

## **Wstępne badania możliwości stosowania algorytmów genetycznych do optymalizowania struktury kodu wewnątrzimpulsowego sygnału radarowego**

**Wacław BEJTAN<sup>1</sup>**

**STRESZCZENIE:** W pracy przedstawiono metodę poprawiania jakości radiolokacyjnych sygnałów sondujących z kodowaniem wewnątrz impulsowym opartą na algorytmach genetycznych. Jako kryterium jakości sygnału przyjęto różnicę wartości listka głównego i wartości listków bocznych uzyskanych w sygnale po przejściu przez filtr dopasowany. Do obliczenia wartości funkcji kryterium oraz zaprezentowania wyników obliczeń wykorzystano pakiet oprogramowania „MatLab”.

### **1. Wprowadzenie**

Rozwój techniki radiolokacyjnej i rosnące wymagania w stosunku do jakości informacji otrzymywanych z rozpoznania radiolokacyjnego spowodowały, że dotychczasowe metody wytwarzania impulsów sondujących stacji radiolokacyjnych nie w pełni odpowiadają parametrom wymaganych przez użytkowników stacji radiolokacyjnych. Nie bez znaczenia jest również fakt, że proste metody generowania impulsów sondujących są łatwe do rozpoznania radioelektronicznego i tym samym mało odporne na zakłócenia. Ponadto stosowane w starszych rozwiązaniach urządzeń radiolokacyjnych generatory wykorzystujące magnetrony, nie zapewniały pracy w warunkach pełnej koherentności.

Rozwój nowych technologii spowodował, że współczesne rozwiązania stosowane przy generowaniu impulsów sondujących polegają na „składaniu” całej jego struktury z fragmentów fali ciągłej o różnej fazie początkowej. W wyniku takiego składania otrzymuje się sygnały o złożonych konstrukcjach wewnętrznych i ściśle określonym czasie trwania. Zastosowanie w urządzeniu radiolokacyjnym złożonych sygnałów z wewnątrz

---

<sup>1</sup> Wydział Cybernetyki, WAT, ul Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa.

impulsową manipulacją fazy poprawia potencjał energetyczny radaru poprzez wydłużenie czasu trwania impulsu sondującego, zwiększa jego rozróżnialność zarówno w odległości (po przejściu sygnału przez filtr dopasowany otrzymujemy impuls o krótkim czasie trwania) oraz prędkości radialnej. Zwiększa się też odporność na rozpoznanie (zakodowana postać sygnału), jak i ewentualne zakłócanie (poszerzenie szerokości pasma sygnału). Nowoczesne rozwiązania jakie zapewnia technika cyfrowa umożliwiają szybkie, w zależności od sytuacji, zmienianie wewnętrznej konstrukcji tych sygnałów, dopasowujące ich właściwości do potrzeb realizowanego zadania. Zapewnia ponadto możliwość budowania uniwersalnych układów generacji i kompresji sygnałów, pracujących w czasie rzeczywistym.

## **2. Generowanie złożonych sygnałów z kodowaniem wewnątrzimpulsowym dla potrzeb urządzeń radiolokacyjnych**

Wydłużenie czasu trwania impulsu sondującego powoduje wprawdzie, że obiekt obserwowany przez radar jest opromieniowany sygnałem o większej energii, ale odbywa się to kosztem pogorszenia rozróżnialności w odległości. Ponadto emisja tego sygnału na jednej częstotliwości (w przypadku prostych sygnałów) powoduje, że staje się on łatwy do wykrycia i ewentualnego zakłócenia. Niedogodność ta spowodowała, że zrodziła się potrzeba takiego skonstruowania sygnału, by zapewnić odpowiednią rozróżnialność w odległości i zwiększoną odporność na zakłócenia celowe.

