



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA
CURSO DE GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA

PAULO RICARDO COSTA NASCIMENTO

ALGORITMO GENÉTICO PARA MODELAGEM DE CIRCUITOS ÓPTICOS

SOBRAL

2023

PAULO RICARDO COSTA NASCIMENTO

ALGORITMO GENÉTICO PARA MODELAGEM DE CIRCUITOS ÓPTICOS

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Engenharia Elétrica da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do grau de bacharel em Engenharia Elétrica.

Orientador: Prof. Dr. José Cláudio do Nascimento.

Coorientador: Me. Francisco Leonardo Bezerra Martins.

SOBRAL

2023

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Sistema de Bibliotecas
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- N197a Nascimento, Paulo Ricardo Costa.
Algoritmo genético para modelagem de circuitos ópticos / Paulo Ricardo Costa Nascimento. – 2023.
47 f. : il. color.
- Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Campus de Sobral,
Curso de Engenharia Elétrica, Sobral, 2023.
Orientação: Prof. Dr. José Cláudio do Nascimento.
Coorientação: Prof. Me. Francisco Leonardo Bezerra Martins.
1. Fibras de Cristal Fotônico (PCF). 2. Porta Lógica Totalmente Óptica. 3. Algoritmo Genético (AG). I.
Título.

CDD 621.3

PAULO RICARDO COSTA NASCIMENTO

ALGORITMO GENÉTICO PARA MODELAGEM DE CIRCUITOS ÓPTICOS

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Engenharia Elétrica da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do grau de bacharel em Engenharia Elétrica.

Aprovada em: 05/07/2023.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. José Cláudio do Nascimento (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Me. Francisco Leonardo Bezerra Martins (Coorientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Ícaro Bezerra Viana
Universidade Federal do Ceará (UFC)

À Deus, a minha família, a minha esposa, ao meu professor orientador, ao meu coorientador e aos meus amigos.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida, inteligência, saúde, pelas pessoas incríveis que colocou em minha vida e pela força para enfrentar as incertezas ao longo desse curso.

Aos meus pais, Luciano Linhares do Nascimento e Maria do Livramento Costa Tabosa, pela realização desse sonho de obter o título de Engenheiro, por sempre acreditar e nunca deixar que eu desistisse em meio as dificuldades.

Aos meus irmãos, Francisco José Costa Nascimento e Luciano Rodrigo Costa Nascimento, por sempre apoiarem meus sonhos, pela nossa união em momentos difíceis e pelas boas risadas que sempre damos quando estamos juntos.

À minha noiva, Maria Layenne Fontenele Frota, pela mulher incrível que é em minha vida, pelo amor, companheirismo e incentivo diário.

Aos meus familiares que sempre me viram como uma pessoa brilhante, e que se eu for agradecer a todos seriam diversas páginas.

Aos meus professores do curso de Engenharia Elétrica e da computação UFC/Sobral, em especial ao meu orientador José Cláudio do Nascimento e o coorientador Francisco Leonardo Bezerra Martins pelo apoio e paciência na construção desse trabalho.

Aos meus amigos da UFC/Sobral, Nalbert Tabosa, Michel Bernardo, Vitor Manoel, Alexandre Holanda, Matheus Renan, Sérgio Franco e Matheus Garcia pela convivência, boas conversas e compartilhamento de conhecimento.

“O sonho é que leva a gente para frente. Se a gente for seguir a razão, fica aquietado, acomodado.”

(Ariano Suassuna)

RESUMO

É possível estudar e desenvolver dispositivos lineares totalmente ópticos por meio de fibras de cristal fotônico (PCF). Para acopladores de comprimento bem menor que o comprimento de dispersão e bombeados por pulso baixa potência, pode-se desprezar os efeitos não lineares de dispersão e desse modo estudá-los através de equações de modos acoplados simplificadas. Neste trabalho, fez-se o estudo de arranjos triplos e quádruplos em núcleos de acopladores de PCFs visando obter dispositivos capazes de realizar operações lógicas. Através de algoritmos genéticos (AGs) pode-se modelar os arranjos que visam se comportar como portas lógicas. Demonstrou-se numericamente a aquisição de portas OR tanto no arranjo triplo (triangular) como no quádruplo (estrela) com boas taxas de contraste superiores ao módulo de 0,3 *dB*.

Palavras-chave: Fibras de Cristal Fotônico (PCF); Porta Lógica Totalmente Óptica; Algoritmo Genético (AG).

ABSTRACT

It is possible to study and develop fully all-optical linear devices using photonic crystal fibers (PCF). For couplers of length much smaller than the dispersion length and pumped by a low power pulse, the nonlinear dispersion effects can be neglected and thus studied through simplified coupled mode equations. In this work, triple and quadruple arrays in PCF coupler cores were studied in order to obtain devices capable of performing logical operations. Through genetic algorithms (GAs) it is possible to model the arrangements that aim to behave like carrying logics. The acquisition of OR gates was numerically demonstrated both in the triple (triangular) and in the quadruple (star) arrays with good contrast ratios greater than the modulus of 0.3 dB.

Keywords: Photonic Crystal Fibers (PCF); All-Optical Logic Port; Algorithm Genetic (AG).

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Cromossomo em codificação real	18
Figura 2 – Exemplo de roleta de seleção de indivíduos	19
Figura 3 – Desempenho do AG com e sem elitismo.	20
Figura 4 – Aplicação dos operadores genéticos no AG.	20
Figura 5 – Operador de crossover de um ponto em codificação binária.	21
Figura 6 – Mutação para representação binária.	23
Figura 7 – Esquema PCF de sílica, com orifícios de ar.	25
Figura 8 – PCF de núcleo sólido e PCF núcleo oco.	25
Figura 9 – (a) - Acoplador direcional não linear (Acoplador direcional não linear (NLDC)). (b) - Secção transversal da NLDC.	28
Figura 10 – Acoplador simétrico.	28
Figura 11 – Acoplador assimétrico.	29
Figura 12 – –Modelo esquemático de um acoplador triplo de 3 entradas (s_1 , s_2 e s_3) e 3 saídas (s_4 , s_5 e s_6).	30
Figura 13 – Modelos de acoplador triplo de Photonic Crystal Fiber (PCF), arranjo triangular.	30
Figura 14 – Modelo esquemático de um acoplador quadruplo de 4 entradas (s_1 , s_2 , s_3 e s_4) e 4 saídas (s_5 , s_6 , s_7 e s_8).	32
Figura 15 – Modelos de acoplador quadruplo de PCF, arranjo Estrela.	32
Figura 16 – Funcionamento do PyGAD.	39
Figura 17 – Arranjo quadruplo (estrela) criado a partir do AG para a porta lógica OR. . .	42
Figura 18 – Arranjo triplo (triangular) criado a partir do Algoritmo genético (AG) para a porta lógica OR.	43

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Tabela verdade e contraste de saída para arranjo estrela. As simulações foram feitas para o núcleo de saída I_0 e target a porta lógica $OR(I_0, I_1, I_2, I_3)$. O menor contraste que chegou mais próximo da referência ($0,3dB$) foi o de $0,541210 dB$	42
Tabela 2 – Tabela verdade e contraste de saída para arranjo triangular. As simulações foram feitas para o núcleo de saída I_0 e target a porta lógica $OR(I_0, I_1, I_2)$. O menor contraste que chegou mais próximo da referência ($0,3dB$) foi o de $1,02 dB$	43
Tabela 3 – Tabela verdade e contraste de saída para arranjo triangular para porta lógica OR , demonstradas por (MARTINS <i>et al.</i> , 2022)	44

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AG	Algoritmo genético
GVT	alargamento temporal
NLDC	Acoplador direcional não linear
PCF	Photonic Crystal Fiber
SPM	auto modulação de fase
TOD	alargamento temporal assimétrico
XPM	modulação de fase cruzada

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
2	ALGORITMO GENÉTICO (AG)	15
2.1	Computação evolucionária	15
2.2	Algoritmos genéticos (AGs)	15
2.3	Representação ou codificação de indivíduos	16
2.3.1	<i>Codificação binária</i>	16
2.3.2	<i>Codificação Real</i>	17
2.4	Seleção	18
2.4.1	<i>Método da Roleta</i>	18
2.4.2	<i>Método de seleção baseado em Rank</i>	19
2.4.3	<i>Elitismo</i>	19
2.5	Operadores genéticos	20
2.5.1	<i>Crossover</i>	21
2.5.2	<i>Mutação</i>	22
2.6	Função objetivo (Aptidão)	23
2.7	Parâmetros do AG	24
2.8	Pressão seletiva	24
3	FIBRA DE CRISTAL FOTÔNICO (PCF)	25
3.1	Fibra de cristal fotônico (PCF)	25
3.2	Tipos de fibra de cristal fotônico	25
3.3	Não linearidade	26
4	ACOPLADORES DE FIBRA	27
4.1	Características dos acopladores	27
4.2	Acopladores simétricos	28
4.3	Acopladores assimétricos	28
4.4	Acoplador de 3 núcleos	29
4.5	Acoplador de 4 núcleos	31
4.6	Acoplador triplo triangular	33
4.7	Acoplador quadruplo estrela	33
4.8	Estimativa do coeficiente de Acoplamento com uma Fórmula Empírica.	34

5	METODOLOGIA	35
5.1	Matriz de transferência	35
5.2	Modulação PAM	36
5.3	Função objetivo (FITNESS)	37
5.4	Aplicação da biblioteca Python PyGAD	38
5.5	Relação de contraste	40
6	RESULTADOS E DISCUSSÃO	41
6.1	Discussão e comparação com outros trabalhos	44
7	CONCLUSÃO	45
8	PERSPECTIVAS FUTURAS	46
	REFERÊNCIAS	47

1 INTRODUÇÃO

Alguns problemas de engenharia são de difícil resolução analítica por envolverem diversas variáveis para otimizar. Para situações como essa existem métodos computacionais que buscam soluções que melhor respondem a problemática. Um desses métodos é o Algoritmo genético (AG), que foi desenvolvido e inspirado na teoria evolucionista de Darwin, onde através de seleção e reprodução os melhores indivíduos serão selecionados como a resposta aproximada para aquele problema. Assim, a cada população os melhores indivíduos se reproduzem, passam por processos de recombinação, mutação e são selecionados novamente os mais aptos por meio de uma seleção natural. Esse processo ocorrerá até que sejam encontradas soluções aceitáveis ou o número de gerações tenha terminado por uma limitação.

