

Інформаційні технології і системи. – Львів, 2004. – Т. 7, № 1. – С. 5–16. 16. Цмоль І.Г. Принципи розробки і оцінка основних характеристик високопродуктивних процесорів на надвеликих інтегральних схемах // Вісн. Держ. ун-ту “Львівська політехніка”. – 1998. – № 349. – С. 5–11. 17. Стрямець С.П., Цмоць І.Г. Паралельні алгоритми та НВІС-структури обчислення суми парних добутків // Вісн. Нац. ун-ту “Львівська політехніка”. – 2003. – № 496. – С. 255–263.

УДК 621.396.6

В.М. Крищук, Г.М. Шило, Б.А. Артюшенко
Запорізькій національний технічний університет,
кафедра теоретичних вимірювань радіоапаратури

АДАПТАЦІЯ ГЕНЕТИЧНОГО АЛГОРИТМУ ДЛЯ ЗАДАЧІ ВІДНОВЛЕННЯ ХАРАКТЕРИСТИК АНТЕННОЇ ҐРАТКИ ПРИ ВІДМОВАХ ЇЇ МОДУЛІВ

© Крищук В.М., Шило Г.М., Артюшенко Б.А., 2007

Розглядається вплив параметрів генетичного алгоритму оптимізації характеристик напрямленості антенної ґратки при відмовах її модулів на його ефективність. Порівнюються процедури селекції, кросоверу та мутації. Досліджується роль параметрів генетичного алгоритму.

In this paper influences of genetic algorithm for antenna array correction in term of departure diagram with failed modules parameters on its efficiency is studied. Various selection, crossover and mutation procedures are compared. The role of genetic algorithm's parameters is studied.

Вступ. При експлуатації антенної решітки (ґратки) її характеристики можуть погіршуватись через відмови її активних модулів (АМ). Ці відмови ведуть до зменшення коефіцієнта направленої дії, збільшення рівня бокових пелюстків (РПБ) тощо. Через жорсткі вимоги до РБП в режимі прийому (РБП < -40...-50 дБ) навіть відмова одного модулю активної фазованої антенної решітки (АФАР) призводить до зростання РБП понад припустимий рівень.

Відомі такі підходи до відновлення роботи АФАР за відмови модулів: заміна АМ, адаптація АФАР. За першим підходом потрібно або припинити використання АФАР на час виконання ремонтних робіт, або провести заміну в робочому режимі, що не завжди можливо. Отже, виникає задача адаптування антенної ґратки з відмовленими модулями. Для розв'язання цієї задачі в реальному часі використовують перерозподіл амплітуд та фаз працездатних модулів.

У працях [1, 2] розглянуто методи адаптації АФАР за допомогою градієнтних методів. Недоліком цих методів є неоптимальність сформованих діаграм напрямленості (ДН). Використання стохастичних методів (і насамперед генетичного алгоритму) є перспективним через можливість їх застосування як універсального підходу. Але ці методи потребують великих обчислювальних витрат [3]. Отже, постає задача вибору оптимальних значень параметрів генетичного алгоритму адаптації АФАР при відмовах її модулів.

Метою статті є вибір оптимальних значень параметрів генетичного алгоритму (ГА) для задачі оптимізації характеристик антенної решітки при відмовах її активних модулів.

Для розв'язання поставленої задачі необхідно:

- визначити критерії оцінки якості характеристик АФАР при відмові її активних модулів;
- адаптувати ГА для задачі оптимізації АФАР;
- провести порівняльний аналіз впливу параметрів та операторів генетичного алгоритму на його ефективність.