Osobnym zagadnieniem, które stale towarzyszy pracy urządzeń radiolokacyjnych, jest możliwość wykrywania obiektów będących w ruchu, których echo jest zniekształcone przez efekt przesunięcia częstotliwości na skutek występowania zjawiska Dopplera. Dobrym przykładem wytworzenia sygnału sondującego o zwiększonej odporności na zakłócenia jest metoda z liniową modulacją częstotliwości. Sygnał z liniową modulacją częstotliwością otrzymywany z wykorzystaniem linii dyspersyjnych charakteryzuje się dobrym odstępem pomiędzy wielkością listka głównego, a poziomem listków bocznych. Dodatkowo przesunięcie sygnału w częstotliwości wynikające ze zjawiska Dopplera nie powoduje w zakresie przewidywanych prędkości radialnych obiektu istotnego spadku mocy listka głównego. Metoda ta, ze względu na ograniczone możliwości linii dyspersyjnych, nie zapewnia warunków do generowania sygnałów o dowolnej długości. Nowoczesne technologie stosowane w technice cyfrowej umożliwiają sprzętową realizację

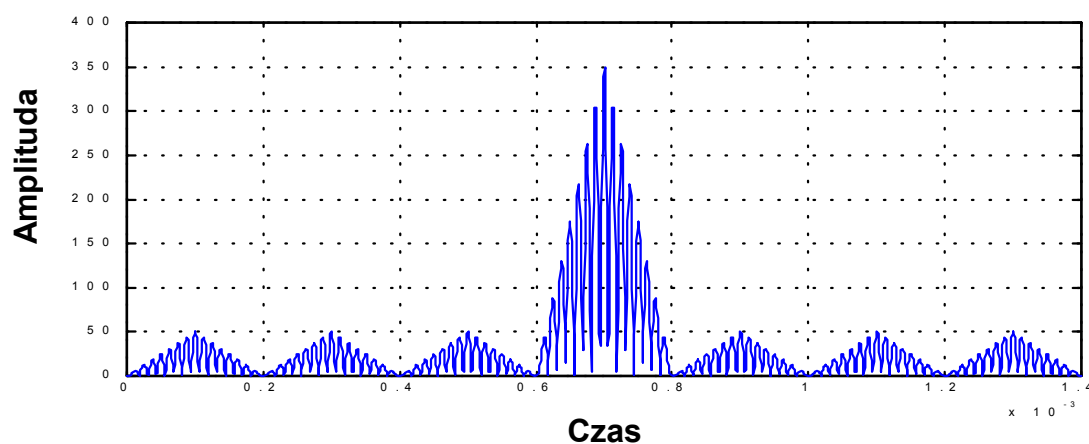
generatorów sygnałów sondujących zdolnych do wytworzenia w czasie rzeczywistym impulsów o złożonej strukturze wewnętrznej.

W sygnałach tych można zrealizować złożone kodowanie fazowe zapewniające uzyskanie parametrów odpowiednich do potrzeb. Ze względu na rodzaj kodowania można podzielić je na dwie zasadnicze grupy:

- sygnały bifazowe (złożone z elementów, w których wartości początkowe fazy sygnałów są różne i przesunięte względem siebie o  $180^0$ ),
- sygnały polifazowe (złożone z elementów, w których występują więcej niż dwie, różne, wartości początkowe fazy sygnałów składowych).

Modulacja bifazowa szeroko analizowana w dostępnej literaturze umożliwia generowanie złożonych sygnałów z wewnętrzną manipulacją fazy. Do grupy tych sygnałów (znanych z opisów) zaliczamy kody optymalne (z charakterystyczną grupą kodów Barkera) oraz kody maksymalnej długości, często nazywane również pseudolosowymi (ze względu na sposób ich składania). Słaba odporność tych sygnałów na efekt zjawiska Dopplera sprawia, że nie znalazły one szerszego zastosowania w technice radiolokacyjnej.

Rysunek 1. przedstawia funkcję autokorelacji siedmioelementowego kodu Barkera. Zwraca uwagę stały jednostkowy poziom listków bocznych, pożądanym w sygnałach sondujących po filtrze dopasowanym. Właściwość taką posiadają tylko kody Barkera (wyselekcjonowano ich dziewięć), inne kody optymalne są dobierane tak aby przy określonej długości kodu poziom listków bocznych po filtrze dopasowanym był minimalny.