A busca por transmissão e processamento mais rápida está cada vez mais intensa, e talvez a forma de alcançar essa rapidez seja implementando dispositivos totalmente ópticos, já que tem-se a impressão que a eletrônica chegou a seu limite em termos de processamento. Assim, os pulsos luminosos fariam a função dos pulsos elétricos, com circuitos ópticos atuando no lugar de circuitos eletrônicos e proporcionando uma maior segurança e taxa de processamento bem maior comparada aos circuitos convencionais.

O objetivo geral dessa pesquisa foi desenvolver arranjos que se comportam como portas lógicas ou circuitos lógicos totalmente ópticos utilizando a computação evolucionária do algoritmo genético para desenvolver arranjos fotônicos com 3 e 4 núcleos. Inicialmente, o principal objetivo é desenvolver arranjos que se comportam como portas lógicas OR, AND, XOR e XNOR, já que esses circuitos possuem uma maior simplicidade de implementação por se tratarem de circuitos já prontos.

Este trabalho está organizado do seguinte modo: A seção 2 descreve o algoritmo genético e suas particularidades com respeito a parametrização e tipos de operadores para possível aplicação; Na seção 3 são descritas e estudadas as características da fibra de cristal fotônico (PCF); Na seção 4 são mostrados os acopladores, fez-se o estudo matemático para o acoplador com três e quatro núcleos, mostrando o acoplador triplo simétrico triangular e o acoplador quadruplo estrela. Na seção 5 é mostrada a metodologia adotada no trabalho, onde são apresentada as matrizes de acoplamento e transferência, assim como os cálculos que o AG deve realizar para maximizar a função de aptidão. Ademais, na seção 6 tem-se os resultados em ambos os arranjos operando como portas lógicas OR.

2 ALGORITMO GENÉTICO (AG)

Charles Darwin afirmava que o mecanismo de evolução é uma competição que seleciona os indivíduos mais bem adaptados em seu ambiente podendo assegurar descendentes, transmitindo as características que permitiram sua sobrevivência. Os algoritmos genéticos desenvolvidos por John Henry Holland em 1975, são métodos que se baseiam a partir da teoria evolutiva das espécies de Darwin. A teoria de Darwin desenvolvida em 1859, expressa que os mais aptos ao meio terão uma maior probabilidade de sobreviver e estes se reproduzirão. Esses algoritmos são uma classe probabilística que visa otimizar problemas complexos, com buscas adaptativas de respostas com base na sobrevivência dos mais aptos e na reprodução desses.

2.1 Computação evolucionária

A computação evolucionária tem como objetivo desenvolver sistemas que se baseiam nos aspectos de comportamento biológico, tais como: aprendizado, evolução, raciocínio, percepção e adaptação. Esses algoritmos evolucionários são constituídos de:

1. População de indivíduos. Cada indivíduo dessa população pode ser uma resposta ao problema;
2. Criação de novos indivíduos. Por meios dos indivíduos previamente existentes se originará novos indivíduos que normalmente carregaram as características genéticas dos indivíduos que os produziram;
3. Medir a qualidade da solução que os indivíduos apresentam;
4. Selecionar os indivíduos mais aptos, onde será aplicado o princípio de classificação por meio da seleção natural.

Os algoritmos evolucionários tem o mesmo princípio, onde a partir de uma população de indivíduos tem-se reproduções a partir dos indivíduos mais aptos que geraram uma nova população de soluções. Esse ciclo se repete diversas vezes até achar uma solução que seja ideal ou mais próxima do ideal.

2.2 Algoritmos genéticos (AGs)

Uma nova população é gerada através da aplicação de operadores genéticos, como recombinação e mutação de genes. Este processo é realizado até um determinado número de gerações e o indivíduo mais apto encontrado é dito ser a solução do problema. Os indivíduos dos

AGs são descritos como cromossomos e cada parte do cromossomo é intitulado de gene, onde esses genes contém as informações chamadas de alelos. Os cromossomos são feitos a partir de uma cadeia de bits que normalmente são armazenados em vetores.

O funcionamento de um AG segue um passo a passo que inicialmente consiste em gerar uma população inicial, que são as possíveis soluções candidatas para o problema. Essas soluções são o conjunto de cromossomos, onde a formação dessas soluções é realizada de forma randômica. Por meio de processos evolutivos, os melhores indivíduos são selecionados através da função de aptidão ou função fitness. Através dessa função acontece a adaptabilidade dos indivíduos e por meio de reproduções gera-se novos indivíduos mais adaptados.

2.3 Representação ou codificação de indivíduos

As soluções serão codificadas em estruturas de dados que possibilitarão serem lidas e processadas por computadores. Existem diversas formas de codificar esses indivíduos, dentre elas pode-se exemplificar a codificação binária, codificação inteira, codificação em vetor de reais, codificação de string. O processo de codificação de indivíduos é onde ocorre a representação de cada possível solução, de um problema qualquer, como uma sequência de símbolos gerados a partir de um alfabeto finito (TANOMARU, 1995). Essas soluções que são representadas por um conjunto de genes, podem ser números reais, letras, números inteiros ou binários. Além disso, para codificação existem operadores de mutação e crossover próprios.

2.3.1 Codificação binária

A codificação binária pode ser empregada em boa parte dos problemas abordados em AGs, isso acontece pois geralmente pode-se representar as variáveis do problema como números binários. Assim, um indivíduo x é representado por uma sequência $s = [b_n \dots b_2 b_1]$, onde n determina a quantidade de bits necessários para representar x . Exemplificando, um espaço de busca no intervalo $[0, 30]$ precisará de um vetor com 5 posições para representar a variável determinada pelo espaço de busca.

Além disso, utiliza-se a codificação binária para representação de valores reais. O tamanho do cromossomo depende da precisão. A variável t representa o tamanho do intervalo e p representa a precisão. Pode-se calcular o número de alelos através da Equação 2.1.

$$n = \lceil \log_2(t \cdot 10^p) \rceil + 1 \quad (2.1)$$

Assim, seja um espaço de busca no intervalo $[1, 4]$, tem-se que $(t = 4 - 1 = 3)$, logo o intervalo é igual a 3. Caso a precisão seja 4 casas decimais, ou seja, $p = 4$, serão necessários de 16 bits $(n = \lceil \log_2(3 \cdot 10^4) \rceil + 1 = 15,87bits)$. Para valores inteiros a forma de mapeamento é a mesma e consiste em deixar $p = 0$.

Após mapear o tamanho do cromossomo conforme a Equação 2.1, tem-se que mapear o intervalo real no intervalo binário. O processo para realizar este procedimento consiste em duas etapas: Primeiro é realizado o mapeamento da variável sobre o valor real e depois é convertido para base binária. A função de mapeamento mostrada na Equação 2.2 descreve o mapeamento sobre o valor real da variável, onde x o valor real e x' o valor mapeado. Desse modo x' é representado por uma cadeia de bits quando x' for convertida para base binária.

$$x' = \frac{(x - x_{min}) * (2^n - 1)}{t} \quad (2.2)$$

Já o processo inverso, o de decodificação, é também realizado em duas etapas. Primeiro é realizada a conversão do cromossomo que está na base 2 para base 10 conforme está descrito na Equação 2.3. Logo, para um valor $x' \in N \mid 0 \leq x' \leq 2^n - 1$ tem-se o resultado de um valor discreto.

$$s = [b_n b_{n-1} \dots b_2 b_1 b_0] = \sum_{i=0}^n b_i * 2^i = x' \quad (2.3)$$

Na etapa seguinte x' será mapeado de volta para o espaço de busca conforme está expresso na Equação 2.4. Ademais, x_{min} e x_{max} indicarão no cálculo os limites no intervalo de busca.

$$x = x_{min} + \left(\frac{x_{max} - x_{min}}{2^n - 1} \right) * x' \quad (2.4)$$

2.3.2 Codificação Real

A codificação binária possui desvantagens em relação a codificação real, já que a binária apresenta deficiência em problemas de alta precisão numérica, assim como problemas de alta dimensionalidade. Esse problema acontece devido a quantidade de variáveis, logo para muitas variáveis, será necessária uma grande cadeia de bits que consequentemente faz com que o algoritmo tende a convergir lentamente.

Já na codificação real, o cromossomo é caracterizado por vetor de números reais, onde cada elemento desse vetor, gene, contém uma informação real de uma variável como mostra a Figura 1. Logo, os cromossomos gerados nessa codificação são bem menores e com possibilidade de visualização e entendimento melhor dos resultados pelo indivíduo.