Відновлення характеристик антенної ґратки при відмовах її модулів. У цій роботі розглядається планарна антенна решітка з $N_x \cdot N_y$ ненапрямлених випромінювачів без взаємовпливів. Діаграма напрямленості (ДА) АФАР має вигляд:

$$E_{\varphi\theta} = \sum_{n_x=1}^{N_x} \sum_{n_y=1}^{N_y} I_{n_x n_y} \exp(j \cdot k_x d_x n_x + j \cdot k_y d_y n_y), \quad (1)$$

де $I_{n_x n_y} = A_{n_x n_y} e^{j \cdot v_{n_x n_y}}$ – комплексна амплітуда збудження випромінювача (n_x, n_y) ,

$$k_x = \frac{2\pi}{\lambda} \sin \theta \cos \varphi, \quad k_y = \frac{2\pi}{\lambda} \sin \theta \sin \varphi, \quad j = \sqrt{-1}, \quad \lambda - \text{довжина хвилі.}$$

Модуль вважають таким, що відмовили, якщо він не випромінює енергії ($I_{n_x n_y} = 0$).

Метою адаптації є наближення ДН АФАР з модулями, що відмовили до ДН АФАР без відмов та зниження рівня бічних пелюстків. Як критерій оптимальності оберемо інтегральну характеристику:

$$\sum_{\theta=0, \delta\theta}^{2\pi} \sum_{\varphi=0, \delta\varphi}^{2\pi} \begin{cases} \|E_{\theta\varphi}^t - E_{\theta\varphi}^w\| & \text{if } (\theta, \varphi) \in ml \\ |E_{\theta\varphi}^t| & \text{otherwise} \end{cases} \rightarrow \min, \quad (2)$$

за таких умов:

$$A_{n_x, n_y}^t = A_{n_x, n_y}^w + dA_{n_x, n_y}^t, \quad (3)$$

$$\underline{dA_{n_x, n_y}^t} \leq dA_{n_x, n_y}^t \leq \overline{dA_{n_x, n_y}^t}, \quad (4)$$

$$v_{n_x, n_y}^t = v_{n_x, n_y}^w + dv_{n_x, n_y}^t, \quad (5)$$

$$\underline{dv_{n_x, n_y}^t} \leq dv_{n_x, n_y}^t \leq \overline{dv_{n_x, n_y}^t}, \quad (6)$$

де $A_{n_x, n_y}^w, v_{n_x, n_y}^w, E_{\theta\varphi}^w$ – амплітуди, фази та ДН АФАР за відсутності відмов, $A_{n_x, n_y}^t,$

$v_{n_x, n_y}^t, E_{\theta\varphi}^t$ – амплітуди, фази та ДН АФАР з модулями, що відмовили $n_x = \overline{1, N_x}, n_y = \overline{1, N_y},$

$dv_{n_x, n_y}^t, dA_{n_x, n_y}^t$ – додаткова фаза та амплітуда активного модуля (її треба синтезувати).

З виразу (1) випливає, що при відмові АМ доцільно перерозподіляти амплітуди та фази ближніх до нього модулів, що і використовують автори робіт [1–3]. Отже, при адаптації ГА достатньо розглянути перерозподіл на невеликій АФАР, а отримані результати будуть справедливими і для інших решіток.

Генетичний алгоритм. Генетичний алгоритм ґрунтується на процесах еволюції видів живих істот та відтворює ці процеси, завдяки чому цей алгоритм може бути застосовано до різноманітних прикладних задач. Відмінністю генетичного алгоритму від детермінованих методів є те, що ГА проводить пошук від багатьох точок і використовує випадковий перехід з одних рішень до інших (геномів) до наступних.

Геноми представлено бітовими рядками: $A = \{A_1, A_2, \dots, A_{L-1}, A_L\}$ або вектором чисел (з плаваючою точкою). Представлення генома бітовими рядками історично є більш поширеним, але останнім часом (через простоту роботи з (2)) поширюється числове представлення.

ГА виконує пошук, проходячи задану кількість кроків. Крок генетичного алгоритму полягає у створенні нового набору (популяції) рішень (геномів) з попереднього, для чого застосовують операції добору (селекції), розмноження (кросовер та мутація) та репродукції краще пристосованих.

Як пристосованість генома можна розглядати абсолютне або відносне значення функції фітнесу генома. Функція фітнесу показує, наскільки вдалим є рішення, для розглянутої задачі – вираз (2).