Rys. 1. Funkcja autokorelacji siedmioelementowego kodu Barkera

Modulacja polifazowa umożliwia generowanie sygnałów o złożonej konstrukcji wewnętrznej opierającej się na wykorzystaniu elementów w których występuje więcej niż dwie wartości początkowe przesunięcia fazy sygnałów składowych. Przykładowa konstrukcja tych sygnałów, szeroko opisywana w literaturze [3] [1] [5], może być wykonana w oparciu o elementy macierzy Franka. Analiza charakterystyk sygnałów wygenerowanych na podstawie tej macierzy nie jest w pełni zadowalająca. Wpływ przesunięcia dopplerowskiego na wyjściowy sygnał po filtrze dopasowanym oraz wrażliwość na tzw. ograniczenie pasma w obwodach wejściowych odbiornika jest przyczyną ograniczeń w zastosowaniu tak skonstruowanego kodu. W procesie dalszego modyfikowania elementów macierzy Franka zbudowano nowe ciągi kodowe znane z literatury pod nazwą P-kodów.[3].

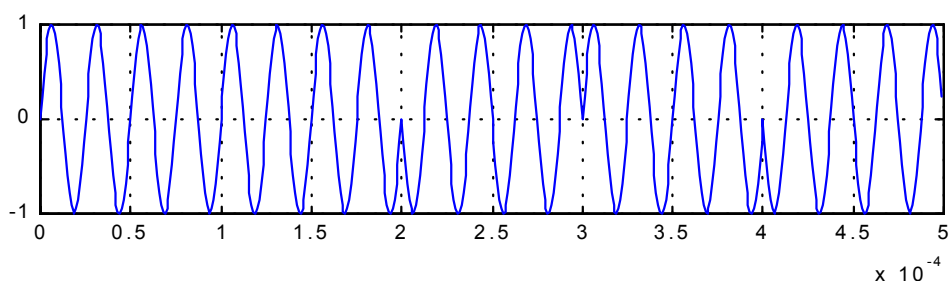
### **3. Wykorzystanie algorytmów genetycznych do poprawiania jakości sygnałów sondujących z kodowaniem wewnątrz impulsowym**

Kryterium jakości za pomocą jakiego może być oceniany badany sygnał sondujący zależy od wymagań, jakie są postawione dla urządzenia radarowego. Konstruując sygnał sondujący można go optymalizować pod względem parametrów takich jak:

- rozróżnialności i dokładności pomiarów odległości i prędkości radialnej,
- dopuszczalny poziom listków bocznych,
- wymagane pokrycie zakresu częstotliwości dopplerowskich,
- odporność na rozpoznanie i ewentualne zakłócenia pracy,
- wymagana charakterystyka zasięgowa,
- skuteczność tłumienia zakłóceń.

Analizując powyższe wymagania, trudno jest określić, które sygnały sondujące spełniają te wymagania. Należy przyjąć, że nie ma rozwiązań idealnych, spełniających wszystkie oczekiwania w sposób bardzo dobry czy nawet dobry. Mając określone kryterium, według którego będą dobierane sygnały sondujące, możemy wybrać te, których parametry są w konkretnych warunkach najlepsze. Realizację tego zadania można przeprowadzić wykorzystując metody poszukiwania najlepszych jakościowo rozwiązań oparte na algorytmach genetycznych. Charakteryzują się one tym, że nie przetwarzają bezpośrednio zmiennych decyzyjnych, a jedynie ich postać zakodowaną (ciągi kodowe).[4]. Do wyznaczenia jakości osiągniętego rozwiązania wykorzystuje się jedynie

wartość funkcji dopasowania (zwanej też funkcją celu, kryterium) bez potrzeby wyznaczania dodatkowych parametrów, których określenie jest często żmudne i pracochłonne. Poszukiwanie rozwiązań rozpoczyna się jednocześnie w wielu punktach startowych, wyznaczonych przez ciągi kodowe populacji początkowej (inicjującej). Takie podejście (start z wielu punktów przestrzeni poszukiwań) zwiększa szanse odnalezienia rozwiązań z otoczenia ekstremum globalnego przy jednoczesnym ograniczeniu możliwości „utknięcia” w ekstremum lokalnym. Analizując wewnętrzną strukturę sygnałów sondujących, w łatwy sposób możemy przełożyć „tę ich wewnętrzną strukturę” na binarne ciągi kodowe. Procedurę tę zilustrowano na przykładzie pięcioelementowego ciągu bifazowego (Rys.2).



