

Identificação Não-Supervisionada de Canais de Comunicação Baseada em Sistemas Imunológicos Artificiais

Ricardo Suyama¹, Maurício Sol de Castro¹, Romis Ribeiro de Faissol Attux¹, Leandro Nunes de Castro²,
Fernando José Von Zuben², João Marcos Travassos Romano¹

Resumo—Neste trabalho, propõe-se a utilização de uma estratégia não-supervisionada de identificação de canais de comunicação baseada na aplicação de um algoritmo inspirado em modelos de redes imunológicas artificiais. Tal estratégia busca otimizar um critério baseado no cálculo de grandezas relacionadas a estatísticas de ordem superior do sinal recebido - cumulantes. Os resultados obtidos sugerem a superioridade da técnica de busca proposta em relação a um procedimento baseado em algoritmos genéticos.

Palavras-Chave— Identificação cega, Algoritmos Evolutivos, Algoritmo Clonal, Cumulant Matching.

Abstract— In this work, a blind channel identification strategy based on an algorithm inspired by artificial immunological networks is proposed. Such strategy seeks the optimization of a criterion based on quantities related to higher order statistics of the received signal - cumulants. The obtained results suggest a better performance of the proposed search technique when compared to a procedure based on genetic algorithms.

Keywords— Blind Identification, Evolutionary Algorithms, Clonal Algorithm, Cumulant Matching

I. INTRODUÇÃO

Um dos problemas centrais na área de processamento de sinais é a obtenção de parâmetros de um canal de comunicação desconhecido. Tal problema, dito de *identificação*, tem grande interesse prático. Uma razão para esse interesse é a possibilidade de se identificar os parâmetros relevantes de um certo modelo de canal, o que é fundamental para que sua caracterização seja adequada do ponto de vista técnico. Acesso a um bom modelo é também parte integrante de alguns esquemas de equalização, e mesmo do sólido método de máxima verossimilhança, paradigma ótimo para recuperação de seqüências digitais.

Quando é possível dispor de amostras do sinal transmitido, o método principal para se estimar os parâmetros de um modelo pré-determinado é conhecido: ele se baseia geralmente no critério de Wiener, e nos algoritmos de adaptação supervisionados decorrentes.

Entretanto, nem sempre é possível ter acesso a tal informação. Quando isso ocorre, torna-se necessário buscar

métodos alternativos que provejam estimativas precisas sem a necessidade de um sinal piloto. Um caminho é ter por base a informação contida em *estatísticas de ordem superior* (EOS) do sinal recebido. De particular interesse para o presente trabalho são os *cumulantes*, uma possível construção matemática no contexto de EOS. É possível demonstrar [1], [2] que a informação contida em tais grandezas é suficiente para propiciar a estimação dos parâmetros do canal, desde que sejam conhecidas as estatísticas do sinal transmitido.

Uma abordagem típica é realizar uma comparação entre os cumulantes do sinal recebido com os cumulantes obtidos a partir do modelo escolhido. Tal *modus operandi* caracteriza o método de *cumulant matching*, técnica cujo potencial tem sido confirmado pela literatura [2], [3]. Este método se baseia, em essência, numa função custo que expressa justamente o grau de semelhança entre os cumulantes. Essa função tem um caráter multimodal, ou seja, possui múltiplos mínimos, cada qual, via de regra, com desempenho distinto.

A multiplicidade de soluções sugere a aplicação de *algoritmos genéticos* (AGs) na busca da configuração que propicia o melhor ajuste possível dos cumulantes [3]. AGs são técnicas evolutivas com potencial de busca global, amplamente utilizadas em diversos contextos. Entretanto, AGs possuem algumas limitações como, por exemplo, a freqüente perda de diversidade experimentada pela população durante o processo evolutivo, a qual leva comumente a uma sensível redução no potencial de busca do método. Tais problemas levaram à utilização de uma outra ferramenta, baseada em modelos do sistema imunológico dos mamíferos: uma rede imunológica artificial (aiNet) [4], [5].

