com o objetivo de verificar quais deles produzem melhores resultados e menores tempos de estimação. Os resultados parciais evidenciam que algoritmos genéticos são uma possível solução para essa classe de problemas, produzindo baixo erro de estimação em altas relações sinal-ruído e comparáveis a um estimador clássico da literatura da área, porém dispende alto esforço computacional. Assim, é necessária a adoção de novas estratégias que diminuam esse esforço computacional para torna-lo competitivo em relação a outros estimadores.

Palavras-chave: Estimação da Direção de Chegada, Estimadores de Máxima-Verossimilhança, Otimização Não-Linear, Algoritmos Genéticos.

ABSTRACT: This paper evaluates the application of several genetic algorithm implementations on the problem of estimation of angular positions of signal sources impinging on an uniform linear array of sensors, which is a minimization problem. The studied implementations consider different strategies on the estimate selection procedure in order to verify which one producing better results and lower estimation time. Partial results point that genetic algorithms are a feasible solution to this class of problems, yielding lower estimation error at high signal-to-noise ratios and comparable to a classical estimator used in this research área, but it also spends high computational effort. Thus, the adoption of new approaches aiming to lowering the computational effort is needed to make genetic algorithms viable comparing to other estimators.

Keywords: Direction-of-Arrival Estimation, Maximum Likelihood Estimators, Non-Linear Optimization; Genetic Algorithms.



1. Introdução

A estimação de ângulos de incidência (*Direction-of-Arrival* ou DOA) de frentes de ondas planas incidindo em um arranjo linear uniforme (*Uniform Linear Array* ou ULA) é uma área ativa de pesquisa por décadas.

O Estimador de Máxima-Verossimilhança (*Maximum Likelihood Estimator* ou MLE) tipicamente provê desempenho de estimação superior e atinge o Limite Inferior de Cramér-Rao (*Cramér-Rao Lower Bound* ou CRLB) para um número suficientemente grande de sensores ou valor de SNR [1]. Entretanto, ele envolve minimizar uma função multivariada e altamente não-linear, exigindo uma busca multidimensional computacionalmente intensa [2].

Existem diversos estimadores DOA que evitam essa busca multidimensional, porém, eles podem apresentar erro de estimação maior do que o MLE quando o número de amostras (ou snapshots) ou o valor de SNR diminuem. Uma vez que o MLE é um processo de otimização, é possível implementar métodos otimizadores globais como os algoritmos genéticos também com o objetivo de se evitar uma busca multidimensional.

Este trabalho está estruturado da seguinte forma: a Seção 2 apresenta o modelo de sinal considerado para estimação DOA, enquanto a Seção 3 apresenta uma visão geral na fundamentação teórica do MLE e o apresenta como um problema de otimização. A Seção 4 introduz brevemente os algoritmos genéticos e aborda as implementações avaliadas neste trabalho. Os resultados obtidos até o momento são apresentados na Seção 5 e, finalmente, a Seção 6 traça conclusões parciais deste trabalho.

2. O Modelo de Sinal

Considere o problema de estimar o parâmetro θ_m (o DOA da m -ésima fonte de sinal) de cada um dos M sinais exponenciais ruidosos incidindo em um arranjo linear uniforme formado por K sensores espaçados em meio comprimento de onda. Considere que $M < K$ é conhecido e que N snapshots são tomados pelo arranjo como no modelo abaixo [3]:



$$y(n) = As(n) + n(n), \quad (1)$$

onde $y(n) \in \mathbb{C}^{K \times 1}$ é o vetor de dados ruidosos, $s(n)$ são os sinais gerados a partir um processo aleatório gaussiano de média nula, assim como o ruído aditivo $n(n)$ [3]; $A = [a(\omega_1) \cdots a(\omega_M)]$ é a matriz $K \times M$ de vetores-direção para cada um dos M sinais incidentes, que são:

$$a(\omega) = \begin{bmatrix} 1 & e^{-j\frac{2\pi d \sin \omega}{\tau}} & \cdots & e^{-j(K-1)\frac{2\pi d \sin \omega}{\tau}} \end{bmatrix}^T, \quad (2)$$

onde d é o espaçamento entre os sensores do arranjo e τ é o comprimento de onda. $\omega_m = \pi \sin \theta_m$ representa a frequência correspondente ao DOA θ_m da m -ésima fonte. Por todo este trabalho, θ em graus é usado para indicar a posição das fontes nos exemplos, figuras e tabelas, enquanto toda a formulação está conveniente derivada em termos de ω .

