

**ЕВОЛЮЦІЙНИЙ АЛГОРИТМ ДЛЯ АВТОМАТИЗОВАНОГО СТРУКТУРНО-ПАРАМЕТРИЧНОГО СИНТЕЗУ НВЧ ТРАНЗИСТОРНИХ ПІДСИЛЮВАЧІВ**

*В статті наведено морфологічний аналіз каскадних надвисокочастотних транзисторних підсилювачів. Для процедури морфологічного синтезу розроблений пошуковий алгоритм, який заснований на генетичних алгоритмах, обрана система кодування та декодування структури та параметрів надвисокочастотного підсилювача.*

*Ключові слова: еволюційний алгоритм, генетичний алгоритм, морфологічний підхід, морфологічне дерево, автоматизований структурно-параметричний синтез, транзисторний підсилювач, надвисокочастотний малощумний підсилювач.*

D.A. MAKARYSHKIN, L.O. KOVTUN, O.G. ONYSHKO, A.V. BORYS  
Khmelnytsky National University

**EVOLUTIONARY ALGORITHM FOR AUTOMATIC STRUCTURAL-PARAMETRIC SYNTHESIS OF MICROWAVE TRANSISTOR AMPLIFIER**

*In the article the morphological analysis cascading microwave transistor amplifiers. For procedure of morphological synthesis a searching algorithm that is based on genetic algorithms, select system of code and decoding of structure and parameters of microwave strengthener, is worked out. Implemented automated process of structural and parametric synthesis of microwave low noise amplifier cascade over a range of performance requirements using idealized models of passive components based on genetic algorithm. The results show that the evolutionary algorithm for automated structural and parametric synthesis of microwave transistor amplifiers can significantly simplify the process of designing microwave low noise amplifier. The advantage of evolutionary algorithm for automated structural and parametric synthesis of microwave transistor amplifiers is the ability to control the structure and range of nominal elements; it offers practically implemented amplifier circuit.*

*Keywords: the evolutionary algorithm, the genetic algorithm, morphological approach, morphological tree, automatic structural-parametric synthesis, the transistor amplifier, the microwave low noise amplifier.*

**Постановка проблеми.** У сучасних радіоелектронних системах широке розповсюдження отримали надвисокочастотні (НВЧ) напівпровідникові пристрої. В частковому випадку, вони знаходять застосування в системах зв'язку, радіолокації, радіонавігації, радіоастрономії, високошвидкісної передачі даних, системах військового та космічного призначення і т.д.

Одним із найбільш розповсюджених типів НВЧ напівпровідникових пристроїв є НВЧ транзисторні малощумні підсилювачі (МШП), які визначають чутливість, дальність дії, завадостійкість, розрізнявальну здатність та інші характеристики радіоелектронних систем. До основних характеристик МШП відносяться смуга пропускання робочих частот, нерівномірність та форма амплітудно-частотної характеристики, коефіцієнт шуму, динамічний діапазон, рівень узгодження на вході та виході з трактом передачі сигналу, стійкість та інші.

Питаннями проектування НВЧ транзисторних підсилювачів (ТП) і, в частковому випадку, МШП присвячено велику кількість робіт вітчизняних та зарубіжних авторів, запропоновано значне число схем НВЧ ТП, а також методик їх розрахунку. Однак, проблема проектування НВЧ МШП залишається актуальною. Це пов'язано з недоліками та обмеженнями існуючих підходів до проектування, постійно зростаючим об'ємом розробки НВЧ МШП в різних частотних піддіапазонах, підвищенням вимог та недостатчею кваліфікованих спеціалістів. В останні часи вказана проблема загострилась у зв'язку з розвитком засобів масової комунікації в НВЧ діапазоні (комірковий та мобільний зв'язок, Wi-Fi та ін.).

Перспективним напрямком подолання вказаних труднощів є створення методів автоматизованого (автоматичного) синтезу конкретних типів НВЧ радіоелектронних пристроїв та розробка спеціалізованих інтелектуальних систем автоматизованого проектування, які дозволяють генерувати принципові схеми пристроїв у відповідності до вимог, які пред'являються.

Таким чином, розробка методів, алгоритмів та програмного забезпечення для автоматизованого синтезу НВЧ МШП є актуальною науковою задачею і має важливе значення для підвищення ефективності проектування та покращення характеристик цього класу пристроїв.

**Аналіз останніх досліджень та публікацій.** Для проектування НВЧ МШП у теперішній час використовуються, у частковому випадку, графоаналітичні методи на основі використання кругової діаграми Вольперта-Сміта, аналітичні методи, методи «реальної частоти», систематичний пошук, декомпозиційний метод синтезу, методики візуального проектування та інші. Окремі етапи проектних процедур на базі вказаних підходів є автоматизованими. Також є невелика кількість програмних продуктів, які забезпечують рішення задачі проектування НВЧ МШП: Amplifier Design Wizard [1, 2], Linc2 [3] та RF Compiler [4]. При цьому існуючі методи, як правило, орієнтовані на частковий синтез НВЧ МШП, тобто синтез пасивних коригуючих кіл (КК), а також узгоджених кіл (УК), узгоджено-коригуючих кіл (УКК) та кіл зворотного зв'язку (ЗЗ), за відомим способом їх з'єднання з активним елементом (АЕ) – транзистором.

Слід також відмітити невелику кількість та обмежені функціональні можливості існуючих

спеціалізованих програм для автоматизації проектування НВЧ транзисторних підсилювачів. Перераховані програми розроблялися під застарілі на даний момент ЕОМ та операційні системи і у теперішній час не використовуються. Нижче наведені тільки найбільш потрібні на даний момент зарубіжні розробки. У теперішній час відомі наступні сучасні програмні продукти для проектування узгоджувачів кіл, а також НВЧ транзисторних підсилювачів [5]: *MultiMatch* (фірма *Ampsa PTY Ltd.*, США) [2]; *Genesys* (фірма *Keysight*, США) [6]; *Linc2* (фірма *Applied Computational Science*, США) [3]; *Smith* (Бернський університет прикладних наук, Швейцарія) [7]; *ZMatch* (у складі програмного продукту *Filter Solutions*, фірма *Nu-hertz*, США) [8]; *RF Compiler* (фірма *Hewlett Packard*, США) [4].