Este trabalho propõe o emprego de uma nova proposta para identificação de canais por *cumulant matching*, baseada no paradigma imunológico, e compara seu desempenho com uma formulação baseada em algoritmos genéticos, única técnica evolutiva que vem sendo empregada até o momento. Diversos resultados de simulações serão apresentados e comentados com o objetivo de verificar a potencialidade da técnica proposta na solução do problema.

O trabalho está organizado da seguinte forma. Na seção II, o problema da identificação e equalização não-supervisionadas de canais de comunicação será abordado, com destaque para o método de ajuste de cumulantes considerado. A seção III apresenta em linhas gerais o algoritmo genético e a versão da rede imunológica artificial - algoritmo clonal, como ferramentas de otimização. A seção IV trata da proposta de

Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação - FEEC - Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP - ¹ Laboratório de Proc. de Sinais para Comunicações (DSPCom), Departamento de Comunicações (DECOM); ² Departamento de Engenharia de Computação e Automação Industrial (DCA); E-mails: ¹{rsuyama,sol,romisri,romano}@decom.fee.unicamp.br, ²{lnunes,vonzuben}@dca.fee.unicamp.br. Os autores agradecem à FAPESP e ao CNPq o apoio recebido. Leandro N. de Castro agradece ao CNPq (Profix. n. 540396/01-0) pelo apoio financeiro.

utilização do algoritmo clonal para a otimização do critério empregado. Na seção V, são discutidos os resultados obtidos com a comparação entre a estratégia proposta e a estratégia baseada em algoritmos genéticos padrão. Na seção VI, são apresentadas as considerações finais e perspectivas de trabalhos futuros.

II. IDENTIFICAÇÃO E EQUALIZAÇÃO

NÃO-SUPERVISIONADAS DE CANAIS DE COMUNICAÇÃO

Neste trabalho, foi considerado o modelo de banda base para o sinal recebido, o qual é uniformemente amostrado à taxa de símbolo $1/T$:

$$u(k) = \sum_{i=0}^N h(i)x(k-i) + v(k) \quad (1)$$

onde $\{x(\cdot)\}$ é a seqüência de símbolos transmitidos, $\{h(\cdot)\}$ representa a resposta ao impulso do canal, que compreende as respostas dos filtros de transmissão e recepção e o canal de transmissão, e $\{v(\cdot)\}$ representa o ruído aditivo branco gaussiano de média zero. O canal é modelado como um filtro de resposta ao impulso finita - FIR, de ordem N . Os coeficientes do canal formam o vetor $\mathbf{h} = [h(0) \ h(1) \ \dots \ h(N)]^T$. Admite-se que todas as quantidades envolvidas são números reais, sendo direta a extensão para o caso complexo.

A função de transferência do canal é dada, portanto, por:

$$H(z) = \sum_{i=0}^N h(i)z^{-i} \quad (2)$$

A identificação do canal consiste na obtenção da estimativa dos coeficientes $h(i)$ capazes de representar adequadamente os efeitos do canal, de acordo com o modelo descrito em (1).

O problema de identificação não-supervisionada consiste em obter a estimativa dos coeficientes do canal apenas com base no sinal recebido $u(k)$ e em uma descrição estatística do sinal transmitido $x(k)$. Para atingir tal fim, utilizaremos um método baseado em *cumulant matching*, que será descrito a seguir.

A expressão do cumulante de quarta ordem do sinal recebido $u(k)$ é dada por:

$$\begin{aligned} C_{4,u}(\tau_1, \tau_2, \tau_3) = & E\{u(k) \cdot u(k + \tau_1) \cdot u(k + \tau_2) \cdot u(k + \tau_3)\} \\ & - C_{2,u}(\tau_1) \cdot C_{2,u}(\tau_2 - \tau_3) \\ & - C_{2,u}(\tau_2) \cdot C_{2,u}(\tau_3 - \tau_1) \\ & - C_{2,u}(\tau_3) \cdot C_{2,u}(\tau_1 - \tau_2) \end{aligned} \quad (3)$$

onde $C_{2,u}(\tau) = E\{u(k) \cdot u(k + \tau)\}$ é a função de autocorrelação de $u(k)$. É sabido que a seguinte expressão permite relacionar o cumulante de quarta ordem com os coeficientes do canal [1]:

$$C_{4,x}(\tau_1, \tau_2, \tau_3) = \gamma_{4,s} \cdot \sum_{i=L}^U h_i \cdot h_{i+\tau_1} \cdot h_{i+\tau_2} \cdot h_{i+\tau_3} \quad (4)$$