Finalmente, a matriz de covariância espacial teórica R a partir da saída do arranjo é dada por:

$$R = E\{y(n)y^H(n)\} = AC A^H + \sigma^2 I, \quad (3)$$

onde I é a matriz identidade, $E\{\cdot\}$ é o operador esperança estatística, $(\cdot)^H$ é o operador transposto-conjugado e σ^2 é a potência desconhecida de ruído. C é a seguinte matriz de correlação dos sinais para fontes de sinais equipotentes:

$$C = \begin{bmatrix} 1 & \rho_{(1,2)} & \cdots & \rho_{(1,M)} \\ \rho_{(2,1)} & 1 & \cdots & \rho_{(2,M)} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \rho_{(M,1)} & \rho_{(M,2)} & \cdots & 1 \end{bmatrix}, \quad (4)$$

no qual $\rho_{(i,k)} = \rho_{(k,i)} \forall k \neq i$ indica a correlação cruzada entre as fontes de sinal i e k . Caso $\rho_{(i,k)} = 0$, diz-se que as respectivas fontes de sinal são descorrelacionadas ou, em outras palavras, são sinais completamente independentes entre si. Para $\rho_{(i,k)} = 1$, as fontes são completamente correlacionadas, ou seja, o sinal produzido pela fonte i é apenas uma



cópia defasada e de mesma potência da fonte j . Finalmente, quando $0 < \rho_{i,k} < 1$, as fontes são ditas parcialmente correlacionadas. R pode ser estimada como [4]:

$$\hat{R} \triangleq \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N y(n) y^H(n) \quad (5)$$

e sua autodecomposição é dada por:

$$\hat{R} = \hat{E}_S \hat{\Lambda}_S \hat{E}_S^H + \hat{E}_N \hat{\Lambda}_N \hat{E}_N^H, \quad (6)$$

onde $\hat{\Lambda}_S = \text{diag}(\hat{\lambda}_1, \dots, \hat{\lambda}_{\hat{M}})$ é a matriz diagonal que contém os $\hat{M} = \min[M, \text{posto}(C)]$ maiores autovalores (denominados autovalores de sinal) e forma, juntamente com \hat{E}_S , o subespaço de sinal de \hat{R} . Correspondentemente, a matriz diagonal $\hat{\Lambda}_N = \text{diag}(\hat{\lambda}_{\hat{M}+1}, \dots, \hat{\lambda}_K)$ contém os $(K - \hat{M})$ autovalores remanescentes (denominados autovalores de ruído) e abrange juntamente com \hat{E}_N o subespaço ortogonal, também chamado de subespaço de ruído [5]. Vale observar que $\hat{\lambda}_1 > \hat{\lambda}_2 > \dots > \hat{\lambda}_K$ e, na ausência de ruído, $\hat{\lambda}_{\hat{M}+1} = \dots = \hat{\lambda}_K = 0$.

3. O Estimador de Máxima-Verossimilhança

O MLE provê uma estratégia sistemática a vários problemas de estimação de parâmetros [6] e pode ser usado em problemas considerados difíceis [7].

Ele consiste na estimação do vetor de frequências $\omega = [\omega_1 \ \dots \ \omega_M]$ que maximiza a função de verossimilhança $L(\omega)$ do vetor de amostras $y(n)$. Essa função de verossimilhança é a função densidade de probabilidade $p^N(y(n); \omega)$ dos N snapshots $y(n)$ e está em função de ω , que é, *a priori*, desconhecido [8]. A partir de $L(\omega)$ é possível determinar a expressão (ou função-objetivo) do MLE [9].