Faza sygnału:	$0^0$	$0^0$	$180^0$	$0^0$	$180^0$
Reprezentacja binarna:	0	0	1	0	1

**Rys. 2. Przykładowy sposób przekształcenia pięcioelementowego sygnału bifazowego w ciąg binarny**

Otrzymany ciąg binarny odwzorowujący wewnętrzną konstrukcję sygnału sondującego ma postać:

( 0 0 1 0 1 )

Stanowi on reprezentację zmiennej decyzyjnej i w pojęciu algorytmów genetycznych nazywa się chromosomem, a pojedynczy jego element, przyjmujący wartość 0 lub 1, genem.

Na takich binarnych ciągach kodowych (chromosomach) można przeprowadzać podstawowe operacje algorytmów genetycznych, mianowicie:

- selekcję,
- krzyżowanie,
- reprodukcję,

- mutację.

Przy realizacji algorytmów genetycznych nie zachodzi konieczność korzystania ze wszystkich tych operacji jednocześnie. Dobór operatorów genetycznych zależy od przyjętych założeń i rodzaju rozwiązywanego zadania.

Posiadając tak opisane sygnały sondujące i określoną funkcję dopasowania (kryterium za pomocą którego będziemy określać jakość znajdowanych rozwiązań), możemy zdefiniować zadanie, w którym za pomocą algorytmów genetycznych będzie można poszukiwać najlepszych jakościowo rozwiązań.

#### **4. Praktyczna realizacja proponowanej metody na przykładzie wybranego ciągu kodowanego bifazowo i polifazowo**

W celu zilustrowania proponowanej metody poprawiania jakości sygnałów z kodowaniem wewnątrzimpulsowym, za pomocą algorytmów genetycznych, zaprezentowano poniżej dwa przykłady wykorzystujące osiemnastoelementowy sygnał bifazowy oraz dziewięcioelementowy sygnał o strukturze polifazowej.

Do przeprowadzenia poszukiwań lepszych jakościowo rozwiązań wybrano dwie podstawowe operacje genetyczne:

- selekcji chromosomów połączonych z reprodukcją najlepiej dopasowanych,
- krzyżowanie jednopunktowe.

Wartość dopasowania (funkcja kryterium) poszczególnych chromosomów jest określana jako różnica wartości listka głównego i wartości listków bocznych uzyskanych w sygnale po przejściu przez filtr dopasowany. W tym celu, korzystając z pakietu oprogramowania „MatLab”, napisano procedurę, która przy zadanym ciągu kodowym, realizując programowo funkcję filtru dopasowanego, oraz oblicza wartość listka głównego oraz poziom listków bocznych.

##### **Przykład 1**

W przykładzie tym posłużono się osiemnastobitowym ciągiem bifazowym, który odwzorowuje rzeczywisty sygnał w taki sposób jak zaprezentowano na rys.2. W celu rozpoczęcia procedury poszukiwania lepszych jakościowo rozwiązań, za pomocą generatora liczb losowych, wyznaczono populację inicjującą: sześć chromosomów, dla

których obliczono również wartość funkcji dopasowania i jej procentowy udział w populacji.

Tab.1.

**Tab.1. Inicjująca populacja chromosomów ciągu bifazowego**

Nr chromosomu	Chromosom	Wartość funkcji dopasowania	Procentowy udział wartości funkcji dopasowania w populacji
1	0 0 0 1 1 0 0 0 0 1 0 0 0 1 0 0 1 0	650	17,8
2	0 0 0 0 1 1 0 0 0 0 1 1 0 0 1 1 1 0	600	16,4
3	0 0 0 1 0 1 1 1 1 0 1 0 0 1 1 0 1 1 0	350	9,5
4	0 0 0 1 0 0 1 0 0 0 0 1 1 1 1 1 1 0 1	650	17,8
5	0 0 0 0 1 0 0 1 1 1 1 0 0 1 0 1 1 1 1	700	19,1
6	0 0 0 1 0 1 1 1 0 0 1 1 0 0 1 1 1 0 1	700	19,1
Sumaryczna wartość funkcji dopasowania całej populacji		3650	