Em (4), tem-se que $L = \max\{0, -\tau_1, -\tau_2, -\tau_3\}$, $U = \min\{N, N - \tau_1, N - \tau_2, N - \tau_3\}$, $\gamma_{4,x}$ é a *curtose* do sinal transmitido $x(k)$, calculada como $\gamma_{4,x} = C_{4,x}(0, 0, 0)$, e N é a ordem do canal.

Em [1], [2], são apresentados métodos para a obtenção de estimativas dos coeficientes de canal, baseados em cumulantes de quarta ordem de $u(k)$. Neste trabalho, será considerada a seguinte função de custo, apresentada em [2]:

$$J(\mathbf{h}) = \sum_{\tau=-N}^N [C_{4,dados}(\tau, \tau, \tau) - C_{4,coeficientes}(\tau, \tau, \tau)]^2 \quad (5)$$

Em (5), temos que $C_{4,dados}$ é a estimativa do cumulante de quarta ordem obtida a partir de um conjunto de amostras do sinal recebido $u(k)$, tal como em (3), enquanto $C_{4,coeficientes}$ é a estimativa do cumulante calculada a partir do valor obtido para os coeficientes do canal, tal como descrito em (4). Uma vez obtida uma boa estimativa do cumulante de quarta ordem a partir dos símbolos recebidos - $C_{4,dados}$, deve-se partir para a obtenção de uma boa estimativa do vetor \mathbf{h} capaz de ajustar $C_{4,coeficientes}$ (4) de forma a minimizar a Eq. (5). Cabe notar que, em (5), apenas são consideradas as estimativas nas quais os três valores de atraso temporal são iguais: $\tau_1 = \tau_2 = \tau_3 = \tau$. De acordo com [2], isso é suficiente para se obter a estimativa do vetor \mathbf{h} .

No caso mais comum, em que se desconhece a ordem do canal N , faz-se uma superestimativa de N em (5), de forma que alguns dos coeficientes do vetor \mathbf{h} estimado sejam nulos.

A função a ser otimizada (5) é multimodal. Desta forma, estratégias de otimização baseadas em gradiente podem conduzir a mínimos locais. Sendo assim, torna-se necessário o uso de algoritmos não-supervisionados capazes de escapar de mínimos locais. Mesmo apresentando um grande potencial para busca exploratória, os algoritmos genéticos em sua forma original [6] apresentam dificuldades para encontrar múltiplos ótimos de uma dada função simultaneamente. Quando este é o objetivo - busca multimodal - técnicas baseadas em sistemas imunológicos tem sido muito bem sucedidas [7].

III. ALGORITMO EVOLUTIVOS: ALGORITMO GENÉTICO E REDE IMUNOLÓGICA ARTIFICIAL

Um *algoritmo evolutivo* pode ser definido como um procedimento iterativo de busca (otimização) inspirado nos mecanismos evolutivos biológicos [8], [9]. Existem diversos tipos de algoritmos evolutivos, dentre os quais, os principais são *algoritmos genéticos*, *estratégias evolutivas*, *sistemas classificadores*, *programação evolutiva*, e *programação genética*.

Os algoritmos Genéticos (AGs) constituem o algoritmo evolutivo mais tradicional e mais amplamente utilizado. Eles operam sobre um conjunto de soluções candidatas (geralmente codificadas através de cadeias binárias) ao problema considerado. O conjunto inicial de soluções é gerado aleatoriamente, e cada solução, denominada *indivíduo*, é devidamente codificada em uma estrutura de dados denominada cromossomo. O conjunto de indivíduos é chamado *população*.