Esse estimador pode ser considerado um método quase-ótimo, pois ele possui um desempenho de estimação superior, além de prover estimativas assintoticamente não-polarizadas e eficientes.



Por outro lado, a função de verossimilhança é complexa, multimodal, multivariada e altamente não-linear e a sua solução é muito difícil de ser obtida de maneira eficiente do ponto de vista computacional [2]. Então, o MLE demanda elevado esforço computacional, razão pela qual a sua implementação direta não é uma alternativa comumente utilizada [9], pois o vetor de estimativas ω – que contém as coordenadas do ponto ótimo global – é gerado a partir do processo de busca M -dimensional da seguinte função-objetivo [3]:

$$\hat{\omega} = \arg \min_{\Omega} [F_{DMLE}(\omega)], \quad (7)$$

em que Ω é o conjunto de todos os possíveis vetores de estimativas no espaço de soluções e:

$$F_{DMLE}(\omega) = \text{tr}(P_A^\perp \hat{R}), \quad (8)$$

onde $\text{tr}(\cdot)$ é o operador traço matricial; $P_A^\perp = I - P_A = I - A A^{+} \in \mathbb{C}^{K \times K}$ é um operador que projeta um vetor no espaço ortogonal ao espaço das colunas de A ; $A^{+} = [A^H A]^{-1} A^H$ é a pseudo-inversa (ou a inversa generalizada) de Moore-Penrose.

Como o problema descrito na Equação (7) é um problema de minimização, é conveniente ilustrar o seu espaço de soluções. Para isso, a Figura 1 ilustra esse espaço de soluções que foi calculado considerando uma ULA formada por $K=10$ sensores e obtendo $N=100$ *snapshots*. Adicionalmente, existem duas fontes de sinais decorrelacionados e de mesma potência, com DOAs (ou posições angulares) $\theta_1=10^\circ$ e $\theta_2=15^\circ$ e na ausência de ruído. Esses valores de posições angulares são bastante utilizados na literatura para avaliar o desempenho de estimadores de alta resolução.

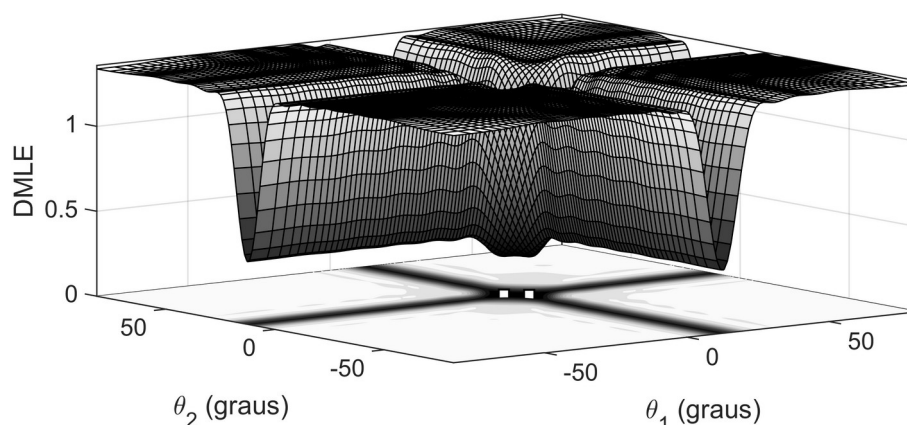


Figura 1: Espaço de soluções do DMLE para fontes de sinais descorrelacionados e situados em 10° e 15° na ausência de ruído.

Pode-se observar na Figura 1 que as estimativas DOA são as coordenadas retangulares associadas aos mínimos globais. Como existe simetria na superfície, qualquer um dos dois mínimos globais representa a solução completa para o problema. Na ausência de ruído, esses pontos coincidem com as posições angulares reais das fontes de sinal, que estão representadas por um quadrado na cor branca na parte inferior do gráfico.