Процедура селекції обирає геноми з попереднього кроку для розмноження. Розрізняють такі типи селекції:

1. Рівномірна (uniform). Вірогідність геномів бути допущеними до схрещення однакова. Використання цього методу є доцільним хіба що за великої еліти, в інших випадках ГА наближається до методу Монте-Карло;

2. Турнамент (tournament). Випадково вибираються const геномів, серед яких обираються два найкращі;

3. Рулетка (roulette). Вірогідність вибору геному j визначається:

$$\left(\frac{PopSize}{\sum_{i=1} F_i} \right) / F_j, \quad (7)$$

де F_j – пристосованість геному j ; $PopSize$ – величина популяції.

4. Залишкова (remainder). Аналогічна процедурі рулетки, але відрізняється тим, що береться ціла частина функції пристосованості.

Обрані в процесі селекції геноми (батьки) утворюють геноми-нащадки. Процес створення геному полягає в обміні генетичного матеріалу між батьками (кросовер) та внесення випадкових змін (мутацій) у геном.

Зазвичай розглядають такі типи кросоверу:

1. Одноточковий (single-point). Обирає випадкове число n від 1 до довжини бітового рядка, що репрезентує геном, та заносить до генома-нащадка гени з номерами до n від першого батька, а в інших випадках – від другого батька. Цей метод є чи не найпоширенішим та найлегшим у програмній реалізації, але ГА з цим механізмом є і найменш стабільними. Наприклад:

Батько 1	=	[a b c d e f g h]
Батько 2	=	[1 2 3 4 5 6 7 8]
n	=	3
Нашадок	=	[a b c . 4 5 6 7 8];

2. Двоточковий (two-point) майже не відрізняється від одноточкового, але замість одного числа обирає два. Наприклад:

$n1 = 3$	$n2 = 6$
Нашадок	= [a b c . 4 5 6 . g h];

3. Багатоточкові (multiple-point) використовується кількість точок, більша за 1;

4. Рівномірний (uniform, scattered). Спочатку створюється випадковий бітовий вектор. До генома-нащадка заносяться гени від першого батька в позиціях, де вектор дорівнює одиниці, або від другого в іншому випадку. Наприклад:

Випадковий бітовий вектор	=	[1 1 0 0 1 0 0 0]
Нашадок	=	[a b 3 4 e 6 7 8];

5. Арифметичний (intermediate) геном-нащадок створюється як число в межах інтервала батьків. Цей механізм здебільшого використовується у парі з репрезентуванням геному у вигляді вектора чисел, що зменшує час на схрещення та обчислення придатності. Наприклад:

$$child = parent_1 + r \cdot (parent_2 - parent_1), \quad (8)$$

де $r \in [0,1]$ – випадкова величина, $parent_1$ $parent_2$ – батьки, $child$ – нащадок.

6. Евристичний (heuristic) відрізняється від попереднього тим, що нащадок наближається до більш пристосованого з батьків, тобто r залежить від відношення пристосованостей батьків.

Як оператор мутації зазвичай розглядають: рівномірну (вірогідність мутації кожного біта є незалежною) та гауссову (відповідно до нормального закону розподілу) мутації. Рівномірна мутація характеризується: щільністю мутації (тобто вірогідністю для біта змінити своє значення на протилежне) та вірогідністю генома мутувати (в цій роботі вважається, що геноми утворюються або за допомогою кросоверу, або мутації).

Найкращі батьки (еліта) та нащадки утворюють нове покоління і переходять до наступного кроку.

Приклади

Розглянемо АФАР з 21×21 ($N_x = 21$, $N_y = 21$, $d_x = d_y = \lambda/2$) випромінювачів [5]. Для цієї антенної ґратки навіть відмова одного (центрального) модуля призводить до зростання рівня бокових пелюстків на 20дБ, отже, постає задача адаптації АФАР. При роботі антени мають значення різні площини: оберемо для розгляду азимутальну, діагональну та кутовмісну площини, тобто у виразі (2) $\max \varphi = \pi/2$, $\delta\varphi = \pi/4$, $\max \theta = 2\pi$, $\delta\theta = \pi/180$.