A cada iteração do algoritmo, denominada de *geração*, os indivíduos podem sofrer dois tipos de variação: *crossover* e *mutação*. Na *recombinação* ou *crossover*, as informações dos cromossomos de dois ou mais indivíduos são combinadas para formar um ou mais novos indivíduos. Durante a *mutação*, o conteúdo dos cromossomos é alterado segundo regras probabilísticas. Os indivíduos são então *avaliados* de acordo com

uma medida de *adaptação* - função de adaptação ou *fitness* - e são então submetidos a um procedimento de seleção, responsável por garantir que indivíduos mais bem adaptados (de melhor qualidade), tenham maiores probabilidades de permanecerem na população e se reproduzirem.

Os AGs podem ser vistos como um método de otimização estocástica que utiliza informação de ordem zero sobre o problema, ou seja, existe apenas uma função de avaliação (*fitness*) capaz de indicar a qualidade relativa dos indivíduos da população. Nenhuma informação de gradiente, por exemplo, é levada em consideração. Os AGs são capazes de efetuar busca exploratória em uma função de adaptação genérica. Entretanto, a maior parte dos algoritmos evolutivos, em particular os algoritmos genéticos, são empregados para a determinação de uma única solução para um dado problema. Problemas em que se deseja a determinação de mais de uma solução ótima requerem modificações nos algoritmos evolutivos padrões e, mesmo assim, geralmente apresentam dificuldades de sintonia de parâmetros.

Como o problema de identificação do canal a ser tratado aqui é do tipo multimodal, tornou-se necessário o emprego de ferramentas de busca capazes de localizar e manter múltiplos ótimos. Uma das abordagens mais recentes que tem produzido resultados animadores são as redes imunológicas artificiais.

A. A Rede Imunológica Artificial: aiNet

O sistema imunológico possui diversas funções como defender o organismo contra agentes invasores, tais como vírus e bactérias, e eliminar resíduos e células defeituosas do próprio organismo [7].

O interesse por modelos computacionais do sistema imunológico vem tanto da necessidade de obtenção de plataformas de testes para teorias sobre o sistema imunológico como da perspectiva de desenvolvimento de ferramentas computacionais para a resolução de problemas. Essa última abordagem é de particular interesse para a aplicação desejada - identificação não-supervisionada de canais de comunicação.

Neste trabalho, foi utilizada uma ferramenta inspirada em sistemas imunológicos, denominada aiNet, proposta em [5]. Para que o funcionamento desse algoritmo seja colocado em suas linhas mais gerais, é preciso antes fazer uma breve explanação sobre duas teorias do sistema imunológico: a *teoria da seleção clonal* e a *teoria da rede imunológica*.

De acordo com o princípio da seleção clonal [10], o sistema imunológico reage da seguinte forma contra os agentes causadores de doenças (patógenos): as células do sistema, quando se deparam com um patógeno, começam a se replicar de acordo com a qualidade do reconhecimento do mesmo, ou seja, quanto melhor a célula reconhece o patógeno, maior é o número de cópias (clones) suas que serão geradas. Durante esse processo de replicação, as células descendentes sofrem mutações inversamente proporcionais à qualidade de reconhecimento do patógeno, ou seja, quanto pior o reconhecimento, maior a taxa de mutação e vice-versa. Isto sugere o seguinte: se uma célula não é capaz de reconhecer adequadamente um determinado patógeno, o aumento da taxa de mutação pode fazer com que uma célula descendente tenha mais chance de se combinar ao patógeno.

De acordo com a teoria da rede imunológica [11] o sistema imunológico é capaz de reconhecer patógenos e também outras células e moléculas do próprio sistema. Essa proposta é radical pois ela sugere que o sistema imunológico apresenta um comportamento dinâmico mesmo na ausência de estímulos externos. Dentre os diversos modelos da teoria da rede, este trabalho se concentra no algoritmo proposto em [5], denominado aiNet, a ser descrito a seguir. Cabe destacar, entretanto, que uma característica importante da aiNet é sua capacidade de realizar busca multimodal com um bom compromisso entre busca local e exploração do espaço de busca.