Однак перераховані підходи та програмне забезпечення на їх основі мають значні недоліки. Аналітичні методи використовують спрощені моделі АЕ та різні допущення, які понижують точність проектування. Багато методів не враховують повний комплекс характеристик НВЧ МШП, а також не дозволяють контролювати структури та значення елементів синтезованих КК, останнє ускладнює практичну реалізацію підсилювачів. Більшість запропонованих методів є чисельними та ґрунтовані на процедурах нелінійної оптимізації, які страждають від загальновідомих недоліків (необхідність початкового наближення, проблеми збіжності, отримання локальних оптимумів і т.д.).

Порівняно недавно почалися інтенсивні дослідження в області розвитку нових підходів до рішення загальної задачі структурно-параметричного синтезу технологічних об'єктів (також радіоелектронних пристроїв), які засновані на принципах штучного інтелекту та еволюційних обчислень. З'явилася нова область – еволюційна електроніка, яка займається застосуванням вказаних принципів до синтезу цифрових та аналогових радіоелектронних пристроїв [5].

Перспективним підходом в цій області є використання еволюційних (ЕА) та генетичних алгоритмів (ГА) [9, 10], які імітують еволюційні процеси у природі – механізми генетичного спадкування, мутації, схрещування та природний відбір. Однак досвід застосування ЕА та ГА до синтезу принципів схем навіть порівняно простих типів аналогових радіоелектронних пристроїв (активних фільтрів, операційних підсилювачів та ін.) показав, що автоматично синтезовані пристрої часто є більш складними, і менш зручними для практичної реалізації та володіють гіршими характеристиками, ніж спроектованими людиною. Основним недоліком багатьох існуючих алгоритмів синтезу аналогових радіоелектронних пристроїв на базі ЕА та ГА є відсутність контролю структури синтезованого об'єкту, що призводить до непрактичних рішень, які в свою чергу, є часто з надлишковим числом елементів.

Таким чином, при рішенні задач синтезу НВЧ радіоелектронних пристроїв на основі принципів штучного інтелекту та еволюційних обчислень головною проблемою є облік накопиченого досвіду у побудові конкретних типів пристроїв з метою обмеження пошукового простору областю раціональних рішень (схем), які можуть бути реально виготовлені з урахуванням технологічних обмежень та застосовані на практиці.

Для вирішення цієї проблеми перспективним представляється застосування морфологічного підходу (МП) [11], який складається з двох основних кроків морфологічний аналіз (МА) та морфологічний синтез. На першому кроці спеціаліст у предметній області, проводячи морфологічний аналіз деякого конкретного класу технічних пристроїв, виявляє основні варіанти застосування на практиці, їх загальні та відмінні особливості, а також використанні в них елементи. Всі знайдені варіанти класифікують та утворюють загальну модель даного класу пристроїв. На етапі морфологічного синтезу розробник використовуючи загальну модель обирає (генерує) один або декілька варіантів пристрою, у найбільшій степені той варіант, який відповідає поставленим вимогам. Тут є доцільним використання еволюційного алгоритму.

Слід відмітити, що при структурно-параметричному синтезі НВЧ транзисторних підсилювачів, особливо багатокаскадних, пошуковий простір для еволюційного алгоритму має високу розмірність, тобто велику кількість варіативних параметрів, які відповідають за структуру та значення елементів підсилювача. Тому важливим є представлення розробки способів синтезу НВЧ транзисторних підсилювачів, які дозволяють знизити розмірність цього простору – наприклад, послідовний синтез окремих підсилювальних каскадів (ПК). Одна з ідей для рішення такої задачі є використання при синтезі ідеальних трансформаторів імпедансу (ІТ), тобто реактивних чотириполюсних кіл, які описують одну з систем власних параметрів ( $Z$ ,  $Y$  або  $S$ ) та забезпечують на заданій частоті трансформацію одного комплексного опору в інший.

Автоматизація процедури синтезу малошумних НВЧ ТП є важливою задачею, рішення якої дозволяє спростити та прискорити процес проектування, покращити характеристики синтезованих пристроїв.

Морфологічний аналіз принципів схем підсилювачів, активних блоків (АБ), пасивних блоків (ПБ) та УКК дає можливість побудувати загальну модель – морфологічне І-АБО дерево досліджуваного класу НВЧ транзисторного підсилювача каскадного типу. Це дерево дозволяє обмежити пошуковий простір еволюційного алгоритму областю практично реалізованих раціональних структур, найчастіше всього, які використовуються при побудові таких підсилювачів. Для наочності на рисунку 1 представлений вид повного загального морфологічного І-АБО дерева двокаскадного НВЧ транзисторного підсилювача.

На рисунку 1 використовуються наступні позначення: у вигляді прямокутників показані складальні компоненти, а у вигляді еліпсів – кінцеві вузли (базові пасивні або активні елементи) з призначеними діапазонними варіюваннями. Суцільна лінія означає зв'язок типу «І» (вузол обов'язково увійде в

детермінований пристрій), пунктирна стрілка означає зв'язок типу «АБО» (увійде тільки один можливий варіант з набору альтернативних варіантів).

З морфологічного I-АБО дерева є очевидним, що при структурному синтезі двокаскадних підсилювачів існує потужна пошукова множина  $D_l$ , у просторі структур НВЧ транзисторних підсилювачів каскадного типу. Також слід відмітити, що при реалізації параметричного синтезу розмірність пошукового простору  $D_x$  параметрів пасивних елементів є ще значно більшою. Таким чином, при структурно-параметричному синтезі підсилювачів комбінаторний розмір змішаного простору  $D_k$  не дозволяє використовувати в якості пошукового алгоритму алгоритм перебору. У зв'язку зі сказаним вище є необхідність у розробці пошукового алгоритму, який повинен базуватися на принципах біологічної еволюції.

**Метою статті** є розробка еволюційного алгоритму для автоматизованого структурно-параметричного синтезу надвисокошвидкісних транзисторних підсилювачів.