Figura 1 – Cromossomo em codificação real

1.258	2.456	0.9834	1.024
-------	-------	--------	-------

Fonte: Autor

2.4 Seleção

Existem diversos métodos para selecionar os melhores indivíduos em algoritmo genético. Para simular esse processo de seleção natural, pode-se exemplificar o método da roleta, método baseado em rank, seleção por torneio, elitismo e entre outros. O processo de seleção é de grande importância para o AG, já que este caracteriza a evolução e que sem ele a eficiência de um algoritmo genético seria baixíssima.

Assim, conforme (HOLLAND, 1975), utilizou-se de um método que consistia em proporções do valor da função de aptidão (fitness) para aquele indivíduo, relacionando a soma do fitness de toda uma população. Logo, a probabilidade daquele indivíduo ser escolhido seria dado conforme a Equação 2.5:

$$p_i = \frac{f_i}{\sum_{k=1}^N f_k}, \quad (2.5)$$

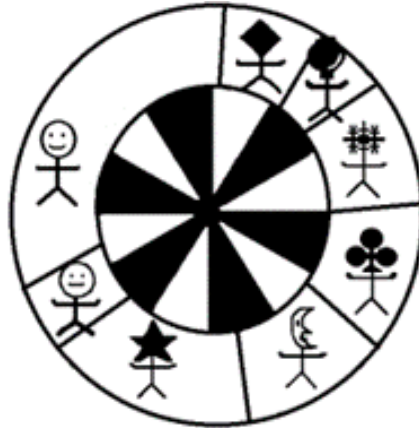
onde f_i corresponde ao fitness do indivíduo i e N é variável que delimita o número de indivíduos na população.

2.4.1 Método da Roleta

O método da roleta é considerado o mais simples e por consequência é um dos mais utilizados. O princípio do método é baseado em uma roleta onde cada casa é um indivíduo, sendo a área da casa proporcional ao valor do fitness daquele indivíduo. Assim, indivíduos com fitness maiores terão uma maior probabilidade de serem escolhidos e se reproduzirem. A Figura 2 mostra uma roleta de seleção onde pode-se verificar que alguns indivíduos possuem maior área e desse modo eles tem uma maior chance de serem escolhidos.

O método da roleta é caracterizado por ser um método muito “agressivo”, já que pode segregar cromossomos que possuem bons fitness devido a possibilidade de escolha de indivíduos com menores fitness. Contudo, esse problema pode ser contornado por métodos de ordenamento como é o caso do método baseado em rank.

Figura 2 – Exemplo de roleta de seleção de indivíduos



Fonte: LACERDA E. G. M.; CARVALHO (1999)

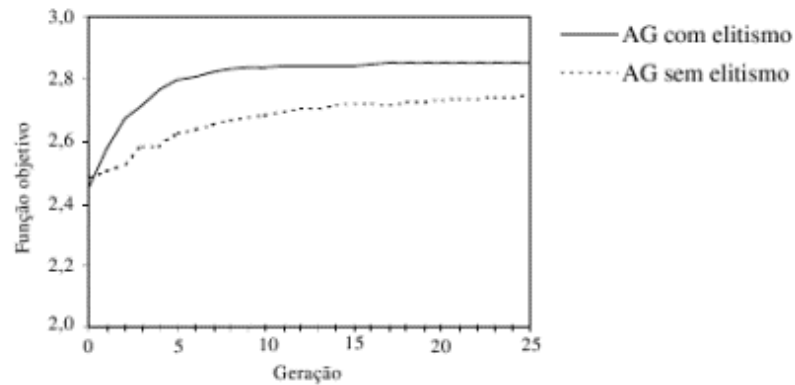
2.4.2 Método de seleção baseado em Rank

Esse método é baseado em escolher n cromossomos aleatoriamente com probabilidade igual para todos de escolha e onde os cromossomos com maior fitness são selecionados para reproduzir.

2.4.3 Elitismo

Operadores como crossover e mutação são de grande importância no melhoramento dos cromossomos. Contudo é muito provável que alguns bons cromossomos são perdidos durante algumas gerações com aplicação desses operadores. Para contornar esse problema foi desenvolvido o elitismo, onde é possível preservar esses melhores cromossomos de uma geração para outra. Assim, os melhores continuam perpetuando-se para as próximas gerações sem que haja grande perdas e alterações. A Figura 3 mostra a função de aptidão através das gerações com e sem elitismo.

Figura 3 – Desempenho do AG com e sem elitismo.



Fonte: LACERDA E. G. M.; CARVALHO (1999)

2.5 Operadores genéticos

Os operadores genéticos são os elementos de um AG que possibilitam a criação de uma nova geração a partir da primeira população. Desse modo, a após a seleção e aplicação dos operadores genéticos serão conhecidos novos indivíduos cada vez mais aptos. Além disso, pode-se destacar os operadores genéticos crossover e mutação, onde cada um representa um tipo de codificação utilizada. A Figura 4 descreve uma AG mostrando uma aplicação de operadores genéticos.

Figura 4 – Aplicação dos operadores genéticos no AG.



Fonte: LOPES (2006)

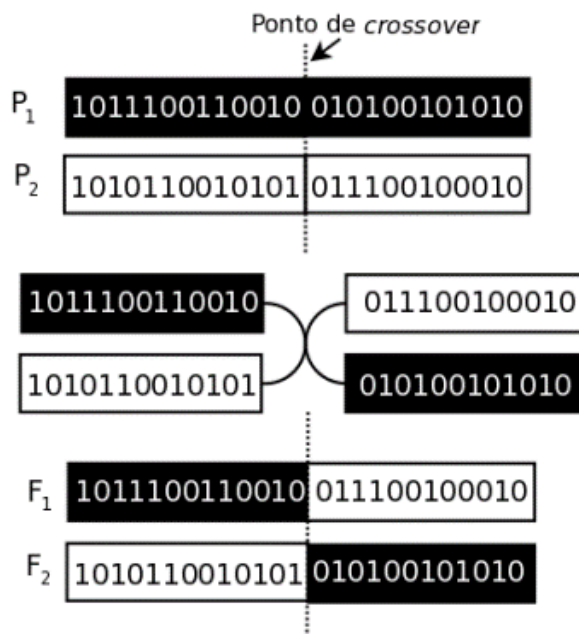
2.5.1 Crossover

Através de um processo de recombinação são criado novos indivíduos. Essa recombinação é feita por meio de dois indivíduos pais escolhidos por meio de seleção. Assim, no crossover a partir de dois cromossomos-pai, dois novos indivíduos serão gerados, chamados de descendentes.

No processo de crossover, existem diversos diferentes operadores e a escolha de qual aplicar depende do tipo de codificação. Um dos exemplos é o crossover por representação binária e representação real. O crossover para representação binária é caracterizado por sua simplicidade e fácil implementação. Os mais utilizados são o crossover binário de um ponto e crossover de dois ou mais pontos. O crossover de dois ou mais pontos é uma extensão do que acontece no crossover de um ponto.

A Figura 5 mostra o processo de crossover de um ponto. Sejam P_1 e P_2 cromossomos pai. Com crossover de um ponto, significa que será realizado um corte no cromossomo em um ponto qualquer em ambos os indivíduos P_1 e P_2 . A posição que será realizada o corte é nomeada como ponto de crossover e por meio deste corte que dois novos indivíduos F_1 e F_2 serão gerados a partir da junção das partes alternadas de P_1 e P_2 .

Figura 5 – Operador de crossover de um ponto em codificação binária.



Fonte: LOPES (2006)

O crossover de representação real pode ser representado de três formas, o crossover

simples, crossover aritmético e o crossover heurístico. O crossover simples é semelhante ao crossover binário de um ponto. Já o crossover aritmético tem a geração de cromossomos por meio de uma combinação linear dos cromossomos pai ($P1$ e $P2$). Essa combinação é determinada pelas Equações 2.6 e 2.7, respectivamente e gera os filhos $F1$ e $F2$.

$$F1 = \alpha \cdot P1 + (1 - \alpha) \cdot P2 \quad (2.6)$$

$$F2 = \alpha \cdot P2 + (1 - \alpha) \cdot P1 \quad (2.7)$$

Onde α é determinado de forma randômico no intervalo $[0, 1]$.

Por fim, no crossover Heurístico somente será gerado um (ou nenhum filho) a partir de dois cromossomos pai. A formulação matemática que descreve a geração do filho $F1$ a partir dos pais $P2$ e $P1$ está descrita na Equação 2.8.

$$F1 = r \cdot (P2 - P1) + P2 \quad (2.8)$$

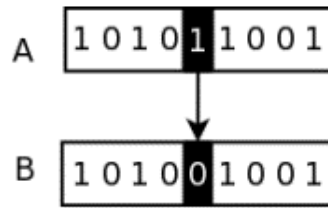
A geração de $F1$ só acontece caso o fitness de $P2$ seja melhor do $P1$ e r é um número randômica entre $[0, 1]$. O uso deste operador possibilita uma busca mais refinada.

2.5.2 Mutação

O processo de mutação ocorre de forma global, onde a característica desse operador é criar uma variabilidade genética extra em indivíduos, sem interferir muito no avanço já obtido durante a busca. Essa variabilidade não ocorre em todos os indivíduos, já que para não ter uma interferência no progresso já obtido, deve-se determinar a taxa de mutação. Assim como ocorre no crossover tem-se esse operador com representação binária e representação real.

A mutação binária consiste simplesmente em trocar pelo valor oposto um gene do cromossomo selecionado. Essa mutação é a mais usual e mais simples, a Figura 6 mostra o funcionamento desse operador.

Figura 6 – Muta  o para representa  o bin  ria.



