



Université Mohamed Khider Biskra
Faculté des Sciences et de la Technologie
Département de Génie Electrique
Filière : Automatique

Option : Génie des Systèmes Industrielles

Réf:.....

Mémoire de Fin d'Etudes
En vue de l'obtention du diplôme:

MASTER

Thème

**Optimisation du seuil de détection CFAR dans un clutter
de mer K distribué en utilisant les AGs**

Présenté par :
EL KAIHEL Ali
Soutenu le : xx Juin 2014

Devant le jury composé de :

M. ZITOUNI Athmane	MCB	Président
M. ABDOU Latifa	MCA	Encadreur
Mr. ABADA Khaled	MCB	Examineur

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique et Populaire
وزارة التعليم العالي و البحث العلمي
Ministère de l'enseignement Supérieur et de la recherche scientifique



Université Mohamed Khider Biskra
Faculté des Sciences et de la Technologie
Département de Génie Electrique
Filière : Automatique
Option : Génie des systèmes industrielles

Mémoire de Fin d'Etudes
En vue de l'obtention du diplôme:

MASTER

Thème

Optimisation du seuil de détection CFAR dans un clutter de mer K
distribué en utilisant les AGs

Présenté par :
ELKAIHEL Ali

Avis favorable de l'encadreur :
M. ABDOU Latifa

Avis favorable du Président du Jury
M. ZITOUNI Athmane

Cachet et signature



Université Mohamed Khider Biskra
Faculté des Sciences et de la Technologie
Département de Génie Electrique
Filière Automatique
Option : Génie des systèmes industrielles

Thème :

Optimisation du seuil de détection CFAR dans un clutter de mer K
distribué en utilisant les AGs

Présenté par : ELKAIHEL Ali
Dirigé par : DR. ABDOU Latifa

RESUMES (Français et Arabe)

Résumé :

L'objectif de cette étude est l'optimisation du seuil de détection pour les détecteurs CA-CFAR et OS-CFAR dans un clutter de mer K-distribué homogène. Un algorithme génétique à codage réel a été utilisé vu que le problème traité est de nature réel, en supposant plusieurs situations liées à la variation du rapport signal à clutter (SCR), du nombre de cellules et aussi pour différentes valeurs du paramètre de forme v . Les résultats trouvés montrent que l'algorithme génétique présente une certaine flexibilité pour l'estimation du seuil de détection dans le cas d'un clutter de mer avec une distribution K et pour lequel les formes analytiques des différentes probabilités nécessaires à ce genre de détection ne sont pas disponibles.

Mots clés : détecteur CFAR, clutter, modèle de cible

ملخص:

الهدف من هذه الدراسة هو لتحسين عتبة الكشف عن الكاشفين CA-CFAR و OS-CFAR في فوضى البحر متجانسة توزيعية ك. تم استخدام الخوارزمية الجينية (تعتمد على الانتقاء الطبيعي) ، على افتراض العديد من الحالات ذات الصلة : تغير في إشارة إلى نسبة الفوضى (SCR)، وعدد الخلايا المرجعية وكذلك قيم مختلفة من معامل الهيئة لتوزيعية ك. أظهرت النتائج

المتحصل عليها أن الخوارزمية الجينية يوفر المرونة اللازمة لتقدير عتبة الكشف في حالة فوضى البحر التوزيعية ك حيث الأشكال التحليلية للاحتتمالات المختلفة اللازمة لهذا الكشف هي غير متوفرة.

Remerciement

Avant tout, je remercie *DIEU* qui a illuminé mon chemin et qui m'armé de courage pour achever mes études.

Au terme de cette modeste étude, je tiens à exprimer ma profonde gratitude et mes vifs remerciements à **M. ABDOU Latifa** (mon promotrice) pour le soutien, l'aide et les conseils qu'il m'a dispensé pour l'élaboration de cette présente thèse et à ma formation durant les années de spécialités.

Je remercie le président et les membres du jury qui me feront l'honneur de juger mon travail.

Je voudrais aussi remercier l'ensemble des professeurs, Un remerciement particulier à tous les travailleurs de la bibliothèque.

Un grand merci pour toutes les personnes qui ont contribuées de près ou de loin pour la réalisation de ce mémoire.

Dédicace

*Avant tout, je tien à remercies le bon dieu, et l'unique
qui m'offre*

Le courage

*Et la volonté nécessaire pour affronter les différentes
de la vie,*

Je dédie ce modeste travail

A ma mère.

A mon père.

A mes frères et ma sœur.

Surtouts HAMZA, LMNOUAR, SAMIR

A tout mes amis

*Surtouts HOUFRA MESSAOUD, AZIZ, BADRI,
HICHEM, HAMADI, HAROUN, MOURAD, NOURI*

A tout les jeunes de mon quartier

A mes collègues

*Et à tous ceux qui m'ont aidé de près ou de loin à
accomplir ce travail.*

ALJ

Liste des abréviations

RADAR	la détection et localisation à distance d'un objet.
CFAR	Systèmes à taux de fausse alarme constant (Constant False Alarm Rate)
CUT	Cellule sous test.
CA-CFAR	Cellule moyenne CFAR.
OS-CFAR	Order statistique CFAR.
Fdp	Fonction densité de probabilité.
AG	Algorithme génétique.
SNR	Rapport signal à bruit.
Pd	Probabilité de détection.
Pfa	Probabilité de fausse alarme.
P _n	Probabilité de non détection.
P _m	Probabilité de perte de détection.
α_0	Probabilité de fausse alarme désirée.
NPR	Critter de Neyman-Pearson
SER	Surface Equivalent Radar.
N	Nombre de cellule dans un détecteur.
D	Détecteur.
K	Ordre du rang choisit pour l'estimation du bruit.
T	Facteur multiplicatif.
A	Paramètre d'échelle.
V	Le paramètre de forme de la distribution K.
$\Gamma(t)$	Fonction gamma.
$K_\nu(\cdot)$	La fonction de Bessel modifié.
H ₀	Hypothèse nulle.
H ₁	Hypothèse alternative.
Fitness	Fonction objective.
P _s	la puissance réfléchiée par la cible.
P _i	la puissance illuminée par le radar.
SCR	Rapport signal-confusion.
v_k^{\max} et v_k^{\min}	Limites inférieure et supérieure d'un élément dans le chromosome.

Liste des abréviations

S_v et S_w	Les chromosomes sélectionnés par l'opérateur génétique.
$\Lambda(q)$	le rapport de vraisemblance.