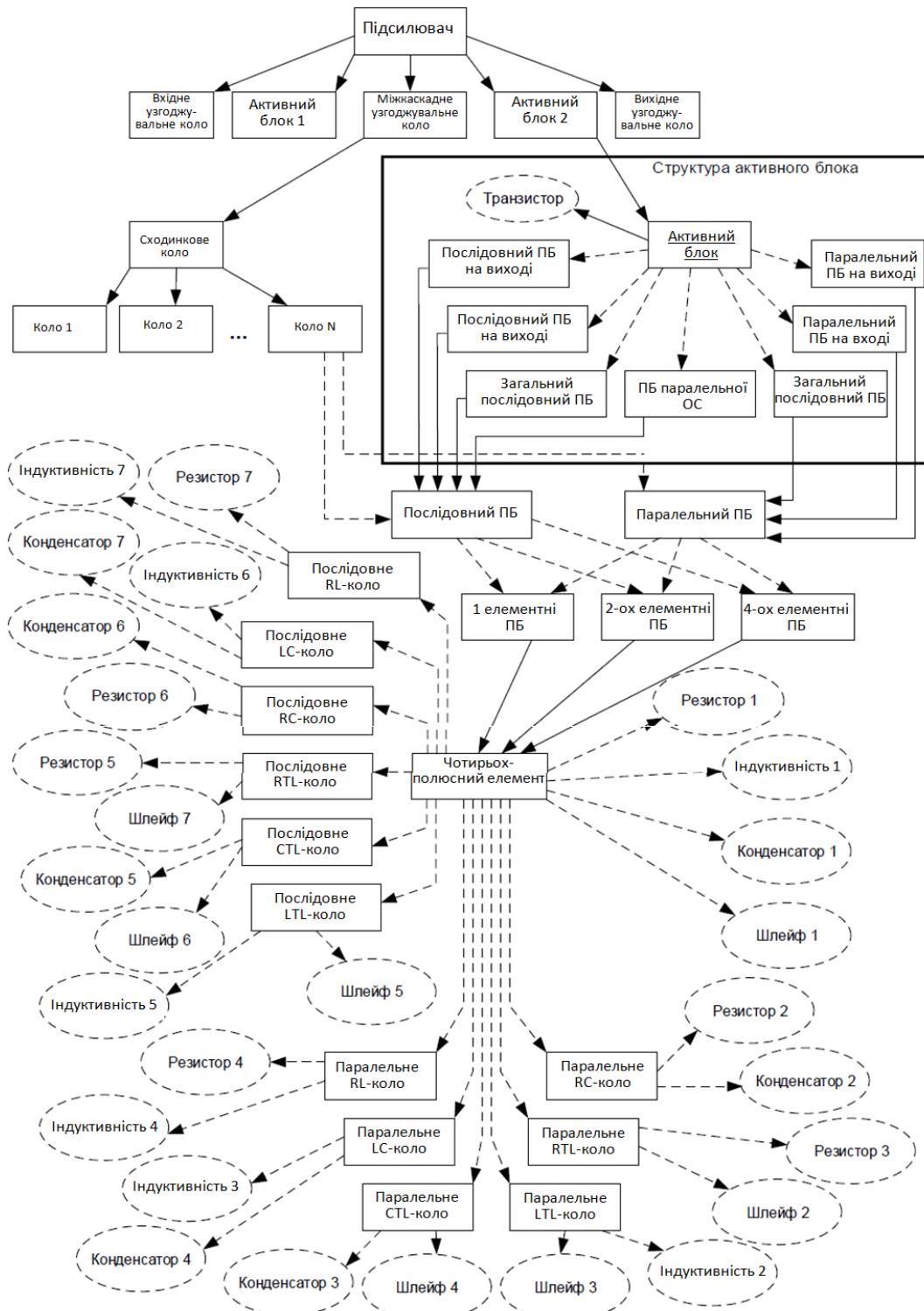


Рис. 1. Повне морфологічне I-АБО дерево двокаскадного НВЧ транзисторного підсилювача

**Виклад основного матеріалу дослідження.** Серед існуючих різновидів для структурного синтезу аналогової радіоелектронної апаратури найбільш часто використовують генетичний алгоритм та генетичне програмування. У даній статті обраний генетичний алгоритм по наступним причинам:

1. Пошуковий простір при структурно-параметричному синтезі може бути дискретним, тобто пошук може здійснюватися у дискретному просторі структур малошумних підсилювачів та значень параметрів пасивних елементів. Допустимість використання дискретних значень параметрів елементів обумовлена неможливістю отримання величин з високою точністю при практичному виготовленню пасивних компонентів. Однак число дискретних значень параметрів повинно бути настільки великим, щоб крок зміни визначеного параметру був меншим за похибку при виготовленні елементів. Здатність генетичного алгоритму працювати у дискретному просторі кодів, які відображають як структуру, так і значення елементів, полегшує реалізацію структурно-параметричного синтезу НВЧ транзисторних підсилювачів.

2. При використанні генетичного алгоритму на основі проведеного морфологічного аналізу простіше розробляти декодований алгоритм, який дозволяє отримати із хромосоми розв'язок в області раціональних структур з наперед закладеними конструктивними особливостями реалізації схеми (наприклад, використання у схемі кіл подачі живлення, розподільних конденсаторів та ін.). У випадку генетичного програмування необхідно вводити додаткові процедури перевірки відповідності отриманої схеми критеріям практичної реалізованості, що значно ускладнює та сповільнює автоматизований синтез.

3. Великою перевагою генетичного алгоритму є те, що він одночасно оперує із сукупністю рішень, тобто у результаті його роботи можливо після одного запису отримати відразу декілька принципівих схем малошумних підсилювачів.

*Введемо додаткові визначення.* Всі генетичні алгоритми працюють на основі початкової інформації, в якості якої виступає сукупність (популяція) альтернативних рішень. Кожний елемент популяції, як правило, представляє собою хромосому або особину. Хромосоми складаються із генів (елементів, частини закодованого рішення), позиції генів у хромосомі називають локусом для однієї позиції, тобто ген є елементом у хромосомі, локус – це позиція у хромосомі, алель є значенням гену. Генотип – це повна генетична модель особин, фенотип представляє собою зовнішні ознаки, які відповідають вектору параметрів.

Розробка генетичного алгоритму для синтезу НВЧ малошумних підсилювачів повинна включати у себе рішення наступних задач [12]:

1. Вибір типу генетичного алгоритму, який найбільш відповідає для рішення обраного класу задач – бінарного або дійсного.