Fonte: OBITKO (1998)

Existem diversos operadores de muta  o com representa  o real, dentre eles a muta  o uniforme, muta  o gaussiana e a muta  o limite. Os operadores mais usados s  o a muta  o uniforme e a muta  o gaussiana. A muta  o uniforme tem como caracter  stica a substitui  o de um gene por um valor rand  mico dentro de um intervalo $[v_{min}, v_{max}]$, onde v_{min} e v_{max} s  o os limites m  nimo e m  ximo desse intervalo. A gera  o desse valor rand  mico    realizada por meio de uma distribui  o uniforme. A muta  o gaussiana    uma variante da muta  o uniforme, onde ocorrer   uma substitui  o de um gene por um valor rand  mico conforme a distribui  o normal. A Equa  o 2.9 apresenta a defini  o desse valor, onde $N(p_i, \sigma)$    a representa  o da distribui  o normal com m  dia p_i e desvio padr  o σ .

$$c_i = \begin{cases} N(p_i, \sigma), & \text{se } i = j. \\ p_i, & \text{caso contr  rio.} \end{cases} \quad (2.9)$$

A muta  o limite tamb  m apresenta semelhan  a com a muta  o uniforme, contudo agora um gene rand  mico    selecionado e substituído por um dos valores que representam os extremos do intervalo $[v_{min}, v_{max}]$. A escolha dessa substitui  o apresenta a mesma probabilidade de escolha. Assim o uso desse operador visa diminuir a perda de diversidade de filhos devido o crossover aritm  tico, que tende a levar genes para o centro do intervalo.

2.6 Fun  o objetivo (Aptid  o)

A fun  o objetivo ou de aptid  o ser   a fun  o a ser otimizada pelo algoritmo, logo atrav  s dela poder   determinar os melhores par  metros para a problem  tica. Atrav  s dessa fun  o ser  o determinados os melhores indiv  duos com base nos par  metros determinados pelo usu  rio como tamanho da gera  o, tipo de codifica  o, sele  o, operadores, e entre outros.

2.7 Parâmetros do AG

No meio científico não há uma verdade sobre quais são os melhores parâmetros para maximizar a eficiência do AG. Contudo, sabe-se que é muito importante a escolha de bons parâmetros para um bom desempenho do algoritmo. Alguns autores realizam diversos testes com a finalidade de identificar os parâmetros que melhor se adequam ao problema estudado. Desse modo, cada problema possui sua particularidade e sua parametrização que afeta o desempenho do AG. Dentre esses parâmetros, pode-se exemplificar o número de gerações, operadores genéticos e suas possibilidades, como é o caso da mutação e crossover.

2.8 Pressão seletiva

A definição de pressão seletiva se dá por meio da divisão entre o fitness maior da população e o fitness médio. Desse modo, quando o valor da pressão seletiva for baixo, significa que o fitness é aproximado para toda população e dessa forma o AG realiza uma escolha não seletiva já que os indivíduos possuem a mesma probabilidade de escolha. Já se a pressão seletiva for alta, tem-se que existem bons indivíduos com altos fitness em comparação a média dos fitness da população. Esses indivíduos com bons fitness tendem a ter nas próximas gerações bons descendentes que conseqüentemente ao passo das gerações tenderão a convergir a um máximo local.

Logo é melhor que inicialmente as gerações possuam uma pressão seletiva pequena, já que desse modo indivíduos com fitness menor tenham também a chance de ser selecionados. Já na parte final sempre é desejável que os indivíduos possuam uma pressão seletiva maior, já que eles estão tendendo a resposta ideal ou próxima dela.

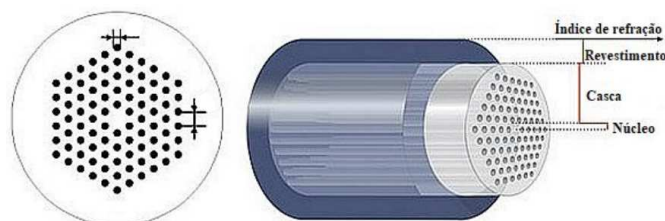
Deve-se observar que o método Roleta que utiliza o valor do fitness no processo de escolha, acaba criando uma pressão seletiva inversa, pois esse método fornece uma pressão seletiva alta no início e baixa no final das gerações.

3 FIBRA DE CRISTAL FOTÔNICO (PCF)

3.1 Fibra de cristal fotônico (PCF)

A fibra de cristal fotônico (PCF, do inglês Photonic Crystal Fiber), é caracterizada por ser constituída de um arranjo ordenado de buracos de ar ao longo de seu comprimento, gerando uma matriz de buracos conforme pode-se ver na figura 7. Além disso, as propriedades de guiamento são determinadas pelo tamanho e padrão dos orifícios de ar nas regiões de sílica sólida.

Figura 7 – Esquema PCF de sílica, com orifícios de ar.



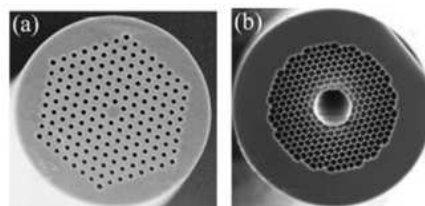
Fonte: MARTINS (2016)

Dentre os parâmetros mais importantes da PCF tem-se a variável C , que descreve o diâmetro dos orifícios, e Λ , o espaçamento do centro de um orifício a outro orifício. A relação Λ/C é de grande importância para o estudo e determinação de características da PCF.

3.2 Tipos de fibra de cristal fotônico

A Figura 8 mostra os dois tipos de PCF, a fibra de núcleo sólido e a fibra de núcleo oco. O modo de guiamento difere para ambos os tipos de PCF. Na de núcleo sólido a luz é guiada por meio uma forma modificada de reflexão interna total, já a PCF de núcleo oco utiliza o efeito 'band gap' para guiar a luz.

Figura 8 – PCF de núcleo sólido e PCF núcleo oco.



Fonte: ZOGRAFOPOULOS (2012)

A não linearidade da PCF é melhorada devido ao forte confinamento de modo e as propriedades de dispersão que podem ser alteradas. Essa adaptação nas dispersões é resultado dos parâmetros geométricos como comprimento da fibra, distância entre núcleos, diâmetro dos orifícios, quantidade de núcleos, disposição desses núcleos e entre outros parâmetros (POLI *et al.*, 2004). Um forte campo de confinamento de luz é determinado pelo contraste entre os valores de refração do núcleo e casca, em comparação as fibras convencionais, esse contraste alto permite boas interações não-lineares (FERREIRA *et al.*, 2009). Entretanto, o estudo não-linear dificulta análise e simulação das PCFs, podendo ocorrer a introdução de ruídos, quebra do pulso, limitação na taxa de bits e aumentar o custo para implementar os dispositivos.

3.3 Não linearidade

PCFs com pequenos núcleos permitem confinamento de modo mais forte e consequentemente não linearidades bem elevadas, logo é preferencial o uso destas para aplicações com características não lineares muito comuns em comunicações ópticas. Segundo (MARTINS, 2016), a não linearidade de uma PCF é descrita pela Equação 3.1:

$$\gamma = \frac{2\pi n_2}{\lambda A_{eff}}, \quad (3.1)$$

onde A_{eff} é a área efetiva, λ é o comprimento de onda e n_2 representa o coeficiente de índice não linear. Como a não linearidade é inversamente proporcional a área efetiva, uma forma de aumentar essa não linearidade é diminuindo a área efetiva e consequentemente para diminuir a não linearidade é aumentar a área efetiva. Para fibras convencionais a diminuição da área não aumenta a não linearidade, pois essa diminuição priva o confinamento de modo e por consequência diminui o valor de γ .

4 ACOPLADORES DE FIBRA

Para as fibras convencionais o acoplador óptico é caracterizado como um sistema composto por duas ou mais guias de onda separadas fisicamente, já para as PCFs é caracterizado por uma única fibra com dois ou mais núcleos.

Devido a distância entre os núcleos, os modos fundamentais de propagação de cada núcleo acabam se sobressaindo parcialmente na casca, isso resulta na transferência de potência entre os núcleos. O processo de interação entre os campos ocorre caso seja respeitado a relação entre o diâmetro do núcleo e a distância entre os centros dos núcleos (Λ/C), essa relação deve ser de 2 a 4,5. Logo, a distância entre centros dos núcleos Λ deve ser no mínimo 2 vezes o valor de C .

4.1 Características dos acopladores

A transferência de potência entre os núcleos está diretamente relacionada com a potência crítica (P_c), descrita na Equação 4.1. Em um acoplador de dois núcleos, a potência crítica descrita na 4.1 é a potência necessária para realizar uma transferência de 50% entre as guias do acoplador:

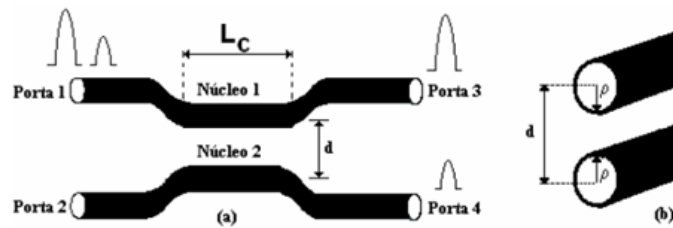
$$P_c = \frac{A_{eff}\lambda}{n_{NL}L_c}, \quad (4.1)$$

onde A_{eff} é a área de seção transversal efetiva, λ é o comprimento de onda no vácuo, n_{NL} é o índice de refração não linear e L_c descreve o comprimento de acoplamento, o mínimo valor de comprimento para que haja chaveamento completo de potência entre as guias. A Figura 9 mostra um acoplador direcional não linear de dois núcleos (ou duplo), cujo comprimento do acoplamento é descrito pela equação:

$$L_c = \frac{\pi}{2\kappa}, \quad (4.2)$$

onde κ é o coeficiente de acoplamento entre as guias adjacentes.