Liste des figures

	Les figures	page
Fig1.1	Détecteur optimal (quadratique).....	5
Fig1.2	Effet de l'augmentation de la puissance du bruit sur la Pfa pour un seuil fixe.....	6
Fig1.3	Architecture générale de la détection adaptative CFAR.....	6
Fig1.4	Détection d'une cible.....	8
Fig1.5	Les régions de décision.....	9
Fig1.6	Le modèle Swerling I.....	13
Fig1.7	Le modèle Swerling 2.....	13
Fig1.8	Le modèle Swerling 3.....	14
Fig1.9	Le modèle Swerling 4.....	14
Fig1.10	Détecteur CA-CFAR.....	18
Fig1.11	Détecteur OS-CFAR.....	19
Fig2.1	Organigramme d'un AG standard	23
Fig 3.1	la variation de P_D en fonction du SCR pour le détecteur CA-CFAR avec $N=16$	33
Fig 3.2	P_D en fonction du SCR pour le détecteur CA-CFAR avec $v=1$	35
Fig 3.3	la variation P_D en fonction du SCR pour le détecteur OS-CFAR avec $k=12$ et $N=16$	36
Fig 3.4	la variation P_D en fonction du SCR pour le détecteur OS-CFAR avec $v=1$	36
Fig. 3.5	Comparaison entre les performances du détecteur CA-CFAR et OS-CFAR en fonction du SCR avec $N=16$ et $v=1$	36

Liste des tableaux

	Titre de tableaux	page
Tab. 3.1	valeurs optimales de T pour le détecteur CA-CFAR avec $N=16$	32
Tab. 3.2	valeurs optimales de T pour le détecteur CA-CFAR avec $v=1$	34
Tab. 3.3	Valeurs optimales de T pour le détecteur OS-CFAR avec $k=12$ et $N=16$	34
Tab. 3.4	Valeurs optimales de T pour le détecteur OS-CFAR avec $v=1$	35

Résumé

L'objectif de cette étude est l'optimisation du seuil de détection pour les détecteurs CA-CFAR et OS-CFAR dans un clutter de mer K-distribué homogène. Un algorithme génétique à codage réel a été utilisé vu que le problème traité est de nature réel, en supposant plusieurs situations liées à la variation du rapport signal à clutter (SCR), du nombre de cellules et aussi pour différentes valeurs du paramètre de forme v . Les résultats trouvés montrent que l'algorithme génétique présente une certaine flexibilité pour l'estimation du seuil de détection dans le cas d'un clutter de mer avec une distribution K et pour lequel les formes analytiques des différentes probabilités nécessaires à ce genre de détection ne sont pas disponibles.

Sommaire

Liste des Tableaux	
Liste des Figures	
Notations	
Résumé	
Introduction générale	1
Chapitre 1 : La Détection à Taux de Fausse Alarme Constant (CFAR)	
1.1. Introduction.....	4
1.2. Détecteur CFAR.....	4
1.3. Différents types de bruit	7
1.4. Théorie de la décision	8
1.5. La surface équivalente radar	12
1.6. Modèles statistiques des cibles	12
1.7. Modèles statistiques du clutter de mer.....	14
1.8. Détecteurs CA-CFAR et OS-CFAR	17
1.9. Conclusion	20
Chapitre 2 : Les algorithmes génétiques	
2.1. Introduction	22
2.2. Algorithmes Génétiques	22
2.3. Le corps principal d'une itération d'un algorithme génétique	23
2.4. Les éléments d'un algorithme génétique	24
2.5. Algorithme génétique à codage réel	26
2.6. Les inconvénients des algorithmes génétiques	28
2.7. Conclusion	29
Chapitre 3 : Analyses des résultats des simulations	
3.1. Introduction	31
3.2. Optimisation des paramètres par les algorithmes génétiques.....	31
3.3. Analyse des résultats	32
3.3. Conclusion	37
Conclusion général et perspectives	38

Sommaire

1. Introduction :

Le radar est un système électromagnétique utilisé pour détecter la présence d'objets mobiles et déterminer leur trajectoire, leur vitesse, leur point de contact le plus proche, et d'autres données, en transmettant des ondes radioélectriques. Il en extrait alors l'information nécessaire sur la cible à partir du signal échoïque.

De nos jours, ce système est devenu un élément indispensable à la mise en œuvre d'une aviation moderne. Associé à des ordinateurs électroniques qui traitent instantanément les informations reçues et les transforment pour les visualiser et les exploiter immédiatement.

Aujourd'hui, les radars recouvrent plusieurs disciplines dans des domaines variés tels que le militaire, l'aéronautique, la marine, la météorologie, ..., etc. Les échos qui apparaissent sur l'image radar ne sont pas seulement produits par la réflexion des ondes émises à partir des objets durs (bateaux, véhicules, avions, ..., etc.) mais certains échos sont produits par des obstacles indésirables (clutter) tels que, l'atmosphère, le sol, les nuages, la mer, la surface irrégulière des vagues, en particulier par la crête des vagues lorsque l'échelle radar sélectionnée est petite, ..., etc. En pratique, le signal réfléchi par un objet est noyé dans le clutter et le bruit thermique et le problème se ramène donc à la détection d'une cible dans un environnement non stationnaire.

L'objectif principal dans la détection du signal radar est donc la conception d'une structure optimale du récepteur selon certains critères qui sont déterminés par le type d'environnement de détection de la cible. En réalité, les modèles statistiques des signaux reçus ne sont pas disponibles a priori mais peuvent changer avec le temps. Dans le problème de détection des objets dans un bruit statistiquement non-stationnaire, la détection classique avec un seuil fixe ne peut être utilisée car la probabilité de fausse alarme (P_{fa}) est affectée par la puissance de celle-ci. Cependant, une nouvelle procédure de détection dite détection CFAR (Constant False Alarm Rate) adoptée dans les années soixante a été considérée comme une technique adaptative de traitement numérique des échos radar pour la détection automatique des cibles. En outre, le contrôle en temps réel du taux de fausse alarme est assuré par l'algorithme CFAR, en dépit des variations aléatoires des paramètres du clutter et/ou en présence des cibles interférentes. Dans les détecteurs CFAR, l'algorithme du seuil de détection utilise les valeurs des sorties des cellules de portée/Doppler adjacentes de la cellule sous test (CUT: Cell Under Test) pour déterminer l'estimation de la puissance du clutter qui permet à la P_{fa} d'être maintenue à une valeur désirée approximativement constante.

Plusieurs techniques de détection CFAR ont été proposées en littérature et dont la différence est liée principalement au type d'environnement de détection. Le rôle du processeur CFAR est d'estimer la puissance locale du clutter à partir des observations du signal reçu et d'engendrer ainsi le seuil qui convient le plus à l'environnement dans lequel se fait la détection. Ainsi, l'environnement de détection peut prendre plusieurs formes suivant les lois statistiques connues, parmi lesquelles la loi de distribution K. Cette dernière représente le clutter de mer mieux que les modèles statistiques Weibull et Log-normal, ce qui fait que l'analyse des performances du système de détection CFAR dans un clutter K-distribué devient intéressante dans des situations homogènes et non homogènes.

Afin d'obtenir la valeur du facteur multiplicatif qui nous permet de déterminer le seuil de détection adaptatif, plusieurs techniques peuvent être utilisées selon la situation envisagée. Cependant, dans le cas d'un clutter de mer représenté par une loi de distribution K, il est difficile voire impossible de trouver la forme analytique de la probabilité de fausse alarme qui est liée directement au facteur multiplicatif. Ainsi, nous proposons dans ce mémoire d'utiliser la méthode des algorithmes génétiques à l'optimisation du seuil de détection sans la nécessité d'une forme compacte de la P_{fa} . Les algorithmes génétiques sont des algorithmes stochastiques itératifs qui ont pour but d'obtenir en un temps relativement correct une solution approximée du problème d'optimisation supposé [1].