IV. ESTRATÉGIA PROPOSTA: ALGORITMO aiNET PARA O AJUSTE DE CUMULANTES

A estratégia proposta neste trabalho consiste no emprego do algoritmo aiNET para a busca do vetor de coeficientes \mathbf{h} . A função de custo (5) foi adaptada para transformar o problema de minimização em um problema de maximização:

$$J_A(\mathbf{h}) = \frac{1}{1 + J(\mathbf{h})} \quad (6)$$

Desse modo, (6) pode fazer papel tanto de função de ajuste para o AG clássico como de função de afinidade para a aiNet. Para ilustrar a característica de multimodalidade da função de custo, a superfície J_A e suas curvas de nível estão representadas na Fig. 1 para um canal de dois coeficientes $\mathbf{h} = [h(0) \quad h(1)]^T = [1 \quad -0,3]^T$.

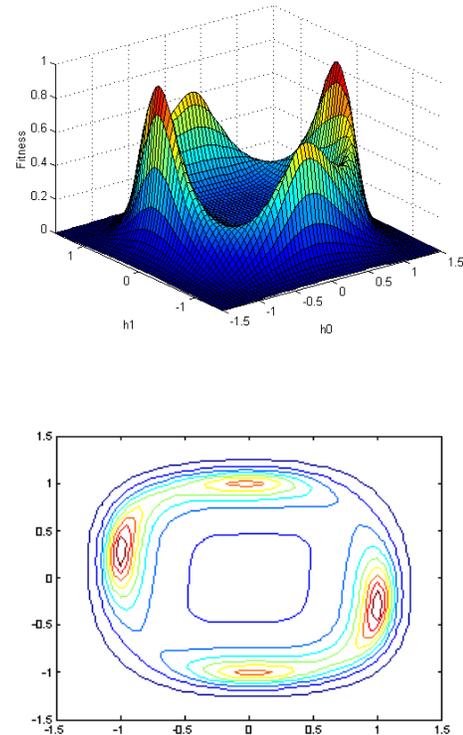


Fig. 1. Superfície e curvas de nível da função custo $J_A(\mathbf{h})$

Ao observar a Fig. 1, nota-se que a função de custo tem dois pontos de máximo global e dois máximos locais. Os dois

pontos de máximo local são as soluções $\mathbf{h} = [1 \ -0,3]^T$ e $\mathbf{h} = [-1 \ 0,3]^T$, exemplos da típica ambiguidade de uma função de custo baseada em EOS. A mesma simetria pode ser verificada para os mínimos locais.

A tabela I descreve de maneira sucinta o algoritmo de adaptação da aiNet. Os passos 2.1 a 2.5 correspondem a um processo de busca local baseado no princípio da seleção clonal. Todos os clones sofrem mutação, embora com parâmetros dependentes de seu próprio *fitness*. Os passos 2.6 a 2.8 incluem os procedimentos responsáveis pela manutenção e pela introdução de diversidade, relacionados à teoria da rede imunológica. Particularmente, os passos 2.7 e 2.8 contribuem para o processo de busca global, regulando a disposição dos indivíduos e eliminando redundância, apontada pela medida de distância euclidiana entre os indivíduos da população.

TABELA I
ALGORITMO aiNET

1. Inicialização: A população inicial é gerada aleatoriamente.
2. Até que o critério de parada escolhido seja obedecido, faça:
 - 2.1. Cálculo do *fitness*: determine, para cada indivíduo, o *fitness*, que é uma medida direta do custo associado à solução.
 - 2.2. Replicação: produza um número N_c de cópias (clones) de cada indivíduo da população.
 - 2.3. Mutação: imponha um processo de mutação a $N_c - 1$ das cópias produzidas. A mutação segue a seguinte regra:

$$c' = c + \alpha N(0, 1) \quad (7)$$

$$\alpha = (1/\beta) \exp(-f^*) \quad (8)$$

$N(0, 1)$ é a variável normal padrão, α é um parâmetro livre que controla o nível da mutação, c é um clone genérico, c' é o indivíduo após a mutação e f^* é o *fitness*, normalizado para permanecer em um intervalo $[0, 1]$.