2. Вибір типів та способів реалізації генетичних операторів для здійснення структурно-параметричного синтезу НВЧ малошумних підсилювачів.

3. Визначення кодування та декодування структури і параметрів елементів синтезованого пристрою. Кодована система визначається, виходячи із морфологічного І-АБО дерева НВЧ малошумних підсилювачів (рис. 1).

4. Випробування на реальних задачах та підбір параметрів генетичного алгоритму.

Зазвичай виділяють два типи генетичного алгоритму: бінарний та дійсний [13]. Для роботи генетичного алгоритму об'єкт пошуку, а саме зміни параметри об'єкта кодуються у вигляді хромосоми. У випадку принципової схеми НВЧ МШП у хромосому необхідно закодувати інформацію про структуру кіл, які використовуються, а також інформацію про параметри пасивних та активних елементів.

Бінарний генетичний алгоритм працює з представленням хромосоми у вигляді двійкового рядка, яка складається з 0 та 1, приклад наведений на рисунку 2.

11101101	00101001	00111100
----------	----------	----------

**Рис. 2. Представлення хромосоми у бінарному генетичному алгоритмі**

Кожен код бінарного рядка (генів хромосоми) може описувати, наприклад, структуру одного із блоків МШП або значення параметрів одного із елементів.

Звичайно, після генерації бінарного рядка необхідна підсистема, яка здійснює її декодування у вектор структурно-параметричного простору  $D_k$ .

Бінарний генетичний алгоритм володіє наступною перевагою: збіжність в обмеженому пошуковому просторі. Це є важливою перевагою за рахунок особливостей пошукового простору при структурно-параметричному синтезі НВЧ МШП. Згідно з проведеним морфологічним аналізом, є кінцева кількість типів пасивних елементів, а також способів їх включення у підсилювач, які можна кодувати кінцевим набором цілих чисел (наприклад від нуля до деякого максимального значення). Для величин параметрів всіх пасивних елементів також є нижні та верхні граничні значення. Можна зробити висновок, що простір пошуку при синтезі НВЧ транзисторних підсилювачів представляє собою гіперпаралелепіпед, і пошуковий алгоритм буде працювати в обмеженому просторі.

До недоліків бінарного генетичного алгоритму можна віднести наступне:

- обмеження точності використовуваних параметрів в залежності від розмірів бінарного слова, яке виділяється під їх представлення;

- відповідно у задачах, де є необхідним велика точність, використовується представлення параметрів у вигляді достатньо довгих бінарних слів, це зменшує швидкість декодування та роботи генетичного алгоритму у цілому. Однак, цей недолік не є визначальним при виборі бінарного генетичного алгоритму: за рахунок технологічних похибок виготовлення пасивних НВЧ елементів на практиці зазвичай

складно отримати точність значень їх параметрів вище третьої значущої цифри;

- сповільнення швидкості роботи за рахунок кодування/декодування хромосом у популяції на кожному кроці алгоритму;
- при збільшенні довжини хромосоми для більшого охоплення пошукового простору є необхідним збільшити численність популяції;

Дійсний генетичний алгоритм працює напряму з представленням хромосоми у вигляді набору ознак пошукового простору, тобто у випадку НВЧ транзисторних підсилювачів типи структур та з'єднань елементів напряму будуть представлені дискретними кодами (наприклад, каскадне з'єднання, паралельне з'єднання та ін.), а параметри будуть представлені дійсними значеннями параметрів елементів (рис. 3).

До переваг дійсного генетичного алгоритму можна віднести: пряме представлення пошукового простору виключає операцію кодування/декодування рішення, що прискорює роботу у порівнянні з бінарним генетичним алгоритмом; працює в необмежених просторах пошуку; використання дійсного представлення є простішим для розуміння задачі та її інтерпретації; точність використовуваних значень номіналів елементів є обмеженою тільки архітектурою ЕОМ.

$2,234 \times 10^2$	$4,31 \times 10^5$	$9,968 \times 10^{-3}$
---------------------	--------------------	------------------------

Рис. 3. Представлення хромосоми з дійсним генетичним алгоритмом

До недоліків генетичного алгоритму можна віднести: складність генетичних операторів при налаштуванні дійсного генетичного алгоритму на роботу в обмежених пошукових просторах; більш довгу збіжність дійсного генетичного алгоритму у порівнянні з бінарним.

На основі цього аналізу для рішення задачі структурно-параметричного синтезу НВЧ МШП обраний бінарний генетичний алгоритм, в основному через кращу збіжність в обмеженому пошуковому просторі.

Використання бінарного генетичного алгоритму для синтезу НВЧ МШП має на увазі конкретизацію загальної теорії генетичного алгоритму, яка застосовується до вирішуваної задачі. Тому необхідно визначити основні поняття генетичного алгоритму у термінах предметної області, у даному випадку, у термінах радіотехнічних понять.

Під *особиною* буде розумітися принципова схема каскадного НВЧ МШП із визначеною структурою та параметрами пасивних елементів, яка отримана за допомогою декодування хромосоми. Під *хромосомою* розуміється те ж, що для стандартного розуміння у бінарному генетичному алгоритмі, тобто бінарний рядок, який складається з нулів та одиниць та по визначених правилах кодує структуру та параметри НВЧ МШП. Під *поколінням* розуміється набір особин, які отримали після виконання всіх генетичних операторів на  $n$ -му кроці генетичного алгоритму,  $n \neq 1$ . При  $n=1$  під *поколінням* розуміється набір особин, які отримали після випадкової їх генерації на початку синтезу. Під *цільовою функцією* розуміється скалярна величина, яка дозволяє кількісно оцінити ступень відповідності даної особини вимогам, які пред'являються до характеристик та структури синтезованого НВЧ МШП.

Принцип роботи генетичного алгоритму представлено на рисунку 4.

Основними операторами генетичного алгоритму є: селекція, кросингвер, мутація. На сьогоднішній день розроблено велику кількість різних типів операторів. При організації програми автоматизованого структурно-параметричного синтезу НВЧ МШП для підвищення гнучкості та варіативності процедури синтезу будуть використані декілька варіантів генетичних операторів. Їх опис наведено нижче.