2. Organisation du mémoire :

Ce travail est organisé comme suit :

- Après une introduction générale, sur le problème de la détection dans les systèmes radar, nous proposons dans le chapitre 1 une introduction aux systèmes à taux de fausse alarme constant (CFAR), nous présentons les différents théorèmes de décision et les modèles statistiques des cibles et clutter. Aussi, l'analyse des détecteurs CA-CFAR et OS-CFAR dans un clutter K-distribué est proposée.
- Le chapitre 2 est consacré à une brève exposition des algorithmes génétiques (AGs) et des différents éléments qui les constituent.
- Le chapitre 3 présente les résultats obtenus par programmation MATLAB en utilisant la méthode de Monte Carlo, afin de simuler les différents tests proposés. Nous interprétons les différents graphes obtenus suivant la variation du paramètre de forme et du SCR.
- Enfin une conclusion générale est présentée.

Chapitre01

La Détection à Taux de Fausse Alarme Constant (CFAR)

- **1.1. introduction**
- **1.2. Détecteur CFAR**
- **1.3. Différents types de bruit**
- **1.4. Théorie de la décision**
- **1.5. La surface équivalente radar**
- **1.6. Modèles statistiques des cibles**
- **1.7. Modèles statistiques du clutter de mer**
- **1.8. Détecteurs CA-CFAR et OS-CFAR**
- **1.9. Conclusion**

1.1. Introduction :

Pour les problèmes de la détection du signal radar, nous devons prendre la décision de l'existence ou de l'absence des cibles grâce à l'observation du signal retourné. Le processus que le récepteur prend en choisissant une règle de décision est classé sous le nom de la théorie de la détection du signal. Dans un radar, le signal utile est toujours accompagné de bruit pour de nombreuses raisons et, en particulier, en fonction du niveau de brouillage reçu. Si le niveau du bruit présente des variations assez lentes, on peut modifier lentement le seuil pour maintenir la probabilité de fausse alarme constante, mais ceci devient très difficile lorsque les variations du niveau de bruit sont rapides. Actuellement on utilise des récepteurs (CFAR) « Constant False Alarm Rate », ce qui signifie une détection à taux de fausse alarme constante: « Taux à Fausse Alarme Constante» (TFAC) [4].

1.2. Détecteur CFAR :

Le principe de la détection classique utilisant un filtre adapté et un seuil de détection fixe, représenté par la **Fig.1.1** ne peut être appliqué. En effet, une légère variation de 3db dans la densité de puissance du bruit parasite total (bruit thermique plus clutter) provoque l'augmentation de la probabilité de fausse alarme de consigne d'un facteur de l'ordre de 10^{-4} comme c'est illustré sur la **Fig.1.2**. Cette augmentation indésirable du taux de fausse alarme peut causer la saturation de l'opérateur, humain soit-il ou ordinateur. Cette remarque est à la base des méthodes adaptatives pour analyser et perfectionner la détection radar. L'idée, pour contourner les limitations du seuil fixe, est de prendre un seuil de détection adaptatif, c'est-à-dire variant proportionnellement avec la puissance du bruit. Les dispositifs utilisant cette solution sont appelés les détecteurs CFAR. Afin de bien cerner l'apport des détecteurs CFAR en termes de qualité de détection, nous nous proposons de ce qui suit de donner plus de détails sur l'algorithme CFAR et les différents détecteurs liés à ce type de détection. Les algorithmes de détection basés sur la technique CFAR sont utilisés pour détecter des cibles noyées dans des signaux parasites, dont les puissances sont inconnues. Le détecteur CFAR comme présenté sur la **Fig.1.3** est le processus par lequel une cible est déclarée présente dans la cellule test tout en maintenant un taux de fausse alarme constant et très faible. Enfin, la décision est prise en comparant la sortie de chaque cellule sous test (CUT : Cell Under Test) à un seuil adaptatif dont sa valeur est le produit entre le test statique q , qui représente l'estimation de la puissance du clutter obtenue à partir des échantillons $:q_1, q_2, q_3, \dots, q_N$ dans la fenêtre de référence et

un facteur d'échelle T qui est choisi d'une manière à assurer une probabilité de fausse alarme P_{FA} désirée. Le contenu de chaque cellule est obtenu en échantillonnant le signal reçu de la sortie du détecteur quadratique et en le passant dans un registre à retard formé par un ensemble de cellules de référence. Pour simplifier la présentation, nous prenons les cellules de portée pour une fréquence doppler spécifique [2].

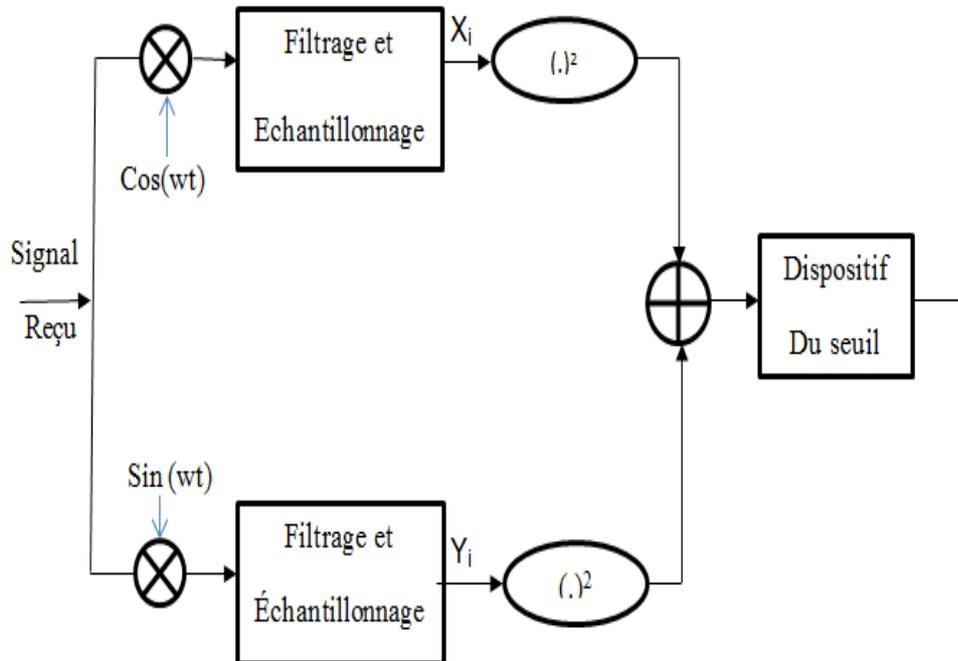


Fig.1.1: Détecteur optimal (quadratique)