- 2.4. Cálculo do *fitness*: Calcule o *fitness* de todos os clones de todos os indivíduos.
 - 2.5. Seleção: Selecione o melhor indivíduo de cada grupo formado pelo indivíduo original e seus $N_c - 1$ clones modificados pelas mutações.
 - 2.6. Convergência Local: Se o *fitness* médio da população não variar significativamente, retorne ao passo 2.1. Caso contrário, continue.
 - 2.7. Interações na Rede: Determine a afinidade (grau de similaridade) entre todos os pares de indivíduos da população, através de uma medida de distância euclidiana. Suprima todos os indivíduos exceto aqueles que, dentro de um certo par com afinidade menor que um valor σ_s , tenham maior *fitness*. Determine ainda o número de indivíduos da rede, denominados células de memória, que permanecerão.
 - 2.8. Introdução de Diversidade: Introduza um certo número de indivíduos gerados aleatoriamente.
3. Fim do laço

Finalmente, é importante destacar que o critério de parada utilizado foi o máximo número de iterações, em consonância com os procedimentos clássicos de filtragem adaptativa.

V. RESULTADOS

Foram escolhidos dois canais de fase não-mínima para testar a técnica proposta e comparar o seu desempenho com

um algoritmo genético padrão. O primeiro canal tem cinco coeficientes, enquanto o segundo tem sete coeficientes. A Tab. II contém os canais utilizados.

TABELA II
CANAIS UTILIZADOS NAS SIMULAÇÕES

\mathbf{h}_1	$[-0,21 \ -0,5 \ 0,72 \ 0,36 \ 0,21]^T$
\mathbf{h}_2	$[1,0 \ 0,6 \ -0,3 \ 0,6 \ 2,0 \ 0,5 \ 1,0]^T$

O sinal transmitido $x(k)$ pertence a uma constelação BPSK $\{+1, -1\}$; o ruído aditivo $v(k)$ é gaussiano, de potência variável. São consideradas três situações: ausência de ruído, $SNR = 10dB$ e $SNR = 20dB$.

Como uma medida de desempenho, adotou-se o erro médio dos coeficientes, definido como a distância entre o vetor de coeficientes do canal e o vetor de coeficientes estimados correspondente ao melhor indivíduo em cada geração, da seguinte forma [2]:

$$Erro = \|\pm h_{melhor} - h\|^2 \quad (9)$$

Em (9), entende-se por melhor indivíduo aquele que fornece o maior valor da função de ajuste (6), correspondendo assim à melhor estimativa para o vetor de coeficientes do canal para uma geração. As curvas de erro são obtidas de uma média de 50 realizações.

Para cada simulação, faz-se necessário estimar o cumulante a partir dos dados, de acordo com (6), antes de se iniciar o procedimento de identificação do canal. Em cada simulação, a estimativa de $C_{A,dados}(\tau, \tau, \tau)$ é feita com 10.000 símbolos do sinal recebido $u(k)$. Tanto para o AG como para a aiNet, o critério de parada adotado é o número máximo de 2.000 gerações por realização.

A. Algoritmo Genético - canal \mathbf{h}_1

Os parâmetros utilizados para o algoritmo genético estão na Tab. III.

TABELA III
PARÂMETROS PARA O A.G.

Parâmetros	Valor
Número de indivíduos	50
Probabilidade de mutação	0,02
Probabilidade de crossover	0,7

As curvas de erro médio estão traçadas na Fig. 2.

Verificamos que há três regiões delineadas na Fig. 2: uma inicial, na qual a população inicial aleatória é rapidamente melhorada, uma intermediária, em que as soluções são melhoradas localmente, e uma terceira, associada a refinamentos finais, que podem ser decisivos para a obtenção do ótimo global. Consideramos que um patamar significativo de desempenho foi atingido com cerca de 1.200 iterações.

B. Algoritmo aiNet - canal \mathbf{h}_1

Os parâmetros utilizados para o algoritmo genético estão na Tab. IV.