У наведених таблицях та графіках ефективністю роботи ГА вважають мінімальне значення виразу (2) на останньому поколінні; якщо прямо не сказано зворотне, використовувався ГА з турнамент селекцією, рівномірним кросовером та мутацією, вірогідність кросоверу – 0.8, щільність мутації – 0.01, величина популяції – 100, величина еліти – 20. Як показали проведені численно експерименти, ці значення наближаються до оптимальних. Проведені розрахунки показали, що використання представлення геномів бітовими рядками несуттєво збільшує час розрахунку, але не призводить до зростання кількості обчислень виразу (2), що відрізняється від отриманих даних для синтезу антенної решітки [6]. У табл. 1 та 2 показано вплив операторів ГА на значення їх параметрів. Як видно з табл. 1 найкращі результати можна отримати за рівномірного кросоверу та турнамент селекції. З табл. 2 видно, що вірогідність кросоверу та щільність мутації мають лежати в межах стандартних значень [7].

Таблиця 1

Ефективність ГА при різних типах кросоверу, селекції та мутації

Кросовер	Одноточковий	Двоточковий	Рівномірний	Арифметичний	Евристичний
	2,048	2,1293	1,9533	2,04	2,1419
Мутація	Рівномірна (щільність – 0,01)		Гауссову (scale=1, shrink=1)		
	1,9533		3,23		
Селекція	Рівномірна	Стохастична	Турнамент	Рулетки	Залишкова
	2,6343	2,486	1,9533	2,371	2,4576

Таблиця 2

Ефективність ГА при різних значеннях параметрів

Щільність мутації	Вірогідність кросоверу		
	0,7	0,8	0,9
0,005	2,0665	2,0674	2,4137
0,01	2,2455	2,1594	2,3476
0,02	2,0847	2,0606	2,3567

На рис. 1 показано залежність ефективності роботи генетичного алгоритму від величини популяції та еліти. Кількість поколінь обирали так, щоб кількість обчислень залишалась сталою. Аналогічні залежності отримано і при відмові 4-х випадкових модулів (рис. 2). Як видно з рисунків, незалежно від кількості відмов ГА краще працює з невеликими популяціями та великою елітою.

Результати роботи ГА (синтезована ДН) генетичного алгоритму наведено на рис. 3.

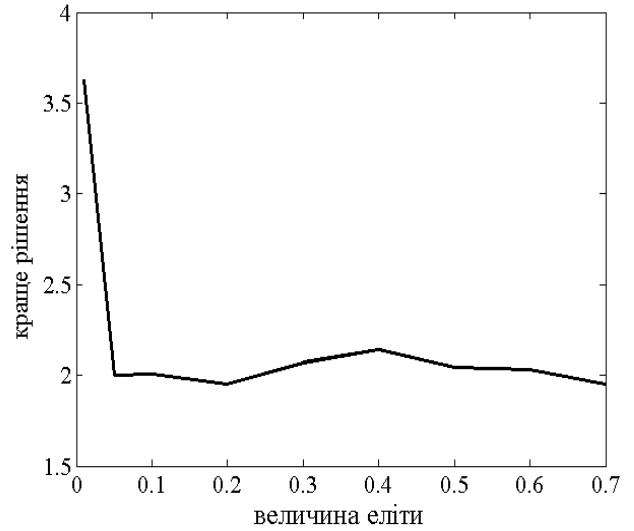
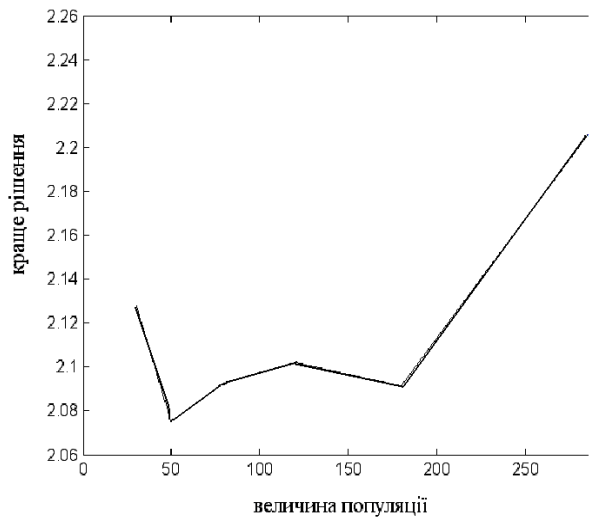