Figura 9 – (a) - Acoplador direcional não linear (NLDC). (b) - Secção transversal da NLDC.



Fonte: (MENEZES, 2006)

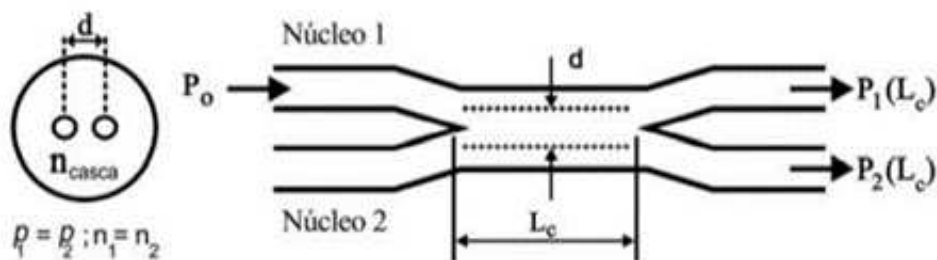
O acoplador da Figura 9, é o acoplador mais simples já que este possui 4 portas, onde duas são entradas e as outras duas são saídas, cujo intuito é dividir o feixe óptico nas portas de entradas e direcionais nas portas de saída.

Com base no pico de potência aplicado nas entradas do acoplador, pode-se direcionar um pulso óptico para diferentes portas de saída.

4.2 Acopladores simétricos

O acoplador simétrico mais simples é o mostrado na Figura 10. A característica presente nos acopladores simétricos é a simetria entre os núcleos.

Figura 10 – Acoplador simétrico.

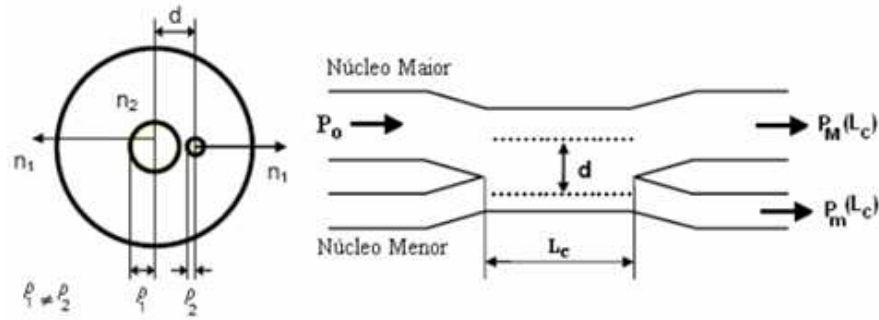


Fonte: (MENEZES, 2006)

4.3 Acopladores assimétricos

A Figura 11 mostra a estrutura do acoplador assimétrico. Tem-se como características a diferença entre os núcleos tanto em forma ou tamanho, diferentes propriedades de dispersão, dopagens diferentes e outras características. Os efeitos não-lineares em acopladores assimétricos têm atraído bastante a pesquisa nesse tema nos últimos anos.

Figura 11 – Acoplador assimétrico.



Fonte: (MENEZES, 2006)

4.4 Acoplador de 3 núcleos

O arranjo espacial de 3 núcleos é caracterizado por ser uma fibra com 3 núcleos no caso dos PCFs ou um arranjo que tem 3 guias de ondas separadas para fibras convencionais. Assim, considerando os efeitos de deslocamento temporal, alargamento temporal (GVT), variação de fase, alargamento temporal assimétrico (TOD), auto modulação de fase (SPM), constante de acoplamento e modulação de fase cruzada (XPM), tem-se as equações de modo acoplado para o arranjo triplo:

$$\frac{\partial a_1}{\partial z} + i\beta_{01}a_1 + \beta_{11} \frac{\partial a_1}{\partial t} + i\frac{\beta_{21}}{2} \frac{\partial^2 a_1}{\partial t^2} + \frac{\beta_{31}}{6} \frac{\partial^3 a_1}{\partial t^3} =$$

$$i\kappa_{12}a_2 + i\kappa_{13}a_3 + \gamma_1 \left(|a_1|^2 + \eta_{12} |a_2|^2 + \eta_{13} |a_3|^2 \right) a_1 \quad (4.3)$$

$$\frac{\partial a_2}{\partial z} + i\beta_{02}a_2 + \beta_{12} \frac{\partial a_2}{\partial t} + i\frac{\beta_{22}}{2} \frac{\partial^2 a_2}{\partial t^2} + \frac{\beta_{32}}{6} \frac{\partial^3 a_2}{\partial t^3} =$$

$$i\kappa_{21}a_1 + i\kappa_{23}a_3 + \gamma_2 \left(|a_2|^2 + \eta_{21} |a_1|^2 + \eta_{23} |a_3|^2 \right) a_2 \quad (4.4)$$

$$\frac{\partial a_3}{\partial z} + i\beta_{03}a_3 + \beta_{13} \frac{\partial a_3}{\partial t} + i\frac{\beta_{23}}{2} \frac{\partial^2 a_3}{\partial t^2} + \frac{\beta_{33}}{6} \frac{\partial^3 a_3}{\partial t^3} =$$

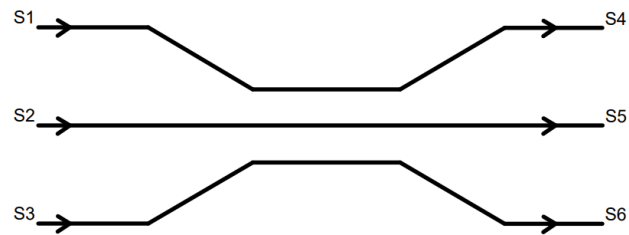
$$i\kappa_{31}a_1 + i\kappa_{32}a_2 + \gamma_3 \left(|a_3|^2 + \eta_{31} |a_1|^2 + \eta_{32} |a_2|^2 \right) a_3 \quad (4.5)$$

Onde a_i é o envoltório de variação lenta que se propaga na guia i , β_0 é a defasagem entre pulsos, β_1 é a constante de propagação, β_2 é a dispersão de velocidade de grupo, β_3 é a dispersão de terceira ordem e κ_{ij} é a constante de acoplamento da fibra i em relação a fibra j . η é uma pequena taxa que envolve a influência de XPM e SPM e γ é a não linearidade efetiva relacionada à SPM.

O acoplador triplo é um dispositivo de 6 portas (3 entradas e 3 saídas) como mostra a Figura 12, que por possuir mais que dois núcleos, pode ser configurado de diversas formas.

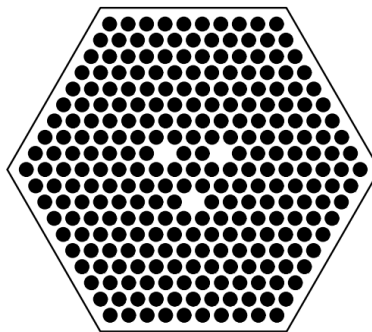
Nesse trabalho será estudado uma estrutura com 3 núcleos formando um triângulo como mostra a Figura 13.

Figura 12 – Modelo esquemático de um acoplador triplo de 3 entradas (s_1 , s_2 e s_3) e 3 saídas (s_4 , s_5 e s_6).



Fonte: Autor.

Figura 13 – Modelos de acoplador triplo de PCF, arranjo triangular.



Fonte: Autor.

4.5 Acoplador de 4 núcleos

O arranjo espacial de 4 núcleos é caracterizado por ser uma fibra com 4 núcleos no caso dos PCFs ou um arranjo que tem 4 guias de ondas separadas para fibras convencionais. Assim, considerando os efeitos de deslocamento temporal, alargamento temporal (GVT), variação de fase, alargamento temporal assimétrico (TOD), auto modulação de fase (SPM), constante de acoplamento e modulação de fase cruzada (XPM), tem-se as equações de modo acoplado para o arranjo quadruplo:

$$\begin{aligned} \frac{\partial a_1}{\partial z} + i\beta_{01}a_1 + \beta_{11} \frac{\partial a_1}{\partial t} + i\frac{\beta_{21}}{2} \frac{\partial^2 a_1}{\partial t^2} + \frac{\beta_{31}}{6} \frac{\partial^3 a_1}{\partial t^3} = \\ i\kappa_{12}a_2 + i\kappa_{13}a_3 + i\kappa_{14}a_4 + \gamma_1 \left(|a_1|^2 + \eta_{12}|a_2|^2 + \eta_{13}|a_3|^2 + \eta_{14}|a_4|^2 \right) a_1 \end{aligned} \quad (4.6)$$