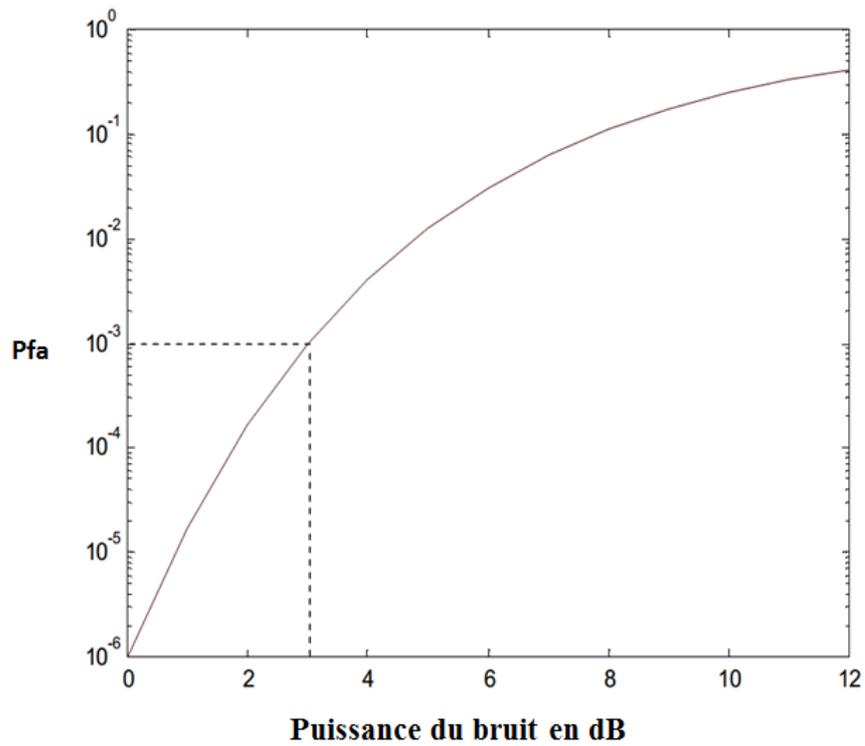


Fig. 1.2 : Effet de l'augmentation de la puissance du bruit sur la Pfa pour un seuil fixe.

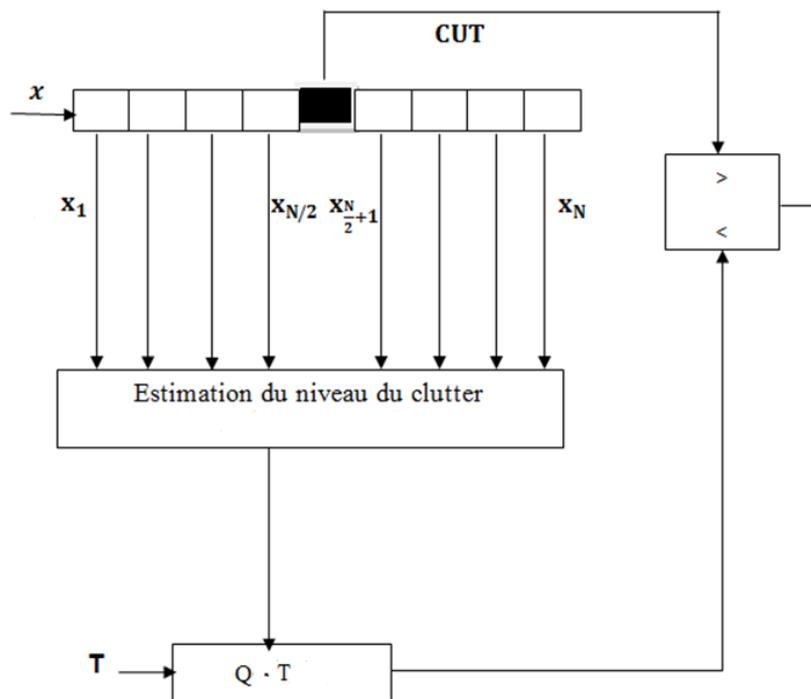


Fig.1.3 : Architecture générale de la détection adaptative CFAR

1.3. Différents types de bruit :

Il existe de nombreuses sources de signaux indésirables que les radars doivent pouvoir ignorer plus ou moins, afin de se focaliser uniquement sur les cibles d'intérêt. Ces signaux peuvent avoir des origines passives et actives, internes (bruit thermique) et externes (cibles interférentes et/ou fouillis (clutter)). En général, la puissance du clutter est beaucoup plus élevée que celle du bruit thermique.

La capacité d'un radar à surmonter ces nuisances définit son rapport signal sur bruit (SNR). Plus le SNR est grand, plus le radar peut séparer efficacement une cible des signaux parasites [5].

1.3.1. Bruit thermique :

Le bruit thermique est une source interne de variations aléatoires du signal, que tous les composants électroniques génèrent de façon inhérente à différents degrés. Il apparaît typiquement comme constitué de variations aléatoires superposées au signal d'écho reçu par le radar, lequel est celui qu'on recherche. Plus la puissance du signal désiré est faible, plus il est difficile de le discerner du bruit thermique. Ainsi, les sources de bruit thermique les plus indésirables apparaissent au niveau du récepteur et beaucoup d'efforts sont faits pour minimiser ces facteurs. Le facteur de bruit est une mesure du bruit produit par un récepteur comparé à celui produit par un récepteur idéal, ce rapport doit être minimal. Dans le cas des radars modernes, grâce aux hautes performances de leurs récepteurs, le bruit interne est inférieur ou égal au bruit de l'environnement extérieur, sauf si le radar est pointé vers un ciel dégagé, auquel cas l'environnement est si froid qu'il génère très peu de bruit thermique [5].

1.3.2 Fouillis (clutter) :

Nous pouvons classer les clutter en deux grandes catégories. Les clutter de surface qui peuvent représenter les échos de la mer et de la terre et les clutter de volume qui sont généralement liés aux phénomènes météorologiques. Ces deux types de clutter sont tels que le rapport du signal sur clutter (Signal to Clutter Ratio: SCR) est très grand par rapport au rapport signal sur bruit (Signal to Noise Ratio: SNR). La présence des interférences induit, quant à elle, un rapport signal à interférence (Signal to Interference Ratio: SIR) beaucoup plus grand que le SNR [5].

1.4. Théorie de la décision : La détection est l'opération qui consiste à prendre une décision sur la présence ou l'absence d'une cible en comparant le signal reçu à un certain seuil dépendant de la fausse alarme désirée.

- Si le signal utile dépasse le seuil, la cible est détectée.
- Si le bruit dépasse le seuil en absence du signal écho, on dit que c'est une fausse alarme.

La probabilité de fausse alarme est inversement proportionnelle au seuil de détection. Donc si le seuil est trop élevé, les cibles peuvent ne pas être détectées, et s'il est trop bas la probabilité de fausse alarme augmente comme il est indiqué sur la **Fig.1.4**.

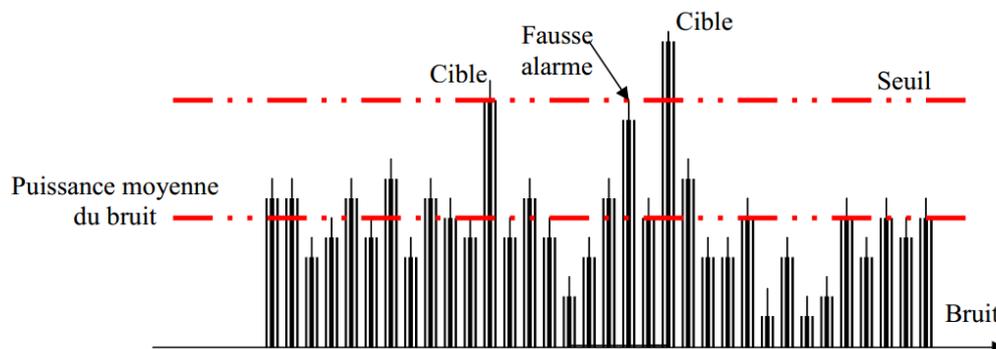


Fig. 1.4 : Détection d'une cible.