Рис. 1. Залежність ефективності роботи ГА від величини популяції (а), та величини еліти (б)

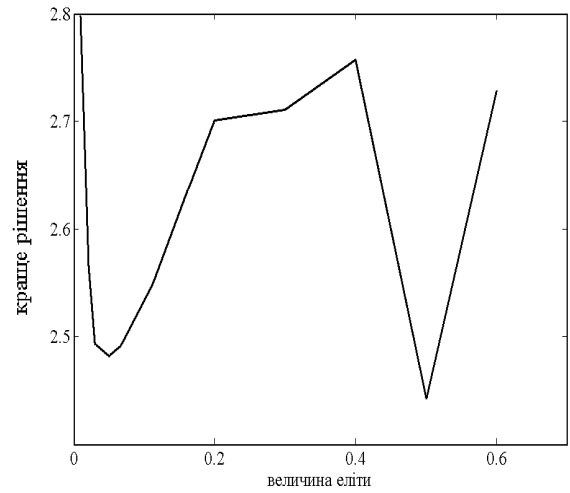
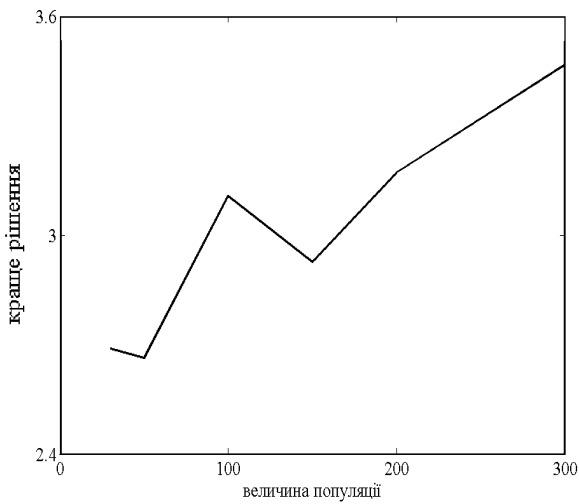


Рис. 2. Залежність ефективності роботи ГА при відмовах 4-х елементів від величини популяції (а), та величини еліти (б)

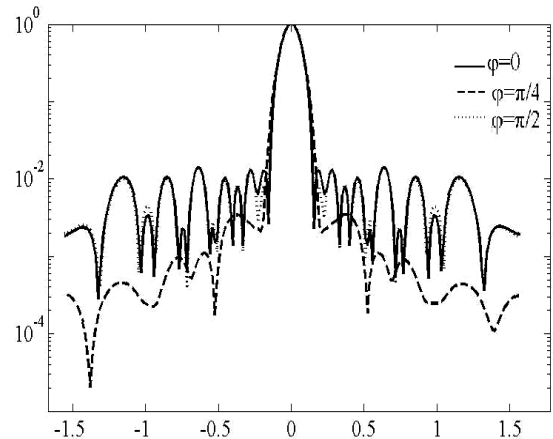
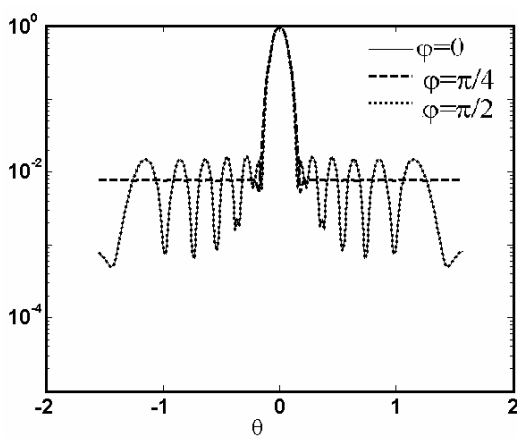


Рис. 3. ДН АФАР при відмові центрального мозуля без відновлення (а), з відновленням за допомогою генетичного алгоритма (б)

Висновки. У роботі розглянуто вплив параметрів генетичного алгоритму на його ефективність для задачі відновлення характеристик антенної ґратки при відмовах її модулів. Показано, що такі параметри, як величина популяції та еліти, вірогідність кросоверу, щільність мутації, тип мутації, кросоверу та селекції значно впливають на роботу генетичного алгоритму. Кращі результати надають генетичні алгоритми з великою елітою та малою популяцією, рівномірною мутацією та турнамент селекцією.