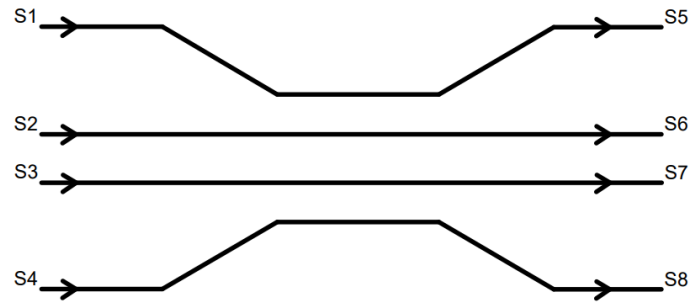
$$\begin{aligned} \frac{\partial a_2}{\partial z} + i\beta_{02}a_2 + \beta_{12} \frac{\partial a_2}{\partial t} + i\frac{\beta_{22}}{2} \frac{\partial^2 a_2}{\partial t^2} + \frac{\beta_{32}}{6} \frac{\partial^3 a_2}{\partial t^3} = \\ i\kappa_{21}a_1 + i\kappa_{23}a_3 + i\kappa_{24}a_4 + \gamma_2 \left(|a_2|^2 + \eta_{21}|a_1|^2 + \eta_{23}|a_3|^2 + \eta_{24}|a_4|^2 \right) a_2 \end{aligned} \quad (4.7)$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial a_3}{\partial z} + i\beta_{03}a_3 + \beta_{13} \frac{\partial a_3}{\partial t} + i\frac{\beta_{23}}{2} \frac{\partial^2 a_3}{\partial t^2} + \frac{\beta_{33}}{6} \frac{\partial^3 a_3}{\partial t^3} = \\ i\kappa_{31}a_1 + i\kappa_{32}a_2 + i\kappa_{34}a_4 + \gamma_3 \left(|a_3|^2 + \eta_{31}|a_1|^2 + \eta_{32}|a_2|^2 + \eta_{34}|a_4|^2 \right) a_3 \end{aligned} \quad (4.8)$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial a_4}{\partial z} + i\beta_{04}a_4 + \beta_{14} \frac{\partial a_4}{\partial t} + i\frac{\beta_{24}}{2} \frac{\partial^2 a_4}{\partial t^2} + \frac{\beta_{34}}{6} \frac{\partial^3 a_4}{\partial t^3} = \\ i\kappa_{41}a_1 + i\kappa_{42}a_2 + i\kappa_{43}a_3 + \gamma_4 \left(|a_4|^2 + \eta_{41}|a_1|^2 + \eta_{42}|a_2|^2 + \eta_{43}|a_3|^2 \right) a_4 \end{aligned} \quad (4.9)$$

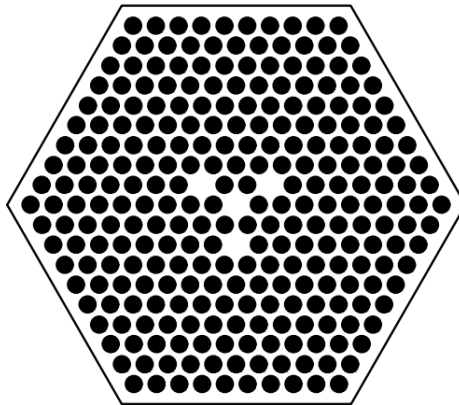
O acoplador quadruplo é um dispositivo de 8 portas (4 entradas e 4 saídas) como mostra a Figura 14, que por possuir mais que dois núcleos, pode ser configurado de diversas formas. Nesse trabalho será estudado uma estrutura com 3 núcleos formando um triângulo e um núcleo no meio, gerando o arranjo denominado Estrela mostrado na Figura 15.

Figura 14 – Modelo esquemático de um acoplador quadruplo de 4 entradas (s_1 , s_2 , s_3 e s_4) e 4 saídas (s_5 , s_6 , s_7 e s_8).



Fonte: Autor.

Figura 15 – Modelos de acoplador quadruplo de PCF, arranjo Estrela.



Fonte: Autor.

4.6 Acoplador triplo triangular

Para um acoplador triplo de comprimento bem menor que o comprimento de dispersão e bombeado por pulso baixa potência, pode-se desprezar os efeitos não lineares de dispersão. Para um acoplador de núcleos idênticos arranjados nos vértices de um triângulo, tem-se as seguintes equações de módulos acoplados:

$$\frac{\partial a_1}{\partial z} = i\kappa_{12}a_2 + i\kappa_{13}a_3 \quad (4.10)$$

$$\frac{\partial a_2}{\partial z} = i\kappa_{21}a_1 + i\kappa_{23}a_3 \quad (4.11)$$

$$\frac{\partial a_3}{\partial z} = i\kappa_{31}a_1 + i\kappa_{32}a_2 \quad (4.12)$$

Assim, pode-se determinar a matriz de acoplamento A do arranjo triangular como:

$$A = \begin{bmatrix} 0 & i\kappa_{12} & i\kappa_{13} \\ i\kappa_{21} & 0 & i\kappa_{23} \\ i\kappa_{31} & i\kappa_{32} & 0 \end{bmatrix} \quad (4.13)$$

Onde $\kappa_{12} = \kappa_{21}$, $\kappa_{13} = \kappa_{31}$ e $\kappa_{23} = \kappa_{32}$, devido os núcleos serem idênticos.

4.7 Acoplador quadruplo estrela

Para um acoplador quadruplo de comprimento bem menor que o comprimento de dispersão e bombeado por pulso baixa potência, pode-se desprezar os efeitos não lineares de dispersão. Para um acoplador de três núcleos idênticos arranjados nos vértices de um triângulo e um quarto núcleo dentro dos limites das arestas do triângulo, tem-se as seguintes equações de módulos acoplados:

$$\frac{\partial a_1}{\partial z} = i\kappa_{12}a_2 + i\kappa_{13}a_3 + i\kappa_{14}a_4 \quad (4.14)$$

$$\frac{\partial a_2}{\partial z} = i\kappa_{21}a_1 + i\kappa_{23}a_3 + i\kappa_{24}a_4 \quad (4.15)$$

$$\frac{\partial a_3}{\partial z} = i\kappa_{31}a_1 + i\kappa_{32}a_2 + i\kappa_{34}a_4 \quad (4.16)$$

$$\frac{\partial a_4}{\partial z} = i\kappa_{41}a_1 + i\kappa_{42}a_2 + i\kappa_{43}a_3 \quad (4.17)$$

Assim, pode-se determinar a matriz de acoplamento A do arranjo estrela como:

$$A = \begin{bmatrix} 0 & i\kappa_{12} & i\kappa_{13} & i\kappa_{14} \\ i\kappa_{21} & 0 & i\kappa_{23} & i\kappa_{24} \\ i\kappa_{31} & i\kappa_{32} & 0 & i\kappa_{34} \\ i\kappa_{41} & i\kappa_{42} & i\kappa_{43} & 0 \end{bmatrix} \quad (4.18)$$

Onde $\kappa_{12} = \kappa_{21}$, $\kappa_{13} = \kappa_{31}$, $\kappa_{23} = \kappa_{32}$, $\kappa_{14} = \kappa_{41}$, $\kappa_{24} = \kappa_{42}$ e $\kappa_{34} = \kappa_{43}$, devido os núcleos serem idênticos.

4.8 Estimativa do coeficiente de Acoplamento com uma Fórmula Empírica.

Segundo (TEWARI; THYAGARAJAN, 1986), para um acoplador simétrico, pode-se utilizar a seguinte formulação para estimar os coeficientes de acoplamento:

$$\kappa = \frac{\pi V}{2k_0 n_0 a^2} \exp \left[- (c_0 + c_1 d + c_2 d^2) \right], \quad (4.19)$$

onde c_0 , c_1 e c_2 são constantes: $c_0 = 5.2789 - 3.663V + 0.3841V^2$, $c_1 = -0.7769 + 1.2252V - 0.0152V^2$, $c_2 = -0.0175 - 0.0064V - 0.0009V^2$, e V é um parâmetro da fibra determinado pela Equação 4.20:

$$V = k_0 a (n_1^2 - n_2^2)^{1/2}, \quad (4.20)$$

onde a é o raio, C é o diâmetro do núcleo e d é distância normalizada do centro de um núcleo para outro (λ/C), sendo ($2 \leq d \leq 4,5$). Já V deve estar dentro do limite $1,5 \leq V \leq 2,5$.

5 METODOLOGIA

Por meio de toda teoria exposta anteriormente já pode-se desenvolver o método que visa achar o dispositivo final. Assim, nesse capítulo serão determinados os passos para construção dos cálculos inseridos no algoritmo genético.

5.1 Matriz de transferência

As fibras podem possuir diversos arranjos espaciais, e cada arranjo gera uma matriz de transferência. Os arranjos podem possuir diversos núcleos e através desses arranjos é possível determinar a matriz de acoplamento. Seja A a matriz de acoplamento de um arranjo de n núcleos que pode-se decompor em um produto de matrizes de autovalores e autovetores por meio de diagonalização de matrizes. Uma matriz A diagonalizável pode ser expressa na Equação 5.1.

$$A = PDP^{-1} \quad (5.1)$$

Onde $D = D(\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n)$ é uma matriz diagonal dos autovalores da matriz A e P é a matriz de autovetores. P^{-1} é a matriz inversa da matriz de autovetores. Desse modo, pode-se determinar a matriz de transferência do arranjo. Aplicando a o método de matriz exponencial em A conforme (LEONARD, 1996). Pode-se definir a matriz de transferência T do arranjo espacial dos núcleos da fibra:

$$T = e^A = Pe^D P^{-1} \quad (5.2)$$

Além disso, pode-se reescrever e^D como uma matriz E que possui em sua diagonal principal exponenciais dos autovalores da matriz A . Assim, $E = D(e^{\lambda_1}, e^{\lambda_2}, \dots, e^{\lambda_n})$. Logo, tem-se a matriz de transferência conforme a Equação 5.3.

$$T = PEP^{-1} \quad (5.3)$$

Desse modo, aplicando as matrizes de acoplamento dos arranjos no processo de diagonalização tem-se as matrizes necessárias para realização dos cálculos e determinação da matriz de transferência.