Tout cela peut être formulé en termes de tests d'hypothèses statistiques qu'on appellera hypothèse nulle H_0 où la cible est déclarée absente, c'est-à-dire que le signal reçu ne dépasse pas le seuil, et l'hypothèse alternative H_1 où la cible est déclarée présente.

Chaque hypothèse correspond à une ou plusieurs observations qui sont représentées par des variables aléatoires. Basé sur les valeurs d'observation de ces variables aléatoires, l'ensemble des valeurs que la variable aléatoire X prend constitue l'espace d'observation Z . Cet espace d'observation est divisé en deux régions Z_0 et Z_1

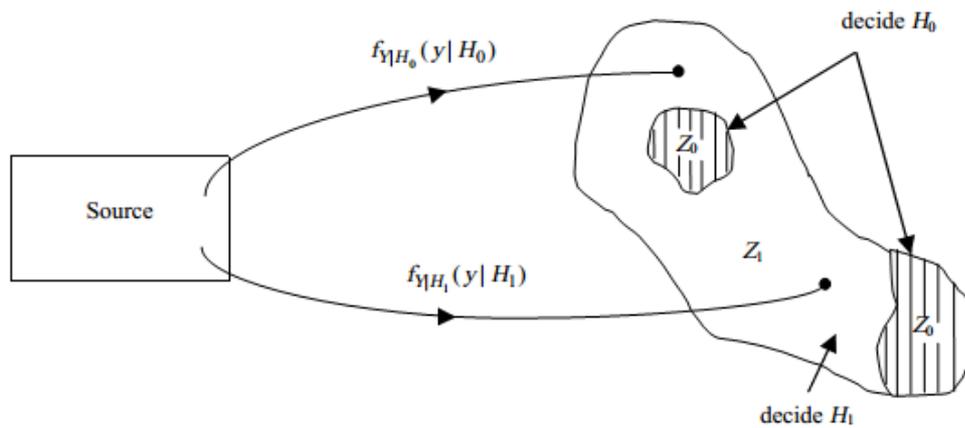


Fig. 1.5 : Les régions de décision

Les fonctions densités de probabilités de Q correspondant à chaque hypothèse sont $p_{Q/H_0}(q/H_0)$ et $p_{Y/H_1}(q/H_1)$ où y est une valeur particulière de Q .

Les deux hypothèses précédentes donnent quatre cas probabilistes possibles [6] :

- Décider H_0 quand H_0 est vrai.
- Décider H_0 quand H_1 est vrai.
- Décider H_1 quand H_0 est vrai.
- Décider H_1 quand H_1 est vrai.

L'objectif de la détection est de déterminer laquelle des deux hypothèses est la plus vraisemblable, tout en minimisant les deux erreurs suivantes :

- Décider H_0 alors que H_1 est vraie. Dans ce cas, on parle de non-détection, avec la probabilité $P(D_0/H_1) = 1 - P(D_1/H_1) = 1 - P_D$ où P_D représente la probabilité de détection;
- Décider H_1 alors que H_0 est vraie. Dans ce cas, on parle de fausse alarme, avec la probabilité $P(D_1/H_0) = 1 - P(D_0/H_0) = 1 - P_m$ où P_m représente la probabilité de non détection;

Dans la pratique, il est très difficile d'éviter totalement ces erreurs, à moins de connaître parfaitement la statistique de l'environnement du radar ainsi que la nature de la cible à détecter [4].

1.4.1. Critère de Bayes :

En utilisant le critère de Bayes, deux suppositions sont faites. Premièrement, les probabilités d'occurrence des deux décisions sont à priori connues $P(H_0)$ et $P(H_1)$. $P(H_0)$ est la probabilité d'occurrence pour l'hypothèse H_0 , et $P(H_1)$ est la probabilité d'occurrence

pour l'hypothèse H_1 . On peut noter les probabilités à priori $P(H_0)$ et $P(H_1)$ par P_0 et P_1 respectivement, avec:

$$P_0 + P_1 = 1 \quad (1.1)$$

La deuxième supposition consiste à attribuer un coût à chaque décision possible. Les conséquences d'une décision sont différentes de celles d'une autre décision. Par exemple dans le problème de la détection RADAR, les conséquences d'une non détection ne sont pas les mêmes que les conséquences d'une fausse alarme. Si nous dénotons D_0 pour décider H_0 et D_1 pour décider H_1 , nous pouvons définir C_{ij} ($i, j=0,1$), le coût associé à la décision D_i sachant que l'hypothèse H_j est vraie (D_i / H_j). C'est-à-dire, on associe à chaque comportement possible du système de décision les conditions :

$$C_{01} > C_{11} \quad (1.2)$$

$$C_{10} > C_{00} \quad (1.3)$$

Le but du critère de Bayes est de déterminer la règle de décision qui mène à un coût moyen minimum. La fonction coût de Bayes, appelée aussi fonction risque $R=E(c)$ est donnée par:

$$R=[E]=\sum_{j=0}^1 \sum_{i=0}^1 c_{ij} P(D_i, H_j) \quad (1.4)$$

A partir de la règle de Bayes :

$$P(D_i, H_j) = P(D_i, H_j) * P(H_j) \quad (1.5)$$

$$R=E(C) = C_{00} P(D_0, H_0) + C_{10} P(D_1, H_0) + C_{01} P(D_0, H_1) + C_{11} P(D_1, H_1) \quad (1.6)$$

Les probabilités conditionnelles $P(D_i / H_j)$; $i, j=0,1$ en fonction des régions d'observation sont:

$$P(D_i / H_j) = P\{\text{décider } D_i / H_j \text{ est vraie}\} = \int_{Z_i} f_{q/H_j}(q/H_j) dx \quad (1.7)$$

$$R = C_{11} P_1 + C_{10} P_0 + \int_{Z_1} [P_1 (C_{01} - C_{11}) f_{q/H_1}(q/H_1) - P_0 (C_{10} - C_{00}) f(q/H_0)] dq \quad (1.8)$$

Nous observons que la quantité $P_0C_{10}+P_1C_{11}$ est constante, indépendamment de la façon dont nous assignons les points dans l'espace d'observation. En conséquence, le risque est réduit au minimum en choisissant la région de décision Z_0 , pour inclure seulement les points de Q , pour lesquels la deuxième limite est plus grande

$$\begin{array}{c} >^{H_1} \\ \frac{f_{Q/H_1}(q/H_1)}{f_{Q/H_0}(q/H_0)} \frac{P_0(c_{10}-c_{00})}{P_1(c_{01}-c_{11})} \\ <^{H_0} \end{array} \quad (1.9)$$

$$\Lambda(q) = \frac{f_{Q/H_1}(q/H_1)}{f_{Q/H_0}(q/H_0)} \quad (1.10)$$

$$\lambda = \frac{P_0(c_{10}-c_{00})}{P_1(c_{01}-c_{11})} \quad (1.11)$$

λ : est appelé seuil de décision.