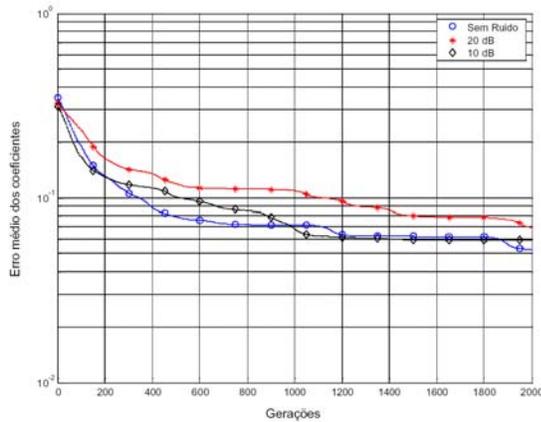


Fig. 2. Curva de erro para o algoritmo genético - 5 coeficientes

TABELA IV
PARÂMETROS PARA O AI NET

Parâmetros	Valor
População inicial	6 indivíduos
Clones por indivíduo	10
Limiar de supressão	0,7
β	100

As curvas de erro médio para a aiNet são apresentadas na Fig. 3. Neste caso, verificamos que há uma rápida convergência do algoritmo. De fato, com cerca de 600 iterações um patamar significativo já havia sido atingido, sendo que depois o que se observa são basicamente flutuações inerentes ao processo de busca. Assim como no caso do AG, houve um desempenho bastante satisfatório, com uma velocidade de convergência satisfatória.

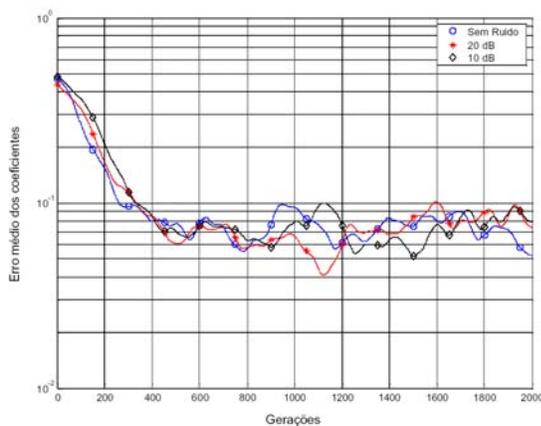


Fig. 3. Curva de erro para o algoritmo aiNet - 5 coeficientes

C. Algoritmo genético - canal h_2

Os parâmetros utilizados para o algoritmo genético estão na Tab. V.

Nesse caso, de amplo espaço de busca, não foi possível fazer com que o AG convergisse, mesmo variando-se exaustivamente os parâmetros.

TABELA V
PARÂMETROS PARA O A.G.

Parâmetros	Valor
Número de indivíduos	400
Probabilidade de mutação	0,05
Probabilidade de crossover	0,7

D. Algoritmo aiNet - canal h_2

Os parâmetros utilizados para a aiNet são apresentados na Tab. VI.

TABELA VI
PARÂMETROS PARA O AI NET

Parâmetros	Valor
População inicial	10 indivíduos
Clones por indivíduo	10
Limiar de supressão	0,5
β	100

As curvas de erro médio estão apresentadas na Fig. 4. É possível verificar que, para todas as relações sinal-ruído, o desempenho do método é muito bom. A velocidade de convergência foi bastante satisfatória e o patamar de erro residual foi bastante pequeno, ao contrário do que ocorreu quando foi utilizado o AG.

No segundo cenário, é possível afirmar com segurança que o desempenho da aiNet foi superior ao apresentado pelo método baseado no algoritmo genético.