1. Peters T.J. *A conjugate gradient-based algorithm to minimize the sidelobe level of planar antenna arrays with elements failures* // *IEEE Trans. On Antennas and Propagation*. – 1991. – Vol. 39, No. 10. – P. 1497–1504. 2. Levitas M., Horton D.A., Cheston T.C. *Practical Failure Compensation in Active Phased Array* // *IEEE Trans. On Antennas and Propagation*. – 1999. – Vol. 47, No 3. – P. 524–535. 3. Yeo B., Lu Y. *Array Failure Correction with Genetic Algorithm* // *IEEE Trans. on Antennas and Propagation*. – 1999. – Vol. 47, No. 5. – P. 823–828. 4. Krischuk V., Shilo G., Artyushenko B. *Tolerable Linear Antenna Array Design with Genetic Algorithm* // *Proceedings of the IXth International Conference CADSM'07*. – Lviv-Polyana, 2007. – P. 167–169. 5. Гостюхин А.В. *Восстановление характеристик направленности активных фазированных антенных решеток при отказах активных модулей: Дис. .. канд. техн. наук*. – М., 2005 – С. 108. 6. Lee Y.H., Marvin A.C., Porter S.J. *Genetic Algorithm using Real Parameters for Array Antenna Design Optimization* // *Proceedings of High Frequency Postgraduate Student Colloquim*. – Leeds (GB), 1999. P. 8–13. 7. Олейник М.П. *Разработка генетических алгоритмов проектирования элементов телекоммуникационных систем: Дис. ...канд. техн. наук*. – М., 2003. – С. 128.

УДК 004.413.4, 004.942, 007.5, 65.011.3, 681.518

А.Ю. Берко, В.А. Висоцька, І.В. Рішняк
Національний університет “Львівська політехніка”,
кафедра інформаційних систем та мереж

МЕТОДИ ТА ЗАСОБИ ОЦІНЮВАННЯ РИЗИКІВ БЕЗПЕКИ ІНФОРМАЦІЇ В СИСТЕМАХ ЕЛЕКТРОННОЇ КОМЕРЦІЇ

© Берко А.Ю., Висоцька В.А., Рішняк І.В., 2007

Проаналізовано засоби захисту інформації в системах електронної комерції та запропоновано моделі цих систем на основі аналізу та оцінювання інформаційних ризиків.

Analysis of the of proofing tools for electronic commerce systems is considered and the models of these systems on the basis of analysis and evaluation of information risks are offered in the article.

Вступ. Останнім часом повідомлення про атаки “хакерів” все частіше з’являються у засобах масової інформації. Що ж таке “атака на інформацію”? Дати визначення цій дії насправді дуже складно, оскільки інформація, особливо електронна, може мати багато різновидів. Інформацією можна вважати й окремих файл, і базу даних, і один запис у ній, і цілий програмний комплекс. І всі ці об’єкти можуть бути “атаковані” певними особами чи групами осіб. Під час збереження, підтримки і надання доступу до будь-якого інформаційного об’єкта його власник чи уповноважена ним особа накладає певні вимоги чи правила роботи з нею. Навмисне порушення цих правил розцінюється як атака на інформацію [4].

Під інформаційною безпекою системи електронної контент-комерції (СЕКК) розуміють захищеність інформації і підтримувальної інфраструктури від випадкових або навмисних впливів природного чи штучного характеру, викликати нанести збитки власникам або користувачам інформації і підтримувальної інфраструктури. Будь-яке порушення безпеки інформацій в