Zgodnie z procedurą postępowania przyjętą przy realizacji klasycznego algorytmu genetycznego dokonano selekcji chromosomów. Wylosowano sześć liczb losowych (0,112; 0,670; 0,732; 0,447; 0,686; 0,426) na podstawie których do następnej populacji wybrano chromosomy numer: 1; 5; 5; 4; 5; 3. W wyniku tej operacji z populacji zostały usunięte chromosomy nr 2 i 6. Stan badanej populacji chromosomów po operacji selekcji i reprodukcji przedstawia Tab.2.

**Tab.2. Populacja chromosomów po operacji selekcji i reprodukcji ciągu bifazowego**

Nr chromosomu	Chromosom	Wartość funkcji dopasowania	Procentowy udział wartości funkcji dopasowania w populacji
1	0 0 0 1 1 0 0 0 0 1 0 0 0 1 0 0 1 0	650	17,3
2	0 0 0 0 1 0 0 1 1 1 1 0 0 1 0 1 1 1 1	700	18,6
3	0 0 0 0 1 0 0 1 1 1 1 0 0 1 0 1 1 1 1	700	18,6
4	0 0 0 1 0 0 1 0 0 0 0 1 1 1 1 1 1 0 1	650	17,3
5	0 0 0 0 1 0 0 1 1 1 1 0 0 1 0 1 1 1 1	700	18,6
6	0 0 0 1 0 1 1 1 1 0 1 0 0 1 1 0 1 1 0	350	9,3
Sumaryczna wartość funkcji dopasowania całej populacji		3750	

Po wykonaniu operacji selekcji i reprodukcji sumaryczna wartość funkcji dopasowania wzrosła o 100 jednostek w stosunku do populacji pierwotnej.

W kolejnym kroku za pomocą generatora liczb losowych wybrano pary chromosomów, które zostaną poddane operacji krzyżowania i wyznaczono punkty gdzie ta operacja zostanie przeprowadzona.

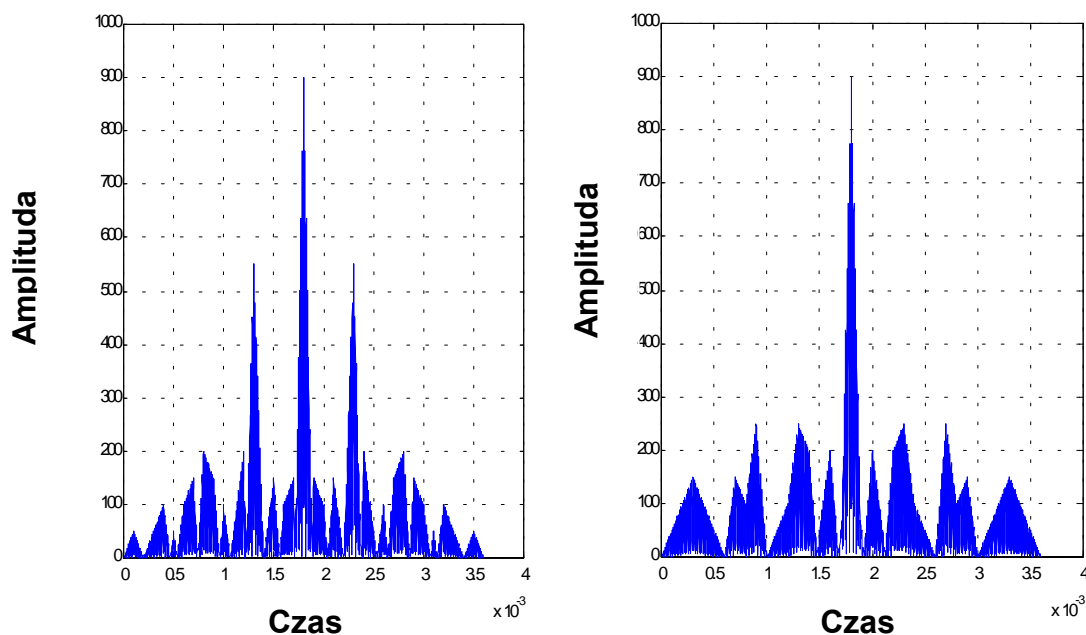
1. Krzyżowanie chromosomu nr 6 z nr 2 w punkcie 12.
2. Krzyżowanie chromosomu nr 5 z nr 4 w punkcie 4.