5.2 Modulação PAM

A lógica digital descreve os sinais como 0's e 1's. O método de modulação PAM-ASK empregado representa esses sinais através de diferentes valores de amplitude, onde os valores 0's viram $1 - \varepsilon$ e os valores 1's viram $1 + \varepsilon$.

Para os arranjos triplos e quádruplos tem-se as matrizes de entrada $L(n)$, expressa nas Equações 5.4 e 5.5, onde n é a quantidade de núcleos do arranjo.

$$L(3) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \quad (5.4)$$

$$L(4) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \quad (5.5)$$

Aplicando a modulação PAM-ASK tem-se as matrizes de entrada $P(L(n))$ moduladas expressas nas Equações 5.6 e 5.7.

$$P(L(3)) = \begin{bmatrix} 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon \end{bmatrix} \quad (5.6)$$

$$P(L(4)) = \begin{bmatrix} 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon & 1 + \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 - \varepsilon \\ 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon & 1 + \varepsilon \end{bmatrix} \quad (5.7)$$

Para os cálculos de modulação, neste trabalho será utilizado $\varepsilon = 0,3$ conforme (MARTINS, 2016).

5.3 Função objetivo (FITNESS)

Para determinar a função objetivo para utilização no algoritmo genético, faz-se uma sequência de cálculos. Primeiramente determina-se a matriz de transferência do arranjo.

$$T = PEP^{-1} \quad (5.8)$$

Após calcular a matriz de transferência, calcula-se a matriz I , que apresenta a modulação PAM da tabela de entrada com n colunas, onde essas n colunas são referentes a quantidade de núcleos da fibra, Equação 5.9.

$$I = P(L(n)) \quad (5.9)$$

Os próximos cálculos são os que constroem a função de aptidão, a matriz O é a multiplicação matricial da matriz T pela matriz I transposta, equação 5.10. Devido a multiplicação matricial, a matriz O possui m colunas e n linhas, assim precisa-se transpor ela para ter uma matriz com n colunas e m linhas como mostra a Equação 5.11.

$$O = T \cdot I^T \quad (5.10)$$

$$O = O^T \quad (5.11)$$

Para realizar os cálculos da função de aptidão, deve-se destinar um alvo para ser buscado no algoritmo genético, no caso desse trabalho serão circuitos lógicos. Assim a matriz S descreverá o alvo aplicado em modulação PAM com m linhas.

$$S = P(\text{Alvo}) \quad (5.12)$$

Feitos todos esses cálculos, pode-se determinar a função de aptidão, que será uma função otimizada pelo algoritmo genético. Ao passo que o modulo da subtração de S e O chega mais perto de zero, a exponencial tende a 1. Assim, quando a matriz O for igual a matriz alvo S a função será igual a 1. Mesmo que o algoritmo genético não ache os parâmetros ideais, a função será otimizada para chegar mais perto do valor $Fitness = 1$.

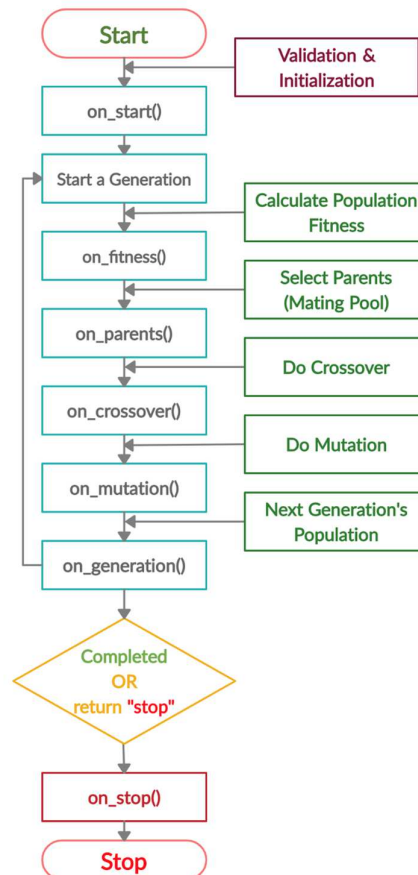
$$Fitness = e^{-|S-O|} \quad (5.13)$$

5.4 Aplicação da biblioteca Python PyGAD

O Pygad é uma biblioteca do Python desenvolvida para aplicações em algoritmos genético, ela é uma biblioteca do python 3, sendo de código aberto e fácil utilização. Assim, por meio desta biblioteca não é necessário desenvolver um AG desde o início e solucionar diversos problemas com base em funções de aptidão.

Como diversas outras bibliotecas do Python, o PyGAD está em constante desenvolvimento pela comunidade. Sua maior característica é a fácil utilização. Há vários tipos de cruzamentos, mutação e seleção de pais que a biblioteca suporta. A Figura 16, apresenta o funcionamento do PyGAD, mostrando todas as etapas que são executadas para busca de soluções.

Figura 16 – Funcionamento do PyGAD.



Fonte: (GAD, 2021)

Buscando maximizar a função de aptidão, o algoritmo inicia a primeira geração e calcula o fitness dessa população. Através desse cálculo serão selecionados os melhores pais. Esses pais passarão por operadores de crossover e mutação e com isso irão gerar uma nova população. Esse processo se repete conforme o número de gerações que foram definidas pelo programador. Ao final dessas gerações os melhores indivíduos serão a solução mais apta ao problema proposto. Caso seja um algoritmo com critério de parada, o algoritmo parará de executar quando a solução ideal for encontrada.

5.5 Relação de contraste

O algoritmo genético encontrará diversas portas lógicas, mas o que dirá se o resultado é aceitável são sinais de saída com bons contrastes, ou seja, não tão próximos de 1, que é o valor de referência na modulação PAM. Assim, o contraste medirá a qualidade desse valor de saída.

Na modulação PAM-ASK, o sinal necessita se diferenciar bastante do sinal de referência para que o valor lógico do sinal seja extraído corretamente. Desse modo, para observar esse contraste utiliza-se a medida em decibéis, conforme está explícito na equação 5.14.

$$CR = 20 \cdot \log_{10} Y \quad (5.14)$$

Assumindo $Y = 1$ como referência, para bit 1 tem-se A positivo ($Y > 1$) e contraste positivo ($CR > 0$). Já bit 0 tem-se y negativo ($Y < 1$) e contraste negativo ($CR < 0$). Assim, o sinal do contraste (positivo ou negativo) indicará bit (1 ou 0). Já o módulo de CR indicará a qualidade desse sinal. Nesse trabalho será considerado $|CR| > 0.3 \text{ db}$ como parâmetro de boa qualidade de sinal de saída (MARTINS, 2016).

6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com base na teoria desenvolvida no capítulo 5, fez-se as implementações do algoritmo determinando as funções e como será configurado o AG na linguagem de programação Python.

Em ambos os arranjos para as tabelas de entrada estudadas utilizou-se da modulação PAM-ASK com um $\varepsilon = 0,3$.

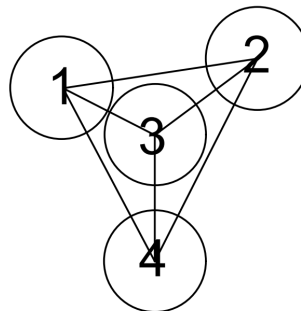
Para o arranjo quadruplo Estrela, o PyGAD foi parametrizado com base em testes e verificação dos melhores resultados em menor tempo de execução da computação evolucionária. Assim, utilizou-se 1000 gerações, a população inicial é definida pelo PyGAD utilizando os demais parâmetros, 900 soluções a serem selecionadas como pais no pool de acasalamento, 999 soluções dentro da população, 7 genes da solução, o tipo de seleção de pais “sss” (para seleção de estado estacionário), tipo de crossover “two_points” (para cruzamento de dois pontos), tipo de mutação “random” (para mutação aleatória) e uma porcentagem de mutação de 20%. Logo, obteve-se um resultado de um $Fitness = 0,9630108963762883$, com contraste (CR) para um alvo ($target$) expresso na Tabela 2. O menor contraste possui um módulo superior a $|CR| > 0,3$ dB. O sinal negativo expressa que aquele contraste é um bit 0 e os positivos descrevem bit 1, mostrando que o resultado é satisfatório conforme o alvo buscado. As distâncias entre os núcleos são normalizadas pelo diâmetro $C = 2\mu m$ e seguem a estrutura apresentada na Figura 17. As distâncias entre os núcleos normalizadas são: $d_{34} = 2,469$, $d_{32} = 2,469$, $d_{31} = 2,041$, $d_{21} = 3,852$, $d_{14} = 3,854$, $d_{42} = 4,434$.

Tabela 1 – Tabela verdade e contraste de saída para arranjo estrela. As simulações foram feitas para o núcleo de saída I_0 e target a porta lógica OR(I_0, I_1, I_2, I_3). O menor contraste que chegou mais próximo da referência (0,3dB) foi o de 0,541210 dB.

I_0	I_1	I_2	I_3	Target	CR(dB)
0	0	0	0	0	-3,521626
0	0	0	1	1	0,541210
0	0	1	0	1	0,666412
0	0	1	1	1	3,423686
0	1	0	0	1	0,470594
0	1	0	1	1	3,273358
0	1	1	0	1	3,373038
0	1	1	1	1	5,478105
1	0	0	0	1	0,754417
1	0	0	1	1	2,891257
1	0	1	0	1	2,020826
1	0	1	1	1	4,304544
1	1	0	0	1	2,846233
1	1	0	1	1	4,777367
1	1	1	0	1	4,260308
1	1	1	1	1	6,118377

Fonte: Elaborado pelo autor

Figura 17 – Arranjo quadruplo (estrela) criado a partir do AG para a porta lógica OR.