Embora não seja a situação ilustrada na Figura 1, pode-se observar na presença de ruído o aparecimento de mínimos globais em posições arbitrárias dos DOAs reais. Ainda, os mínimos associados a essas posições podem ser ligeiramente deslocadas pelo ruído. Isso ocorre, pois o MLE é determinado a partir do modelo de sinal apresentado na Seção 2. Assim, à medida que o nível de ruído aumenta, o sinal amostrado se assemelha cada vez menos ao modelo. Portanto, quanto maior é o nível de ruído, mais difícil se torna a estimação DOA.

Então, pode-se inferir que, dependendo de como ocorre a otimização numérica, o estimador pode fornecer estimativas DOA completamente imprecisas na pior situação. Na melhor situação, mesmo que a otimização convirja para os mínimos associados às posições reais, o estimador pode fornecer estimativas DOA com um erro de estimação em função do nível de ruído.

4. Implementação de um Algoritmo Genético para a Estimação DOA



Os algoritmos genéticos são uma técnica bioinspirada de busca fundamentada nas teorias evolucionistas propostas por Charles Darwin. Consequentemente, essa metodologia opera utilizando-se dos conceitos de seleção natural, onde os indivíduos mais aptos tendem a sobreviverem e reproduzirem-se, passando adiante seus genes.

Nessa metodologia tem-se o conceito de uma população de indivíduos que são candidatos a solução de um problema. Cada indivíduo possui seu cromossomo, responsável por armazenar sua carga genética através de genes. Os cromossomos podem assumir representações binárias, reais, simbólicas, entre outras. A representação binária oferece uma simplicidade na manipulação dos cromossomos através dos operadores genéticos, mas a representação real oferece um melhor desempenho [10].

Essa estratégia busca uma melhor solução para um determinado problema através da evolução de populações de possíveis soluções, tendo em vista a melhoria da aptidão dos indivíduos. A cada geração, o algoritmo seleciona indivíduos, gera novos filhos e elimina o excedente de acordo com a aptidão. A avaliação é dada por uma função capaz de designar a qualidade de cada membro.

Na estimação DOA, essa função é a Equação (8) e os melhores indivíduos são os que obtêm os menores valores numéricos, uma vez que esse é um problema de minimização. Por se tratar de um problema com domínio real e estão a se avaliar estimadores de alta resolução, a estratégia adotada opera utiliza indivíduos de representação real, onde os seus genes representam as M coordenadas do espaço de soluções do DMLE, cada uma relativa à posição angular candidata de cada fonte de sinal. Em outras palavras, o i -ésimo indivíduo é o vetor $\omega_i = [\hat{\omega}_1 \ \cdots \ \hat{\omega}_M]$. Foram utilizados os métodos de seleção Torneio, Roleta e a Amostragem Universal Estocástica (*Stochastic Universal Sampling* ou SUS) [11].

O método de seleção Torneio seleciona de maneira aleatória um subconjunto de G indivíduos dentre toda a população. A partir desse subconjunto, o indivíduo com maior aptidão é o selecionado para cruzamento com outro indivíduo que também será selecionado da mesma forma.



Já a seleção pelo método Roleta gera uma roleta de probabilidades para cada indivíduo de tal maneira que a sua parte correspondente seja proporcional à sua aptidão. Com isso, os indivíduos mais aptos possuem uma maior porção da roleta, enquanto os menos aptos, uma porção menor. Após sua criação, a roleta é girada um determinado número de vezes para selecionar a quantidade necessária de indivíduos.

Por outro lado, a roleta pode ser implementada de forma que ela seja girada apenas uma única vez. Esse novo método possui o nome Amostragem Universal Estocástica. Nele, em vez de existir apenas uma única agulha de seleção, existe um número determinado de agulhas igualmente espaçadas entre si, permitindo selecionar simultaneamente todos os indivíduos com apenas um giro da roleta.