Następnie przeprowadzono operację krzyżowania zgodnie z przyjętą procedurą postępowania przy realizacji algorytmu genetycznego.

W wyniku wykonania powyższych operacji krzyżowania sumaryczna wartość funkcji dopasowanie wzrosła do 3900 jednostek. W stosunku do poprzedniej populacji wartości funkcji dopasowania wzrosła więc o 150 jednostek, a wartość funkcji kryterium dla najlepszego chromosomu w danej populacji wynosi 700 jednostek.

Wprawdzie nie uzyskano nowego chromosomu o lepszej wartości funkcji dopasowania niż w poprzedniej populacji, ale cała populacja stała się bardziej równomierna pod względem wartości funkcji dopasowania dla poszczególnych chromosomów.

Warto zwrócić uwagę na fakt, że w wyniku tej operacji w populacji nastąpiła modyfikacja najgorszego jakościowo chromosomu populacji (nr 6) w wyniku której uzyskano poprawę jego jakości. Proces modyfikacji chromosomu nr 6 w czasie operacji krzyżowania na podstawie wykresu funkcji autokorelacji prezentuje rysunek 3.



Rys.3. Funkcja autokorelacji chromosomu nr 6. przed skrzyżowaniem (z lewej) chromosomem nr 2 oraz po skrzyżowaniu (z prawej) z tym chromosomem

## Przykład 2

W przypadku sygnałów polifazowych można również korzystać z algorytmów genetycznych w celu poprawienia ich parametrów jakościowych. Modyfikacja zapisu



konstrukcji tego sygnału polega na opisaniu przy pomocy odpowiedniej ilości bitów poszczególnych przesunięć fazy sygnału.

Do analizy w omawianym przykładzie posłużono się dziewięcioelementowym sygnałem polifazowym, w którym występują następujące przesunięcia fazowe:  $0^0$ ;  $90^0$ ;  $180^0$ ;  $270^0$ . Chromosomem w omawianym przykładzie jest ciąg binarny o długości 18 bitów reprezentujący strukturę sygnału. Pojedynczym genem zaś dwa kolejne bity tego ciągu, które odzwierciedlają przesunięcie fazowe poszczególnych składowych badanego sygnału:

1. Gen 00 - przesunięcie sygnału  $0^0$
2. Gen 01 - przesunięcie sygnału  $90^0$
3. Gen 10 - przesunięcie sygnału  $180^0$
4. Gen 11 - przesunięcie sygnału  $270^0$

Przyjmując taki sposób odwzorowania sygnału polifazowego, można rozpocząć poszukiwanie jakościowo dobrych konstrukcji tych sygnałów od wyznaczenia populacji początkowej chromosomów. Za pomocą generatora liczb losowych wybrano sześć chromosomów, dla których wyliczono wartość funkcji dopasowania oraz procentowy jej udział w badanej populacji (Tab.3).

**Tab.3. Inicjująca populacja chromosomów sygnału polifazowego**

Nr chromosomu	Chromosom	Wartość funkcji dopasowania	Procentowy udział wartości funkcji dopasowania w populacji
1	01 01 10 01 01 00 01 10 11	310	19,0
2	01 11 01 10 00 00 01 11 00	275	16,8
3	00 10 00 00 11 00 01 10 00	195	11,9
4	11 00 11 10 10 00 11 01 11	310	19,0
5	11 10 10 01 10 11 01 11 00	250	15,3
6	01 00 01 10 01 11 11 01 11	290	17,7
Sumaryczna wartość funkcji dopasowania całej populacji		1630	

Zgodnie z procedurą postępowania przyjętą przy realizacji klasycznego algorytmu genetycznego dokonano selekcji chromosomów. Wylosowano sześć liczb losowych (0,622; 0,501; 0,356; 0,777; 0,486; 0,042) na podstawie których do następnej populacji wybrano chromosomy numer: 4; 4; 3; 5; 4; 1. Stan badanej populacji chromosomów po operacji selekcji i reprodukcji przedstawia Tab.4.