*Метод рулетки* – це самий простий та найбільш використовуваний у генетичному алгоритмі метод. При його використанні кожному елементу у популяції відповідає зона на колесі рулетки, яка пропорційно співрозмірна з величиною цільової функції. При повороті колеса рулетки кожний елемент має деяку ймовірність вибору, до того ж елемент з великими значеннями цільової функції має велику ймовірність для вибору.

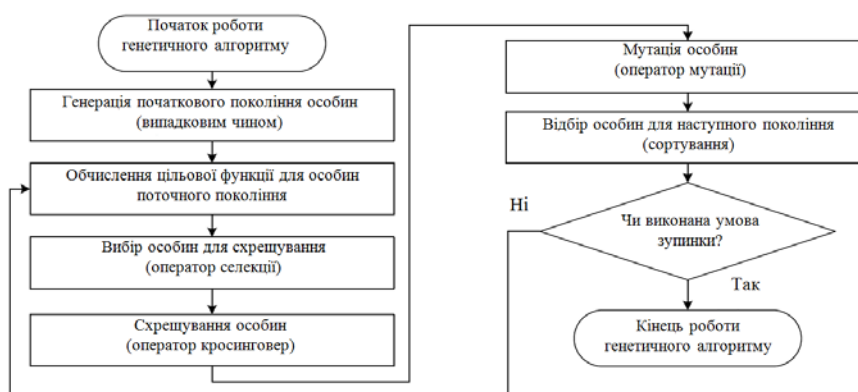


Рис. 4. Блок-схема роботи класичного генетичного алгоритму

*Турнірний відбір* реалізує  $n$  турнірів, щоб обрати  $n$  особин. Кожний турнір побудований на вибірці  $k$  елементів з популяції, і вибору найкращої особини серед них. Найбільш розповсюджений турнірний відбір з  $k=2$ .

*Панмікція* – це метод, при якому обидві особини, які складуть батьківську пару, випадковим чином обираються з усіх популяцій, причому будь-яка особина може стати членом декількох пар.

*Аутбридинг* – метод, при якому член пари обирається випадково, а другим з великою ймовірністю буде максимально далеко до нього особина.

#### Оператори схрещування:

При *одноточковому схрещуванні* (рис. 5) визначається розрізна точка. Ця точка визначає місце у двох хромосомах, де вони повинні бути «розрізаними». Далі відбувається обмін елементами до або після точки між двома батьками, і потім отримуємо два нащадки. При багатоточковому схрещуванні цих точок може бути декілька.

При *рівномірному схрещуванні* (рис. 6) кожний ген батьків унаслідуються першим нащадком із заданою ймовірністю. У протилежному випадку цей біт передається другому нащадку та навпаки.

При *універсальному схрещуванні* (рис. 7) визначається двійкова маска, довжина якої дорівнює довжині хромосоми. Отримання нащадків виконується на основі булевого додавання відповідних генів батьків та маски. Маска обирається випадково.

Батько 1	11	111111
Батько 2	00	000000
Нашадок 1	11	000000
Нашадок 2	00	111111

Рис. 5. Приклад одноточкового схрещування

Батько 1	11111111
Батько 2	00000000
Нашадок 1	10011010
Нашадок 2	01100101

Рис. 6. Приклад рівномірного схрещування

Батько	11111111
Маска	01101010
Нашадок	10010101

Рис. 7. Приклад універсального схрещування

*Мутація (mutation)* – стохастична зміна частини хромосом. У якості оператора мутації буде використаний самий розповсюджений механізм – у рядку, який підлягає мутації, кожен біт з визначеною ймовірністю (зазвичай дуже малою) змінюється на другий.

Таким чином, робота генетичного алгоритму для структурно-параметричного синтезу НВЧ МШП відбувається наступним чином. Спершу, випадковим чином генерується набір хромосом популяції, кожна з яких описує НВЧ МШП. Хромосома декодується у структуру і параметри елементів підсилювача. У МШП розраховуються значення контрольованих характеристик у заданому частотному діапазоні. У подальшому для кожної особини обчислюється цільова функція, після чого над популяцією виконується оператор селекції для вибору відповідних для схрещування хромосом. Потім відбувається обмін генетичним матеріалом за допомогою одного з операторів кросинговеру. Для зменшення ймовірності збіжності в області локального оптимуму виконується оператор мутації. Далі для всіх особин розраховується цільова функція (за допомогою декодування та розрахунку значень характеристик НВЧ МШП) та виконується сортування, у результаті якої залишається найбільш пристосована частина покоління, а решта особин замінюються випадково з генерованими. Такий механізм є необхідним для збільшення охоплення алгоритмом пошукового простору. Перераховані операції виконуються ітераційно до досягнення критерію зупинки алгоритму (надходження відповідного рішення, досягнення заданого часу або зупинки процесу синтезу користувачем).

Однією з особливостей розробленого генетичного алгоритму є одночасне використання декількох популяцій у процесі синтезу. Декілька популяцій прийнято називати *видом* [10]. Таким чином алгоритм, який представлено на рисунку 4, виконується не для однієї популяції, а для кожної популяції з виду. На заключному кроці ітерації популяції обмінюються найкращими особинами, при цьому найкраща особина з випадково обраної популяції замінює найгіршу в іншій випадково обраній популяції. В завершені серед популяцій виконується селекція особин з найбільшою цільовою функцією. Використання декількох популяцій дозволяє збільшити охоплення пошукового простору та зменшити ймовірність збіжності до локально-оптимального рішення [10].

Синтезований підсилювач на рівні генетичного алгоритму, являє собою хромосому (особину). Спосіб кодування хромосоми повинен дозволяти відобразити у вигляді двійкового коду всі можливі варіанти транзисторного підсилювача, які визначаються узагальненою структурою або побудованим І-АБО деревом (рис. 1).