$\Lambda(q)$: est le rapport de vraisemblance.

Le critère de Bayes revient alors à comparer le rapport de vraisemblance $\Lambda(q)$ avec le seuil de décision λ [6].

1.4.2. Critère de Neyman-Pearson :

Pour construire le test de Bayes, c'est-à-dire, le coût moyen d'une décision, il faut connaître les probabilités à priori P_i qui déterminent la valeur du seuil auquel le rapport de vraisemblance est comparé. Pour beaucoup d'applications, ces valeurs ne sont pas connues, et on ne peut pas, en conséquence, appliquer l'approche Bayésienne, où encore, même si elles sont connues, le critère ajusté au problème n'est pas obtenu par des considérations de ce qui se passe pour tout l'ensemble des situations possibles. Les tests de Neyman-Pearson constituent, dans ces cas, une approche alternative. Au lieu de considérer l'occurrence de chaque hypothèse comme un phénomène aléatoire, et d'optimiser la performance moyenne, les tests de Neyman-Pearson (N-P) agissent directement sur les mesures de performance suivantes :

- $P_d = P\{\text{décider } D_1/H_1\}$
- $P_{fa} = P\{\text{décider } D_1/H_0\}$
- $P_m = P\{\text{décider } D_0/H_1\}$

P_d est appelée la probabilité de détection, P_{fa} la probabilité de fausse alarme, et P_m est la probabilité de non détection (miss). On veut, usuellement, avoir une valeur de P_d la plus grande possible, et en même temps, une valeur de P_{fa} la plus petite possible. Cependant, ces deux contraintes ne sont pas indépendantes, et sont même contradictoires: pour augmenter P_d on doit augmenter Z_1 , et pour minimiser P_{fa} on doit diminuer Z_1 . Les tests de Neyman-Pearson correspondent à maximiser la probabilité de détection, avec une contrainte fixe sur la probabilité de fausse alarme : maximiser P_d sous la contrainte P_{fa} fixe[7].

1.5. La surface équivalente radar :

La surface équivalente radar (SER ou RCS pour Radar Cross Section en anglais), est la surface effective de réflexion attribuée à chaque surface de cible (l'objet qui reflète le faisceau électromagnétique). De ce fait, c'est cette partie du signal réfléchi (écho) qui permet au radar de détecter, poursuivre et parfois identifier la cible. La SER dépend de la forme de l'objet, sa taille, la nature de son matériau, de la longueur d'onde ainsi que des angles d'incidence. La notation usuelle de la SER est σ définie par [8] :

$$\sigma = 4\pi * \left(\frac{P_s}{P_i}\right) \quad (1.12)$$

D'où :

P_s : est la puissance réfléchiée par la cible.

P_i : est la puissance illuminée par le radar.

1.6. Modèles statistiques des cibles :

La modélisation des cibles dépend du calcul du RCS de l'objet. Le moindre changement d'orientation de la cible et les vibrations qu'elle subisse provoquent le phénomène des variations du RCS appelées fluctuations. A cause des fluctuations des surfaces équivalentes des cibles observées, celles-ci sont réparties, conformément à la nature statistique des fluctuations de la cible. Généralement, la majorité des cibles radar sont fluctuantes car leurs dimensions sont plus importantes que la longueur d'onde. Cependant, seuls les cibles sphériques ou les coins de réflecteurs vus sous un angle constant sont non fluctuants. De plus, pour les cibles fluctuantes, le rapport signal sur bruit (SNR : Signal-to-Noise Ratio) est fonction du type de fluctuation. Swerling a observé et classifié les cibles selon les fluctuations en quatre modèles statistiques [9].

1.6.1. Le modèle Swerling 1:

Ce modèle caractérise une cible lentement fluctuante et dont l'amplitude de l'enveloppe q du signal réfléchi suit une loi de Rayleigh, telle que sa fonction densité de probabilité (fdp) est donnée par [8] :

$$P(\sigma) = \frac{1}{\sigma_{av}} \exp \left(-\frac{\sigma}{\sigma_{av}} \right) \sigma \geq 0 \quad (1.13)$$

D'où :

σ_{av} , est la surface équivalente radar moyenne sur toutes les fluctuations de la cible.

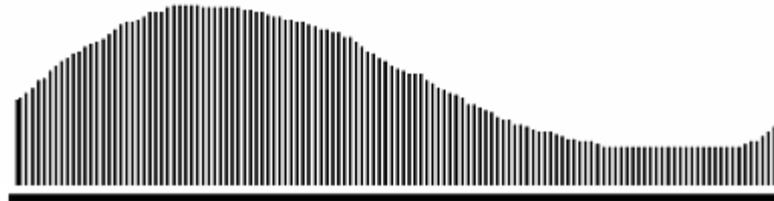


Fig. 1.6 : Le modèle Swerling I

1.6.2. Le modèle Swerling 2:

Ici, les fluctuations sont plus rapides que dans le cas 1, et sont supposées être indépendantes d'une impulsion à une autre. C'est une fluctuation d'une impulsion à impulsion, où la fonction densité de probabilité est la même que le modèle Swerling 1.

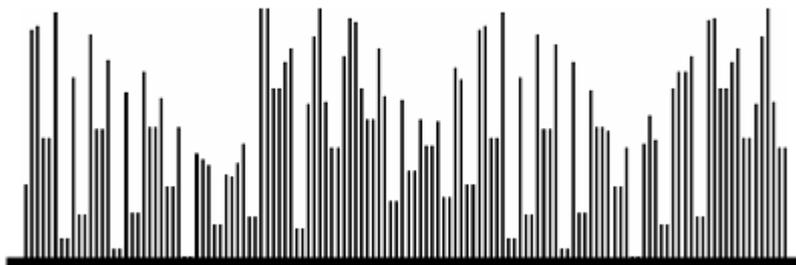


Fig. 1.7 : Le modèle Swerling 2

1.6.3. Le modèle Swerling 3 :

Les fluctuations sont indépendantes d'un scan à un scan comme pour le cas 1, mais la fonction densité de probabilité est donnée par [8] :

$$P(\sigma) = \frac{4\sigma}{\sigma_{av}^2} \exp\left(-\frac{2\sigma}{\sigma_{av}}\right) \sigma \geq 0 \quad (1.14)$$

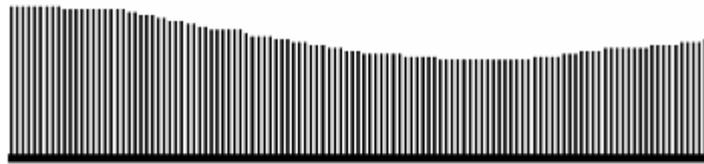


Fig. 1.8 : Le modèle Swerling 3

1.6.4. Le modèle Swerling 4 :

La fonction densité de probabilité est la même que celle du modèle Swerling 3, mais les fluctuations sont indépendantes d'une impulsion à une autre.