Para este trabalho foram implementados três métodos da Roleta – denominadas de tipo 1 a 3 –, o SUS e o método do Torneio. Em todas as implementações da Roleta, as probabilidades são calculadas para cada indivíduo de tal maneira que aqueles que possuem os menores valores de aptidão possuam porções maiores na roleta. Assim:

$$P(i) = \frac{P'(i)}{\sum_{j=1}^J P'(j)}, \quad (9)$$

onde $P(i)$ é a porção da roleta para o i -ésimo indivíduo da população, J é o tamanho da população e f_j é o valor j -ésimo indivíduo. Além disso, $P'(\cdot)$ é definido conforme a equação abaixo de acordo com a implementação do método da Roleta:

$$P'(i) = \begin{cases} 1 - \frac{f_i}{\sum_{j=1}^J f_j}, & \text{para a implementação do tipo 1} \\ \frac{\sum_{j=1}^J f_j}{f_i}, & \text{para as implementações dos tipos 2 e 3} \end{cases} \quad (10)$$

Além disso, as implementações dos tipos 1 e 2, retiram o i -ésimo indivíduo, depois que ele é selecionado. Assim, a roleta é calculada novamente para os indivíduos restantes. Por outro lado, o tipo 3 adota uma estratégia de nunca retirar nenhum



indivíduo do processo de seleção e, portanto, gera uma única roleta. Contudo, deve-se assegurar que o par de indivíduos selecionados para cruzamento não sejam iguais.

Independentemente do método de seleção adotado, a operação de recombinação genética entre os indivíduos i e j foi implementada seguinte maneira:

- Um valor aleatório $0 \leq p \leq 1$ é sorteado e representa o peso a ser adotado para o indivíduo mais apto;
- Calcula-se $q = (1 - p)$, que representa o peso do indivíduo menos apto;
- Se o indivíduo i for mais apto do que j , gera-se um novo indivíduo da forma $\omega_h = p\omega_i + q\omega_j$;
- Caso contrário, o novo indivíduo será gerado de forma que $\omega_h = p\omega_j + q\omega_i$.

Mesmo que essa estratégia seja simples, ela permite que, dentre os indivíduos selecionados para cruzamento, o mais apto sempre tenha um peso maior na geração do novo indivíduo. Além disso, ao considerar p e q como valores aleatórios, permite trazer à solução do problema uma maior variabilidade genética, trazendo ganhos na busca pelo mínimo global da Equação (8).

5. Resultados e Discussão

Nesta seção avaliamos os resultados de desempenho de estimação dos algoritmos genéticos utilizando cinco implementações distintas de métodos de seleção de indivíduos apresentados na seção anterior, comparando-os com um estimador tido como referência na literatura, o MODEX [12].

Para tanto, foram realizadas $S=1000$ simulações de Monte-Carlo para cada valor de SNR, que varia de -15 dB (decibéis) a 10 dB em passos de $1,25$ dB, totalizando 21 mil execuções de cada estimador. Considera-se um arranjo linear uniforme de $K=10$ sensores tomando $N=100$ *snapshots* de duas fontes de sinais descorrelacionados.

Para referência, o estimador MODEX foi executado considerando a geração de quatro raízes extras e o processo de minimização foi realizado em duas iterações.



Todas as implementações do algoritmo genético utilizaram uma população de 1000 indivíduos e com a aplicação de elitismo com cinco indivíduos. O número máximo de gerações é 100, mas, caso a variação do vetor do melhor conjunto de estimativas em duas gerações consecutivas seja menor do que 0,001 radianos, assume-se a convergência e a execução é interrompida previamente. Adicionalmente, o método de seleção Torneio foi realizando selecionando-se o melhor entre $G=10$ indivíduos.