**Tab.4. Populacja chromosomów po operacji selekcji (sygnał polifazowy)**

Nr chromosomu	Chromosom	Wartość funkcji dopasowania	Procentowy udział wartości funkcji dopasowania w populacji
1	11 00 11 10 10 00 11 01 11	310	18,3
2	11 00 11 10 10 00 11 01 11	310	18,3
3	00 10 00 00 11 00 01 10 00	195	11,5
4	11 10 10 01 10 11 01 11 00	250	14,8
5	11 00 11 10 10 00 11 01 11	310	18,3
6	01 01 10 01 01 00 01 10 11	310	18,3
Sumaryczna wartość funkcji dopasowania całej populacji		1685	

W wyniku tej operacji chromosomy numer 2 i 6 (patrz Tab.2.) zostały usunięte, a sumaryczna wartość funkcji dopasowania populacji wzrosła o 55 jednostek.

Kolejnym krokiem realizacji algorytmu jest wybranie par chromosomów do krzyżowania i określenia punktu ich krzyżowania. Korzystając ponownie z generatora liczb losowych wybrano:

3. Krzyżowanie chromosomu nr 4 z nr 1 w punkcie 7.
4. Krzyżowanie chromosomu nr 3 z nr 2 w punkcie 16.

Wynik operacji krzyżowania ilustruje Tab. 5.

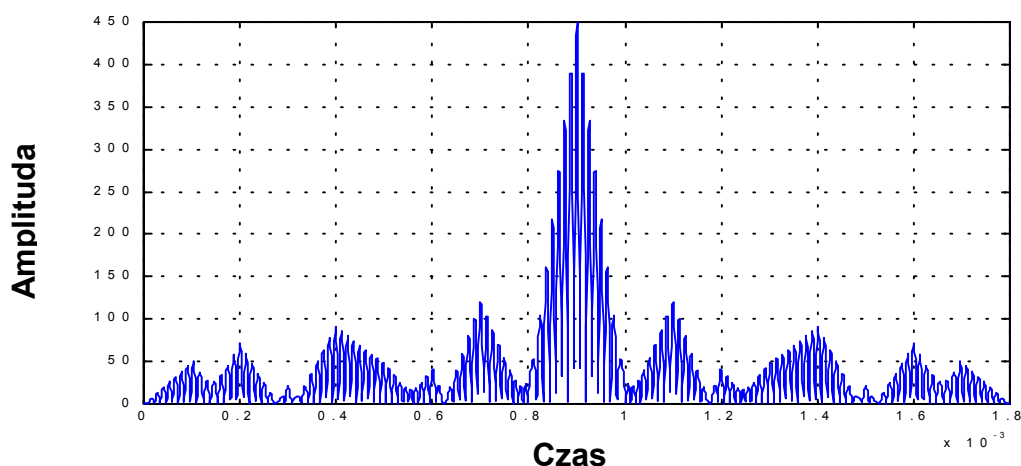
**Tab.5. Populacja chromosomów po operacji krzyżowania sygnału polifazowego**

Nr chromosomu	Chromosom	Wartość funkcji dopasowania	Procentowy udział wartości funkcji dopasowania w populacji
1	11 00 11 11 10 11 01 11 00	300	16,8
2	11 00 11 10 10 00 11 01 00	325	18,2
3	00 10 00 00 10 00 01 10 11	235	13,1
4	11 10 10 00 10 00 11 01 11	305	17,0
5	11 00 11 10 10 00 11 01 11	310	17,3
6	01 01 10 01 01 00 01 10 11	310	17,3
Sumaryczna wartość funkcji dopasowania całej populacji		1785	

Efektem przeprowadzenia operacji krzyżowania jest uzyskanie nowej populacji, której wartość (sumaryczna) funkcji dopasowania wynosi 1785 jednostek i wzrosła w stosunku do poprzedniej o 100 jednostek. Powtarzając w następnym kroku operację selekcji na podstawie wylosowanych liczb losowych (0,395; 0,183; 0,762; 0,805; 0,098; 0,276) uzyskujemy nową populację, której wartość funkcji dopasowania wzrasta do poziomu 1805 jednostek. W następnych krokach realizacji algorytmu genetycznego

przyrost wartości funkcji dopasowania nie był tak znaczący, natomiast dało się zauważyć zjawisko poprawiania jakości poszczególnych chromosomów (najgorsze zostały wyeliminowane, a różnice w wartości funkcji dopasowania poszczególnych chromosomów nie były znaczące).