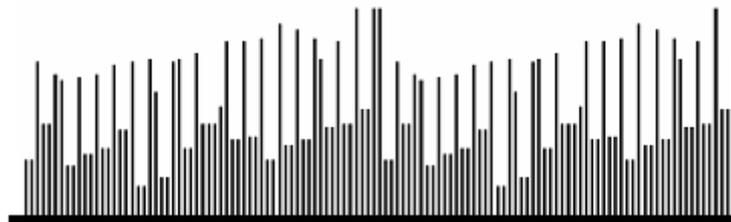


Fig1.9 : Le modèle Swerling 4

1.7. Modèles statistiques du clutter de mer :

La modélisation du clutter dépend de l'application radar en question. En effet, dans les radars à basse résolution, la largeur d'impulsion est supérieure à $0.5\mu s$. Si de plus la détection se fait à des angles d'incidence (grazing angles) supérieurs à 5 degrés, le clutter de surface peut être modélisé par une distribution Gaussienne de moyenne nulle et de variance constante (clutter uniforme). En revanche, dans certains environnements, l'utilisation d'un radar haute résolution s'avère évident (largeur d'impulsion inférieure à $0.5\mu s$). Pour ce cas, les données expérimentales correspondant à ce type de clutter ont montré qu'elles obéissent à une distribution présentant une queue plus étalée ou lourde que

celle de la Gaussienne. Conséquemment, pour détecter des cibles dans ce type de clutter, il est nécessaire de modéliser l'environnement par des distributions non-Gaussiennes. Dans la littérature radar, les modèles statistiques pouvant suppléer à l'absence d'un clutter Gaussien sont les distributions Weibull, log-normal et K [8].

1.7.1. Distribution Rayleigh

Ce modèle considère que le signal réfléchi est la somme d'un grand nombre de signaux provenant de réflecteurs élémentaires constituant la surface de la cible, ce modèle est le plus utilisé pour représenter la plupart des clutter. Le signal réfléchi suit une loi de probabilité de Rayleigh après le passage par un détecteur quadratique dont l'amplitude de la densité de probabilité de y s'écrit [10] :

$$f(q) = \frac{y}{b} \exp\left(-\frac{q^2}{2b}\right), y > 0 \quad (1.15)$$

Où :

b : paramètre d'échelle.

1.7.2. La distribution Weibull :

Le modèle de Weibull est le modèle le plus proche des données réelles, ce qui convient à modéliser le clutter de mer. La densité de probabilité d'une variable aléatoire y est donnée par [10] :

$$f(y) = \frac{c}{b} \left(\frac{q}{b}\right)^{c-1} \exp\left(-\left(\frac{q}{b}\right)^c\right); \quad q > 0, c > 0, b > 0 \quad (1.16)$$

c : paramètre de forme.

b : paramètre d'échelle.

1.7.3. La distribution Log-normale

La distribution Log-normal est donnée comme suit [6] :

$$f(q) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp\left(-\frac{\ln(q) - \ln(\mu)^2}{2\sigma^2}\right) \quad (1.17)$$

Où :

μ : est la moyenne de q .

σ^2 : est la variance.

1.7.4. Distribution K :

Le clutter de mer est bien modélisé par la distribution K. En effet, l'amplitude du clutter suit la distribution Rayleigh appelée speckle dont la variance de celle-ci suit la loi de Gamma. L'amplitude du clutter x est équivalente au produit des deux variables aléatoires Suivante [9] :

$$x = q*s \quad (1.18)$$

Où les deux composantes, s et q , représentent respectivement le speckle et le niveau moyen de la puissance du clutter appelé texture. D'où, la fdp de l'amplitude du clutter peut être déterminée par :

$$p(q) = \int_0^{\infty} p(x)p(q/x) \quad (1.19)$$

Pour un clutter de distribution K, nous avons :

$$\left\{ \begin{array}{l} p(q/x) = \frac{\pi q}{2x^2} \exp\left(\frac{\pi q^2}{2x^2}\right) \quad y > 0 \\ p(x) = \frac{2b^{2v} x^{2v-1}}{\Gamma(v)} \exp(-b^2 x^2) \quad x > 0 \end{array} \right. \quad (1.20)$$

$$p(x) = \frac{2b^{2v} x^{2v-1}}{\Gamma(v)} \exp(-b^2 x^2) \quad x > 0 \quad (1.21)$$

A partir de la distribution K, la densité de probabilité peut être calculée par :

$$p(x) = \frac{4a}{\Gamma(v)} (ax)^v K_{v-1}(2ax) \quad x > 0 \quad (1.22)$$

Où $K_v(\cdot)$ est la fonction de Bessel modifiée de deuxième espèce, $a = b\sqrt{\pi/4}$ est le paramètre d'échelle et v est le paramètre de forme. Les moments d'ordre n sont donnés par :

$$E(q^n) = \frac{1}{a^n} \frac{\Gamma(v + \frac{n}{2})}{\Gamma(v)} \Gamma\left(\frac{n}{2} + 1\right) \quad (1.23)$$

En général, La valeur de v se situe entre 0 et 1 pour un clutter pointu et l'infini pour un clutter de distribution Rayleigh. Le clutter peut être considéré comme homogène et non-homogène. La non-homogénéité est causée essentiellement par l'effet de bord de clutter et/ou par la présence des cibles interférentes [9].

1.8. Détecteurs CA-CFAR et OS-CFAR :

Les détecteurs CFAR fonctionnant dans un clutter K-distribué ont été suggérées dans la littérature. Les performances du détecteur CA-CFAR se dégradent rapidement dans un clutter de distribution non uniforme ou dans la présence de cibles interférentes. Pour cela, le détecteur OS-CFAR a été proposé pour améliorer les performances de détection où les sorties des cellules de référence sont classées par ordre croissant. La cellule qui a des valeurs importantes peut probablement contenir les interférences. La cellule ordonnée est choisie parmi l'ensemble des cellules classées pour estimer le niveau du clutter. La forme compacte des probabilités de fausse alarme et de détection est inaccessible. Donc, la méthode numérique de Monte Carlo est généralement préférable comme solution pour analyser les performances de détection CFAR en présence d'un clutter K-distribué.

Nous supposons que le paramètre de forme de la distribution K est connu à priori et que la puissance du bruit thermique est négligeable devant la puissance du clutter, une supposition qui est souvent réaliste seulement un clutter non gaussien est présent à l'entrée du détecteur d'enveloppe. Le signal reçu sous les deux hypothèses H_0 et H_1 est donné par :

$$\left\{ \begin{array}{l} H_1 : q=s+c \\ H_0 : q=c \end{array} \right. \quad (1.24)$$

$$(1.25)$$

q , s et c sont des nombres complexes représentant l'enveloppe complexe du signal reçu, le signal utile et le clutter respectivement. Dans un signal utile, la sortie du détecteur d'enveloppe $x=|y|$ est envoyée au détecteur CA-CFAR ou OS-CFAR qui suit la distribution K et il est aussi indépendant et identiquement distribué pour chaque cellule de résolution du radar. La fdp de la distribution K est donné par :

$$p(x) = \frac{4a^{v+1}}{\Gamma(v)} x^v K_{v-1}(2ax) \quad (1.26)$$

Où la variable aléatoire x est la sortie du détecteur d'enveloppe, a et v sont les paramètres d'échelle et de forme de la distribution K respectivement.