O desempenho de estimação de cada estimador foi medido a partir da raiz do erro quadrático médio (REQM):

$$REQM = \sqrt{\frac{1}{MS} \sum_{s=1}^S \sum_{m=1}^M (\theta_m - \hat{\theta}_m)^2}, \quad (11)$$

onde $\hat{\theta}_m$ é a estimativa do ângulo DOA θ_m para a m -ésima fonte de sinal. O cálculo do REQM para uma faixa de valores de SNR produz a curva de desempenho, que é limitada inferiormente pelo Limite de Cramér-Rao (*Cramér-Rao Bound* ou CRB) [1] [13].

De maneira sucinta, um estimador assintoticamente eficiente possui uma curva de desempenho que decresce monotonicamente até atingir o CRB quando aumenta o número de *snapshots* ou o valor de SNR [9]. Por outro lado, quando esses valores diminuem até um determinado valor-crítico, o estimador falha consistentemente e a REQM aumenta de maneira considerável. Como N é constante neste artigo, avaliamos os estimadores em função da SNR de limiar, que deve ser o menor valor possível.

A Figura 2 apresenta as curvas de desempenho para o MODEX e para as implementações de algoritmo genético. Nela é possível observar que todos os estimadores possuem a SNR de limiar em $-6,25$ dB. Além disso, é possível notar que as implementações do algoritmo genético utilizando os métodos Torneio e SUS não são assintoticamente eficientes, visto que eles atingem uma resolução máxima e as respectivas curvas de desempenho não atingem o CRB quando a SNR aumenta. Por outro lado, as três implementações do algoritmo genético utilizando a roleta apresentaram na faixa de SNRs avaliados um desempenho consistente com o de um



estimador assintoticamente eficiente e, inclusive, apresentaram menor erro de estimação do que o MODEX para valores de SNR entre $-6,25$ dB e $6,25$ dB.

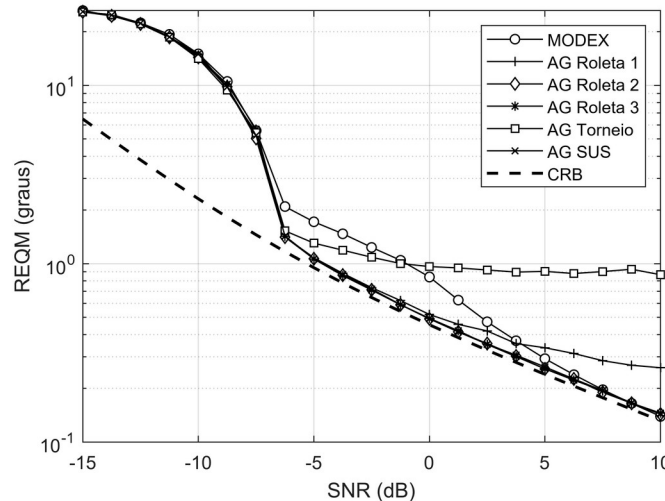


Figura 2: Curvas de desempenho dos estimadores avaliados em função da SNR.

Finalmente, os estimadores também são avaliados em função do seu esforço computacional. Como há aplicações em que a estimação DOA deve ser realizada em tempo real, os tempos de execução devem ser os menores possíveis. Neste artigo, foram coletados todos os tempos de execução dos estimadores, que são apresentados na Tabela 1. Nela, é possível notar que o MODEX possui os menores tempos de execução dentre os estimadores avaliados. Todas as implementações de algoritmos genéticos possuem tempos de estimação entre duas e três ordens de magnitude maiores do que o do MODEX. Porém, todos os algoritmos genéticos utilizaram uma população de 1000 indivíduos e, ainda não foi avaliado no decorrer do trabalho o impacto na estimação DOA ao se utilizar uma população menor.

Tabela 1: Tempo total da execução de 21 mil experimentos (em segundos).