Розглянемо побудову хромосоми, що відповідає обраній ієрархічній узагальненій структурній схемі пристрою (рис. 1), тобто кодування інформації про підсилювач, а також зворотній процес відновлення схеми підсилювача по двійковому коду – декодування. Під кодуванням розуміється перетворення існуючого дискретного ряду станів (наприклад, послідовне або паралельне ввімкнення; одна із шести конфігурацій ПБ на рис. 8 та рис. 9; значення пасивних елементів і т.п.) у бінарну строку достатнього розміру, щоб описати всі необхідні стани. Під декодуванням розуміється процес відновлення структури підсилювача по частинам двійкової хромосоми за допомогою перерахунку генів у задані на першому етапі дискретні стани структури пристрою. Окрім того, при декодуванні також відновлюються дійсні значення параметрів пасивних елементів. Вони обчислюються за заданими на етапі вибору моделей елементів для синтезу діапазоном варіації параметрів пасивних елементів за формулою:

$$X = \frac{X_k}{256} \cdot (X^+ - X^-) + X^- \quad (1)$$

де  $X_k$  – ціле значення, що отримане переведенням двійкового гену, який відповідає за значення

пасивного елемента, у десяткову систему числення,  $X^+$  – верхня межа значення пасивного елемента;  $X^-$  – нижня межа значення пасивного елемента.

Після встановлення вимог до структури пристрою однозначно визначається довжина хромосоми, яка не змінюється у процесі роботи генетичного алгоритму. У хромосомі послідовно кодується частина кола УКК<sub>1</sub>-АБ<sub>1</sub>-УКК<sub>2</sub>-...-УКК<sub>N</sub>-АБ<sub>N</sub>-УКК<sub>N+1</sub>, що описує всі рівні морфологічного І-АБО дерева НВЧ МШП (рис. 1). Інформація про структуру пристрою, що кодується, повинна зберігатись у обраній структурі даних. На рівні блоків НВЧ МШП у якості такої структури може бути обраний список використовуваних АБ і УКК у підсилювачі. При відсутності будь-якого із блоків УКК або АБ інформація про нього не буде збережена у списку блоків підсилювача і, як наслідок, такий елемент не буде враховуватись при декодуванні хромосоми у принципіальну схему МШП.

У блоці УКК послідовно кодуються вхідні у його складі касадно ввімкненні ПБ. ПБ, який використовуються, а також їх обрані налаштування повинні також зберігатись у списку, відповідно при декодуванні буде отримана повна відповідність між обраними на початковому етапі налаштуваннями ПБ у складі УКК і реальними колами, що отримані у результаті розбору хромосоми.

У блоці АБ послідовно кодуються ПБ у наступному порядку: ПБ послідовний на вході, виході; ПБ паралельний на вході, виході; ПБ паралельного ЗЗ; ПБ послідовного ЗЗ; загальний послідовний ПБ. Наявність або відсутність кожного з ПБ у АБ, а також налаштування кожного ПБ зберігаються у список, за допомогою якого при декодуванні хромосоми відновлюється структура та параметри елементів АБ МШП.

У кожному ПБ послідовно кодується його конфігурація (рис. 8, рис. 9), типи пасивних елементів, що використовуються, та значення елементів залежно від їх кількості. Слід зазначити, що чим більше буде виділено бітів на значення пасивних елементів, тим більш точне значення можливо отримати, але генетичний алгоритм в такому випадку буде працювати менш ефективно. Схематичний процес кодування НВЧ МШП у вигляді хромосоми показано на рис. 10.

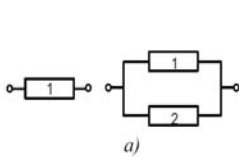


Рис. 8. Структурні схеми пасивних блоків, які входять в активний блок

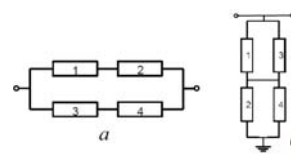
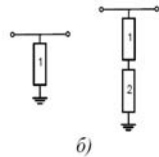


Рис. 9. Структурні схеми пасивних блоків, які дають можливість синтезу нових варіантів схем НВЧ ТП

Загальна довжина хромосоми  $L_{amp}$ , що описує НВЧ МШП, визначається за формулою:

$$L_{amp} = \sum_{i=1}^{N_{ab}} L_{ab_i} + \sum_{i=1}^{N_{mn}} L_{mn_i} , \tag{2}$$

де  $L_{amp}$  – розмір хромосоми підсилювача у бітах;  $L_{ab_i}$  – розмір гену  $i$ -го АБ у бітах;  $L_{mn_i}$  – розмір гену  $i$ -го УКК у бітах;  $N_{ab}$  – кількість АБ підсилювача;  $N_{mn}$  – кількість УКК підсилювача.

Розрахунок довжини ділянки хромосоми, що описує АБ, можна виконувати за формулою:

$$L_{ab} = \sum_{i=1}^{N_{pb}} L_{pb_i} , \tag{3}$$

де  $N_{pb}$  – кількість ПБ у АБ;  $L_{pb_i}$  – розмір гену  $i$ -го ПБ.

Розрахунок довжини ділянки хромосоми, що описує УКК, можна виконувати за формулою:

$$L_{mn} = \sum_{i=1}^{n_b} L_{b_i} , \tag{4}$$

де  $n_b$  – кількість ПБ у УКК;  $L_{b_i}$  – розмір гену  $i$ -го ПБ.

Довжину ділянки хромосоми, що описує ПБ, можна розрахувати за формулою:

$$L_{pb} = L_b = \sum_{i=1}^{N_{pe}} L_{pe_i} + L_{bt} + L_{ot} , \tag{5}$$

де  $N_{pe}$  – кількість пасивних елементів у ПБ;  $L_{pe}$  – кількість біт, яка необхідна для кодування пасивного елемента ( $C_{vp} \cdot 8$  біт + 3 біта + 1 біт);  $C_{vp}$  – кількість змінних параметрів пасивного елемента;  $L_{bt}$  – тип ПБ – послідовний або паралельний (1 біт);  $L_{ot}$  – конфігурація чотириполюсника в ПБ (1 біт \*3).