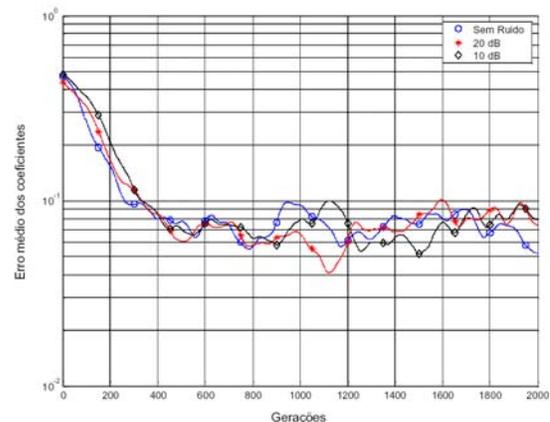


Fig. 4. Curva de erro para o algoritmo aiNet - 7 coeficientes

VI. CONCLUSÕES E PERSPECTIVAS FUTURAS

Neste trabalho, foi investigada uma proposta de identificação não-supervisionada de canais de comunicação baseada na otimização de uma função de custo formada a partir de EOS, tendo por base um algoritmo de rede imunológica. Essa estratégia foi comparada com um algoritmo genético padrão.

Em um dos ensaios, a capacidade de busca da rede imunológica foi equivalente àquela verificada para um AG clássico. Em outro caso, o desempenho do AG foi bastante

inferior ao da aiNet, sugerindo uma boa adequação deste tipo de ferramenta ao problema em questão.

É interessante estender significativamente o número de ensaios representativos, de maneira a formar um panorama mais rigoroso de comparação entre ambas as técnicas. Também pretende-se, num futuro próximo, comparar o desempenho da aiNet àquele obtido através de AGs modificados reportados na literatura. Isso permitirá novas e mais sólidas avaliações do desempenho da aiNet em problemas de cumulant matching.

REFERÊNCIAS

- [1] J. M. Mendel, *Tutorial on Higher-Order Statistics (Spectra) in Signal Processing and System Theory: Theoretical Results and Some Applications*, Proc. IEEE, vol. 79, março 1991, pp. 278-305
- [2] J. K. Tugnait, *Blind Equalization and Estimation of Digital Communication FIR Channels Using Cumulant Matching*, IEEE Transactions on Signal Processing, vol. 43, no. 2/3/4, pp. 1240-1245, 1995
- [3] S. Chen, Y. Wu, S. McLaughlin, *Genetic Algorithm Optimization for Blind Channel Identification with Higher Order Cumulant Fitting*, IEEE Transactions on Evolutionary Computation, vol. 1, no. 4, novembro 1997, pp. 259-265
- [4] L. N. de Castro, J. Timmis, *Artificial Immune Systems: A New Computational Intelligence Approach*, Springer-Verlag, Londres, 2002.
- [5] L. N. de Castro, F. J. Von Zuben, *aiNet: An Artificial Immune Network for Data Analysis*, in *Data Mining: a Heuristic Approach*, H. A. Abbass, R. A. Sarker, C. S. Newton (eds.), Idea Group Publishing, EUA, Capítulo XII, pp. 231-259, 2001
- [6] A. M. Costa, R. R. F. Attux, J. M. T. Romano, *A New Method for Blind Channel Identification with Genetic Algorithms*, Proc. International Telecommunications Symposium, Natal, Brazil, pp. 333-338, 2002
- [7] R. R. F. Attux, M. B. Loiola, R. Suyama, L. N. de Castro, F. J. Von Zuben, J. M. T. Romano, *Blind Search for Optimal Wiener Solutions Using an Artificial Immune Network Model*, EURASIP Journal of Applied Signal Processing and Image Analysis, a ser publicado no terceiro trimestre de 2003.
- [8] Bäck, T., Fogel, D. B. and Michalewicz, Z. (eds.) (2000a), *Evolutionary Computation 1: Basic Algorithms and Operators*, Institut of Physics Publishing.
- [9] Bäck, T., Fogel, D. B. and Michalewicz, Z. (eds.) (2000b), *Evolutionary Computation 2: Advanced Algorithms and Operators*, Institute of Physics Publishing.
- [10] Burnet, F. M. (1959), *The Clonal Selection Theory of Acquired Immunity*, Cambridge University Press.
- [11] Jerne, N. K. (1974), *Towards a Network Theory of the Immune System*, Ann. Immunol. (Inst. Pasteur) 125C, pp.373-389.