Po przeprowadzeniu kolejnych siedemnastu iteracji wyselekcjonowano chromosom o wartości funkcji dopasowania równej 330 jednostek, którego funkcje autokorelacji przedstawia Rys.4. Charakteryzuje się on względnie stałym poziomem listków bocznych, oraz jednym listkiem głównym o maksymalnej amplitudzie i szerokości trwania równej czasowi trwania jednego elementu składowego kodu.



Rys.4. Funkcja autokorelacji dziewięcioelementowego kodu polifazowego wyselekcjonowanego z populacji chromosomów po 17- tej iteracji algorytmu

## 5. Wnioski

W pracy zaprezentowano metodę poprawiania jakości sygnałów sondujących, stacji radiolokacyjnych z wewnątrz impulsowym kodowaniem, wykorzystującą procedury i operacje algorytmów genetycznych. Możliwość zapisania wewnętrznej struktury kodu sygnału sondującego w sposób sformalizowany i jednoznaczny pozwala na jego dalsze analizowanie z wykorzystaniem algorytmów genetycznych. Wydłużanie czasu trwania sygnału sondującego i tworzenie jego skomplikowanej polifazowej struktury sprawia, że przestrzeń poszukiwań rozwiązań jakościowo dobrych, a tym samym użytecznych jest duża (w omawianym przykładzie istnieje 262144 rozwiązań, przy krótkim dziewięcioelementowym sygnale).

Do rozwiązania takiego zadania nadają się algorytmy genetyczne łączące elementy przeszukiwania bezpośredniego i stochastycznego. Sprawia to, że są one bardziej niezawodne niż algorytmy bezpośredniego przeszukiwania. Ważne jest również to, że zachowują one całą populację potencjalnych rozwiązań, gdy tymczasem inne metody przetwarzają tylko jeden punkt przestrzeni. Dobór odpowiednich funkcji kryterium pozwala na poszukiwanie rozwiązań jakościowo najlepszych, nie tylko ze względu na jedną cechę, ale również uwzględniających wiele interesujących nas właściwości sygnału przy odpowiednio skonstruowanym kryterium (na przykład: wartość poziomu listków bocznych i szerokość listka głównego).

## Literatura

- [1] D. K. Barton, Ch. E. Cook, P. Hamilton: *Radar Evalution Handbook*, Artech House, Inc.1991.
- [2] Z. Czekala: *Parada radarów*, Bellona 1999.
- [3] B. L. Lewis, F. F. Kretshmer, Jr. W.W. Wesley: *Aspects of Radar Signal Procesing*, Artech House, Inc. 1986.
- [4] Z. Michalewicz: *Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*, Wydawnictwo Naukowo Techniczne 1996.
- [5] F. E. Nathanson, J. P. Reilly, M. N. Cohen: *Radar Desingn Principles Signal Procesing and the Enviroment*, Mc Graw-Hill, Inc. 1991.
- [6] R. Nitzberg: *Radar Signal Processing and Adaptive Systems*, Artech House, Inc. 1999
- [7] D. Rutkowska, M. Piliński, L. Rutkowski: *Sieci neuronowe, algorytmy genetyczne i systemy rozmyte*, Wydawnictwo Naukowe PWN 1999.
- [8] M. Skolnik: *Radar Handbook*, Mc Graw-Hill, Inc. 1990.
- [9] Z. Świątnicki, R. Wantoch-Rekowski: *Sieci neuronowe w zastosowaniach wojskowych*, Bellona 1998.
- [10] J. Tsui: *Digital Techniques for Wideband Receivers*, Artech House, Inc. 1995.

Recenzent: dr inż. Tadeusz Brenner  
Praca wpłynęła do redakcji: 29.11.2000