Для можливості варіювання моделей одного і того ж пасивного елемента в хромосомі виділяється 2 біти ( $L_i$ ), які визначають індекс використовуваної моделі пасивного елемента. Для можливості варіювання декількох параметрів моделі довжина хромосоми, яка використовується під кодування пасивного елемента, є не фіксована, а змінюється в залежності від максимальної кількості варійованих параметрів серед всіх

моделей, що використовуються в процесі синтезу ( $C_{vp}$ ). При цьому загальна довжина хромосоми, яка обчислюється на початку синтезу, розраховується щоб охопити найбільшу кількість можливих варійованих параметрів. В процесі роботи генетичного алгоритму, при отриманні не максимальної кількості варійованих параметрів деякі ділянки хромосоми не використовуються, залишаючи довжину хромосоми незмінною. Довжина хромосоми для кодування пасивного елемента розраховується за формулою:

$$L_{pe} = L_{et} + L_i + \sum_{i=1}^{C_{vp}} L_{ev_i} + L_{ne}, \quad (6)$$

де  $L_{et}$  – кількість біт, що визначають тип елемента (3 біта);  $L_i$  – кількість біт, що визначають індекс використовуваної моделі пасивного елемента (2 біта);  $L_{ev_i}$  – кількість біт, що відповідають за значення параметру моделі (8 біт);  $L_{ne}$  – біт, який визначає чи належить наступний елемент поточному чотириполюснику (1 біт).

Таким чином, на кожен пасивний елемент виділяється  $C_{vp}$  біт незалежно від кількості реально використовуваних в моделі параметрів. При моделюванні використовується тільки необхідна кількість параметрів, а інші ігноруються.

Довжини і можливі значення двійкових кодів, що описують різні компоненти підсилювача, наведені в табл. 1.

Декодування ділянки двійкового коду, що описує певний компонент підсилювача, здійснюється за формулою:

$$X = X_{chv} \% X_{max}, \quad (7)$$

де  $X$  – значення (десятькове), що означає порядковий номер типу компонента;  $X_{chv}$  – десяткове число, що відповідає двійковому коду;  $X_{max}$  – максимальне значення (десятькове) можливих типів компонента;  $\%$  – операція знаходження залишку від ділення.

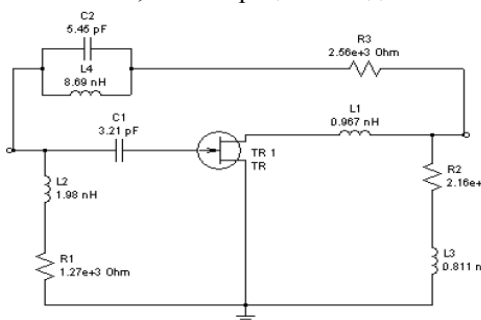


Рис. 11. Підсилювальний каскад

можливо п'ять типів пасивних елементів, теж двійкове значення коду буде переведено в інший діапазон (0=4). Ця ситуація ілюструється в таблиці 2.

Приклад декодування АБ (рис. 11) наведений у таблиці 3

**Висновки.** Реалізована процедура автоматизованого структурно-параметричного синтезу каскадних НВЧ малопотужних підсилювачів по комплексу вимог до характеристик із використанням ідеалізованих моделей пасивних елементів на основі генетичного алгоритму. Представлені результати показують, що еволюційний алгоритм для автоматизованого структурно-параметричного синтезу НВЧ транзисторних підсилювачів дозволяє значно спростити процес проектування НВЧ малопотужних підсилювачів, залишаючи розробнику фактично тільки функції завдання вимог до структури та характеристик синтезованого пристрою. До переваг еволюційного алгоритму для автоматизованого структурно-параметричного синтезу НВЧ транзисторних підсилювачів можна віднести: можливість контролю структури кола та номіналів елементів, що дозволяє отримувати практично реалізовані схеми підсилювачів; використання генетичного алгоритму дозволяє отримувати множину рішень, залишаючи таким чином, кінцевий вибір розробнику; процес

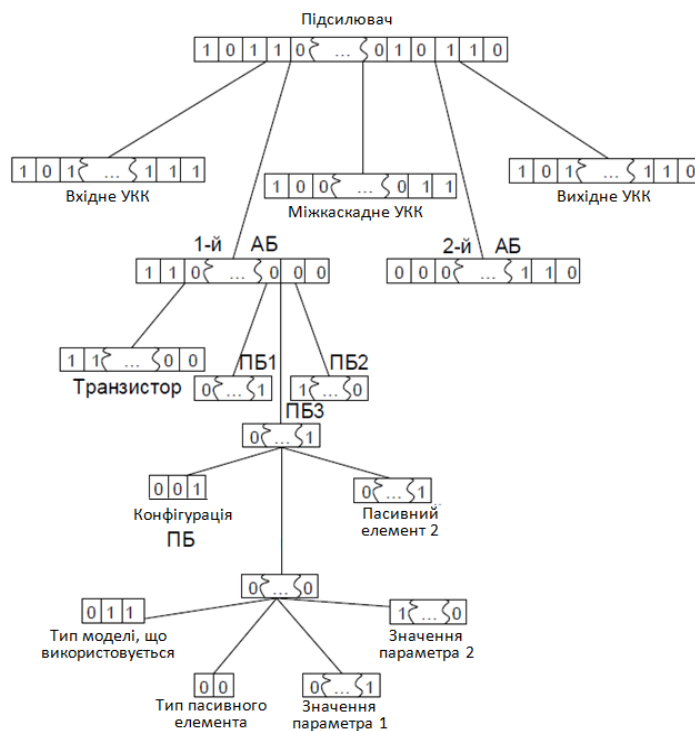


Рис. 10. Схематичний процес кодування НВЧ МШП у вигляді хромосоми

проекування займає набагато менше часу у порівнянні з існуючими підходами.

Таблиця 1

**Кодування інформації про підсилювач**

Тип коду		Довжина коду (біт)	Значення коду
1. Код ПБ	1.1 Код типу ПБ (не використовується при кодуванні ПБ із АБ)	$L_{bt} = 1$	0 – паралельна; 1 – послідовна.
	1.2 Коды конфігурацій чотириполосників у ПБ (рис. 8 та рис. 9)	$L_{ot} = 3$	0 – одиночна паралельна; 1 – одиночна послідовна; 2 – подвійна паралельна; 3 – подвійна послідовна; 4 – із чотирьох блоків паралельна; 5 – із чотирьох блоків послідовна.
2. Код пасивного елемента	2.1 Код типу пасивного елемента	$L_{et} = 3$	В залежності від обраної елементної бази
	2.2 Індекс використовуваної моделі пасивного елемента	$L_i = 2$	В залежності від обраної елементної бази
	2.3 Код значення пасивного елемента	$C_{vp} \cdot L_{ev} = C_{vp} \cdot 8$	$(0 \div 256) \cdot C_{vp}$
	2.4 Код зв'язку пасивного елемента	$L_{ne} = 1$	0 – наступний елемент у хромосомі не належить поточному чотириполоснику; 1 – належить.