	MODEX	AG Roleta 1	AG Roleta 2	AG Roleta 3	AG Torneio	AG SUS
Média	0,0063	0,9183	1,0234	0,9646	0,6925	1,1260
Mediana	0,0060	0,8223	0,8583	0,8122	0,6388	0,9382
Desvio-padrão	0,0050	0,4118	0,4341	0,4117	0,1606	0,4804
Variância	0,0000	0,1695	0,1885	0,1695	0,0258	0,2308

6. Conclusão



Como o problema de estimação DOA é modelado como um problema de otimização, é possível utilizar otimizadores como os algoritmos genéticos. Neste trabalho foram avaliadas diversas implementações de algoritmos genéticos, com três variações do método de seleção Roleta, uma do Torneio e outra denominada SUS. Adicionalmente, todos eles utilizaram um método de cruzamento genético que considera um problema com domínio real e pesos aleatórios para cada cruzamento, mais apropriado à estimação DOA.

Embora o trabalho ainda esteja em andamento, foi possível observar que os tempos de execução de todas as implementações de algoritmos genéticos são consideravelmente maiores do que os do MODEX, um método clássico na literatura. Contudo, também pode-se ressaltar que o método da Roleta apresentou os melhores resultados em termos de desempenho de estimação e, portanto, os menores erros de estimação. Isso evidencia que algoritmos genéticos podem produzir boas estimativas de posições angulares das fontes de sinais.

Dessa forma, os estudos futuros devem se concentrar em adotar novas estratégias que permitam a implementação de algoritmos genéticos mais rápidos, mas que ainda sejam assintoticamente eficientes, de forma a torna-los uma solução viável na estimação DOA. Para isso é necessário o estudo de estratégias que diminuam a quantidade de indivíduos a serem criados a cada geração.

Este trabalho é vinculado ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC) do Instituto Federal de Goiás (IFG) sob o registro 2019120436186497.

7. Referências Bibliográficas

1. Stoica, P., Nehorai, A.: Performance Study of Conditional and Unconditional Direction-of-Arrival Estimation. IEEE Transactions on Acoustic, Speech and Signal Processing; 38 (10), 1783-1795; (1990).
2. Li, M., Lu, Y.: A Refined Genetic Algorithm for Accurate and Reliable DOA Estimation with a Sensor Array. Wireless Personal Communications; 43 (2), 533-547; (2007).



3. Krim, H., Viberg, M.: Two Decades of Array Signal Processing. IEEE Signal Processing Magazine; 67-97; (1996).
4. Lopes, A., Bonatti, I. S., Peres, P. L. D., Alves, C. A: Improving the MODEX Algorithm for Direction Estimation. Signal Processing; 83 (9), 2047-2051; (2003).
5. Li, F., Vaccaro, R. J.: Unified Analysis for DOA Estimation Algorithms in Array Signal Processing. Signal Processing; 25, 147-169; (1991).
6. Cramér, H.: Mathematical Methods of Statistics. Princeton University Press; 1946.
7. Kay, S. M.: Fundamentals of Statistical Signal Processing; Vol. 1. Prentice Hall; 1993.
8. Silva, F. J.: Uso de Filtragem em Métodos de Estimação DOA Através de Arranjo de Sensores. Dissertação de Mestrado em Engenharia Elétrica. Campinas: Universidade Estadual de Campinas (2007).
9. Alves, C. A.: Análise Teórica e Experimental de Métodos de Estimação DOA e de Estimação de Frequência com Alta Resolução. Tese de Doutorado em Engenharia Elétrica. Campinas: Universidade Estadual de Campinas (2004)
10. Pacheco, M. A. C. *et al.*: Algoritmos genéticos: princípios e aplicações. ICA: Laboratório de Inteligência Computacional Aplicada; (1999).
11. Baker, J. E.: Reducing Bias and Inefficiency in the Selection Algorithm. In: Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms and their Application. pp. 14-21. Hillsdale, EUA (1987).
12. Gershman, A. B., Stoica, P.: New MODE-based Techniques for Direction Finding with an Improved Threshold Performance. Signal Processing; 76, 221-235; (1999).
13. Van Trees, H. L.: Optimum Array Processing – Part IV of Detection, Estimation and Modulation Theory. John Wiley and Sons; 2002.