Fonte: Autor.

Para o arranjo triangular, fez-se a parametrização do PyGAD com base em testes visando o menor tempo de processamento computacional e melhores resultados. Assim, tem-se o resultado de um $Fitness = 0,9830108963762883$, com um contraste (CR) para um alvo ($target$) expressa na Tabela ???. Onde o contraste possui um módulo superior a $|CR| > 0,3 \text{ dB}$, o sinal

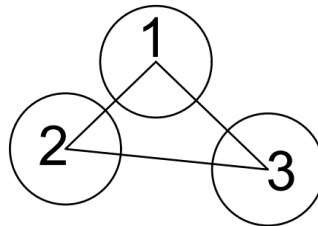
negativo expressa que aquele contraste é um bit 0 e os positivos descrevem bit 1, mostrando que o resultado é satisfatório conforme o alvo (*Target*) buscado. As distâncias entre os núcleos são normalizadas pelo diâmetro $C = 2\mu m$ e seguem a estrutura apresentada na Figura 18, e cada distancia é a referência de um núcleo para outro: $d_{12} = 2,265$, $d_{23} = 2,796$, $d_{31} = 3,66$.

Tabela 2 – Tabela verdade e contraste de saída para arranjo triangular. As simulações foram feitas para o núcleo de saída I_0 e target a porta lógica OR(I_0, I_1, I_2). O menor contraste que chegou mais próximo da referência (0,3dB) foi o de 1,02 dB.

I_0	I_1	I_2	$Target$	$CR(dB)$
0	0	0	0	-1,87
0	0	1	1	1,02
0	1	0	1	1,07
0	1	1	1	2,55
1	0	0	1	1,33
1	0	1	1	3,38
1	1	0	1	3,36
1	1	1	1	4,62

Fonte: Elaborado pelo autor

Figura 18 – Arranjo triplo (triangular) criado a partir do AG para a porta lógica OR.



Fonte: Autor.

As distâncias normalizadas em ambos os casos estão dentro do intervalo ($2 < d < 4,5$), dessa forma os núcleos não se interceptam e nem apresentam uma distância maior que 4,5 vezes o tamanho do diâmetro do núcleo. Estes arranjos nucleares de fibras de cristal fotônico achados representam a porta lógica OR em ambos os casos.

6.1 Discussão e comparação com outros trabalhos

No trabalho desenvolvido por (MARTINS *et al.*, 2022) o estudo de portas lógicas multifuncionais linear em três núcleos de fibra de cristal fotônico utiliza um arranjo triangular equilátero. O dispositivo desenvolvido se comporta como OR ou uma AND de acordo com a guia seletora conforme mostra a tabela 3. Já o presente trabalho consegue buscar e configurar o arranjo que caracteriza a porta lógica OR com um bom contraste, determinando as distâncias entre núcleos. Além disso apesar de ser triangular, não é equilátero, já que o AG busca a melhor configuração para a porta lógica buscada, calculando valores distintos de constantes de acoplamento.

Poucos trabalhos estudaram arranjos com 4 núcleos ou mais. Isso acontece pois com o aumento da quantidade de núcleos, também há um aumento na complexidade no estudo e no caso linear há um aumento no tamanho das matrizes de acoplamento. O presente trabalho buscou pela porta lógica OR em uma das 4 guias do arranjo, onde a mesma apresentou um contraste razoável. Assim, através do AG, o arranjo e as distâncias entre os núcleos foram determinadas para a melhor configuração que se comporte como a porta lógica buscada.

Tabela 3 – Tabela verdade e contraste de saída para arranjo triangular para porta lógica OR, demonstradas por (MARTINS *et al.*, 2022)

<i>Sel</i>	<i>A</i>	<i>B</i>	Y_1	$CR(dB)$
0	0	0	0	-3,7417
0	0	1	1	0,9585
0	1	0	1	0,9585
0	1	1	1	3,9914

Fonte: Martins *et al.* (2022)

7 CONCLUSÃO

Neste trabalho estudou-se aplicações da computação evolutiva, em específico o algoritmo genético, na análise e desenho de arranjos de fibras de cristal fotônico que se comportam como circuitos lógicos. Os desenhos dos arranjos desenvolvidos focam-se no arranjo quadrúplo estrela e no arranjo triplo triangular.

Estudou-se a complexidade do algoritmo genético e as possibilidades para parametrização do mesmo visando melhor aplicação. Verificou-se as formas de representação e codificação dos indivíduos, métodos de seleção, operadores genéticos, assim como a definição da função de aptidão e outros aspectos importantes que caracterizam o AG.

Foram estudadas as características da PCF e os acopladores de fibra. Assim, fez-se as verificações sobre os tipos de fibras, aspectos da não linearidade, dispersão, características dos acopladores, simetria e assimetria nos acopladores e o estudo direcionado nos acopladores de 3 e 4 núcleos.

A parametrização do algoritmo genético foi desenvolvida em Python tanto para o arranjo triplo triangular como para o arranjo quadrúplo estrela. Em ambos os casos foram aplicados 1000 gerações visando o arranjo que funciona como porta lógica OR. Como esperado, o algoritmo genético achou distâncias normalizadas (d) pelo diâmetro C que juntas formam arranjos que caracterizam a porta lógica OR.

Todos esses resultados podem ser conferidos através das tabelas verdades desenvolvidas pelo AG. A relação de contraste mostrou que os bits 0's são representados por contraste negativo e para bits 1's o contraste é positivo. Através desses resultados, e comparando a tabela verdade da porta lógica OR com os valores achados tanto no arranjo triplo como quádruplo, vemos que a relação de contraste mostra uma porta lógica OR com amplitudes maiores que 0,3 dB .

8 PERSPECTIVAS FUTURAS

Estudar diversos outros circuitos lógicos nas demais guias dos acopladores, as análises feitas até então foram desenvolvidas com somente um circuito lógico em uma única guia, logo as outras guias podem ser estudadas simultaneamente. Assim, pode-se estudar outras portas como AND, NAND, NOR, XOR e XNOR e verificar a eficiência dos circuitos criados pelos AGs no comportamento de diversas portas em um único arranjo.

REFERÊNCIAS

- FERREIRA, A.; SOBRINHO, C.; MENEZES, J.; FRAGA, W.; ROCHA, H.; JR, A. W. L.; SABÓIA, K. D.; GUIMARÃES, G.; FILHO, J.; SOMBRA, S. A performance study of an all-optical logic gate based in pam-ask. **Journal of Modern Optics**, v. 56, p. 1004–1013, 05 2009.
- GAD, A. F. **PyGAD: An Intuitive Genetic Algorithm Python Library**. 2021.
- HOLLAND, J. H. Adaptation in natural and artificial systems. **2. ed. [S.l.]: The MIT Press**, 1975.
- LACERDA E. G. M.; CARVALHO, A. C. **Sistemas inteligentes: aplicações a recursos hídricos e ciências ambientais**. Dissertação (Mestrado) — Porto Alegre, RS: Universidade/UFRGS, cap. Introdução aos Algoritmos Genéticos, p. 99–150, 1999. Disponível em: <<http://www.dca.ufrn.br/~estefane/metaheurísticas/ag.pdf>>.
- LEONARD, I. The matrix exponential. **SIAM Review**, v. 38, 09 1996.
- LOPES, H. S. Fundamentos da computação evolucionária e aplicações. **Bandeirantes,Paraná**, p. 52–106 p, 2006.
- MARTINS, F. L. B. **Estudo dos efeitos não lineares e acoplamento em fibras de cristal fotônico**. Tese (Monografia (Graduação em Engenharia Elétrica)) — Universidade Federal do Ceará, Campus Mucambinho, Sobral, 2016.
- MARTINS, F. L. B.; RODRIGUES, J. P. T.; NASCIMENTO, J. C. All-optical digital multiplexer/demultiplexer in a linear three-core fiber device. **Appl. Opt.**, Optica Publishing Group, v. 61, n. 28, p. 8515–8521, Oct 2022. Disponível em: <<https://opg.optica.org/ao/abstract.cfm?URI=ao-61-28-8515>>.
- MENEZES, J. W. M. Implementação de portas lógicas ópticas com acoplador direcional não linear triplo planar simétrico de fibras Ópticas. **Dissertação submetida à Coordenação do Curso de Pós-Graduação em Física**, 2006.
- OBITKO, M. **Introduction to Genetic Algorithms**. 1998. Disponível em: <<http://obitko.com/tutorials/genetic-algorithms>>.
- POLI, F.; CUCINOTTA, A.; STEFANO, S.; BOUK, A. Tailoring of flattened dispersion in highly nonlinear photonic crystal fibers. **Photonics Technology Letters, IEEE**, v. 16, p. 1065 – 1067, 05 2004.
- TANOMARU, J. Motivação, fundamentos e aplicações de algoritmos genéticos. **Anais do II Congresso Brasileiro de Redes Neurais**, 1995.
- TEWARI, R.; THYAGARAJAN, K. Analysis of tunable single-mode fiber directional couplers using simple and accurate relations. **Lightwave Technology, Journal of**, v. 4, p. 386 – 390, 05 1986.
- ZOGRAFOPOULOS, D. C. e. a. Guided-wave liquid-crystal photonics. **Lab on a chip**, v. 12, n. 19, p. 3598–3610, 2012.