Таблиця 2

**Приклади декодування ділянки коду, який описує тип елемента**

Код	Десяткове значення коду	Тип елемента при використанні тільки зосереджених елементів ( $X_{max} = 2$ )	Тип елемента при використанні зосереджених і розподілених елементів ( $X_{max} = 4$ )
011	3	3%2=1 – індуктивність	3%4=3 – закорочений шлейф
110	6	6%2=0 – конденсатор	6%4=2 – резистор

Таблиця 3

**Декодована хромосома підсилювального каскаду**

	Тип ПБ	Ген, що відповідає за певну характеристику	Характеристика	Значення характеристики
1	2	3	4	5
Підсилювач	Вхідний послідовний ПБ	1	$L_{bt}$	Послідовний тип кола
		001	$L_{ot}$	Конфігурація чотирьохполосника у колі
		000	$L_{et}$	0 – ємність
		00	$L_i$	0 – модель ідеалізованої ємності
		0101001000	$C_{pv}$	3,21 пФ
		0	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі не належить поточному чотириполоснику
	Вихідний послідовний ПБ	1	$L_{bt}$	Послідовний тип кола
		0011	$L_{ot}$	Конфігурація чотирьохполосника у колі
		001	$L_{et}$	1 – індуктивність
		11	$L_i$	3 – модель ідеалізованої індуктивності
		0001100010	$C_{pv}$	0,976 нГн
		0	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі не належить поточному чотириполоснику
	Вхідний паралельний ПБ	0	$L_{bt}$	Паралельний тип кола
		0011	$L_{ot}$	Конфігурація чотирьохполосника у колі
		001	$L_{et}$	1 – індуктивність
		11	$L_i$	3 – модель ідеалізованої індуктивності
		0011001010	$C_{pv}$	1,98 нГн
		1	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі належить поточному чотириполоснику
		011	$L_{et}$	3 – опір
		01	$L_i$	2 – модель ідеалізованого опору
	0110110010	$C_{pv}$	1271 Ом	
	0	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі не належить поточному чотириполоснику	

1	2	3	4	5
Підсилювач	Вихідний паралельний ПБ	0	$L_{bt}$	Паралельний тип кола
		0001	$L_{ot}$	Конфігурація чотирьохполюсника у колі
		011	$L_{et}$	3 – опір
		10	$L_i$	2 – модель ідеалізованого опору
		1011100010	$C_{pv}$	2162 Ом
		1	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі належить поточному чотирьохполюснику
		100	$L_{et}$	4 – індуктивність
		00	$L_i$	0 – модель ідеалізованої індуктивності
		0001010010	$C_{pv}$	0,118 нГн
		0	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі не належить поточному чотирьохполюснику
	ПБ паралельного 33	0	$L_{bt}$	Паралельний тип кола
		1010	$L_{ot}$	Конфігурація чотирьохполюсника у колі
		000	$L_{et}$	0 – ємність
		11	$L_i$	3 – модель ідеалізованої ємності
		1000101101	$C_{pv}$	5,45 пФ
		1	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі належить поточному чотирьохполюснику
		010	$L_{et}$	3 – індуктивність
		11	$L_i$	3 – модель ідеалізованої індуктивності
		1101111001	$C_{pv}$	8,69 нГн
		1	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі не належить поточному чотирьохполюснику
		100	$L_{et}$	4 – опір
		101	$L_i$	5 – модель ідеалізованого опору
		1101101000	$C_{pv}$	2564 Ом
0	$L_{ne}$	Наступний елемент в хромосомі не належить поточному чотирьохполюснику		

## Література

1. Abrie P.L.D. MultiMatch design philosophy / Abrie P.L.D. // Ampsa (PTY ) Ltd. – 2000. – p. 14.
2. Multimatch – RF and microwave impedance-matching amplifier and oscillator synthesis software // West: AMPSA Ltd. URL: <http://www.ampsa.com>
3. Linc2 – Computer aided engineering solutions for RF and microwave design. URL: <http://appliedmicrowave.com>.
4. Potter A. HP RF compiler automates schematic capture and extends capabilities of circuit synthesis / Potter A. // Microwave & Wireless Magazine. – 1999. – № 6. – p. 109–117.
5. Бабак Л.И. Теория, методы и алгоритмы автоматизированного синтеза СВЧ транзисторных усилителей на основе декомпозиционного подхода : диссертация на соискание ученой степени доктора технических наук / Бабак Л.И. – Томск : ТУСУР, 2012. – 360 с.
6. Genesys 7. Technical overview // Eagleware Corp. URL: <http://www.eagleware.com>
7. Програма Smith Chart // Berne University of Applied Sciences. URL: <http://www.hti.bfh.ch>
8. Filter Solutions. URL: <http://www.nuhertz.com/software/zmatch>. – (Дата обращения: 19.10.2015).
9. Zebulum R.S. Evolutionary electronics: automatic design of electronic circuits and systems by genetic algorithms / R.S. Zebulum, M.A. Pacheco, M.M.V. Vellasco // 22nd ed. CRC press, 2001.
10. Курейчик В.М. Генетические алгоритмы / Курейчик В.М. – Таганрог : Изд-во ТРТУ, 1998.
11. Zwicky F. Morphological astronomy / F. Zwicky // Springer Science & Business Media, 2012.
12. Алгоритмы, методы, исходники [Электронный ресурс] // АИ, ГА, Нейронные сети. – Режим доступа : <http://algotlist.ru>
13. Емельянов В.В. Теория и практика эволюционного моделирования / Емельянов В.В., Курейчик В.М., Курейчик В.В. – М. : ФИЗМАТЛИТ, 2003. – 432 с.

Рецензія/Peer review : 24.11.2016 р. Надрукована/Printed : 15.12.2016 р.

Рецензент: д.т.н., професор В.В. Мартинюк