Sous l'hypothèse H_1 , le signal est ajouté au clutter et le module du nombre complexe résultant est pris. Dans ce cas la sortie du détecteur d'enveloppe est modélisée par :

$$x = |s + c|$$

$$= \sqrt{|s|^2 + |c|^2 + 2 * |s| * |c| * \cos(\theta)} \quad (1.27)$$

Où θ est l'angle entre s et c . quand les modèles Swerling 1 ou 2 sont adoptés, le module $|s|$ est de distribution Rayleigh et θ est une variable aléatoire uniforme distribuée dans l'intervalle $[0, 2\pi]$. L'expression analytique de la pdf de x ne peut être trouvée.

Le détecteur CA -CFAR est représenté sur la **Fig.1.10**. Prenant un seuil de détection adaptatif qui correspond à la moyenne des sortie des cellules de référence multiplié par un facteur α est donné par :

$$T_Q = T \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i \quad (1.28)$$

Le coefficient T_Q est indépendant de T et il est en fonction de la taille de fenêtre de référence N , du paramètre de forme v et de la valeur désirée de la probabilité de fausse alarme P_{fa} .

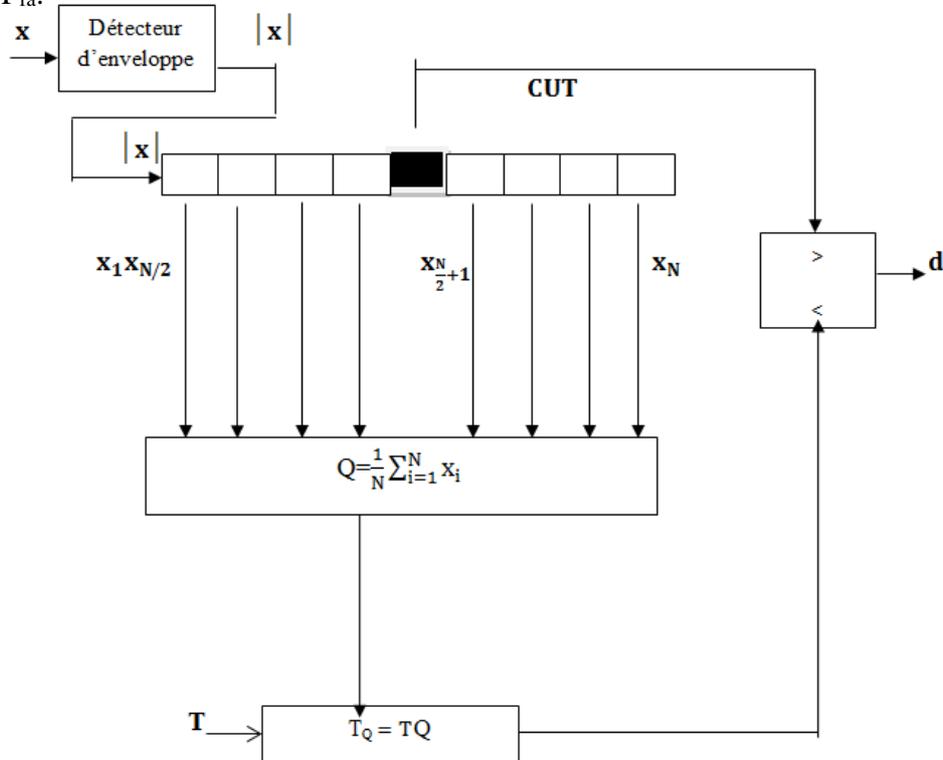


Fig1.10 : Détecteur CA-CFAR

Pour illustrer le détecteur OS-CFAR montré sur la **Fig.1.11** avec immunité contre les cibles interférentes. Les sorties des N cellules de référence doivent être classées dans un ordre croissant :

$$X_1 \leq X_2 \leq \dots \leq X_k \dots \leq X_N \quad (1.29)$$

Dans ce cas, le $k^{\text{ème}}$ échantillon ordonné x_k est choisi pour l'estimation du niveau du clutter. Le seuil de détection est obtenu par multiplication de $k^{\text{ème}}$ cellule x_k par un facteur du seuil T, alors :

$$T_Q = T x_k \quad (1.30)$$

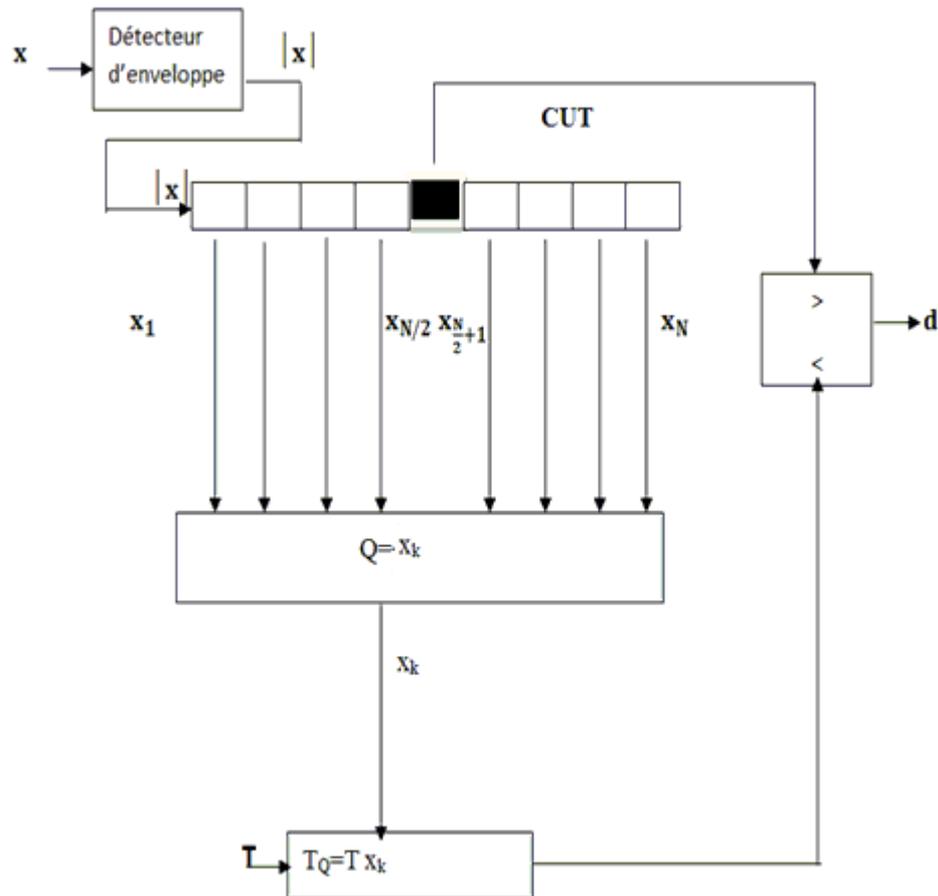


Fig.1.11: Détecteur OS-CFAR

1.9. Conclusion :

Dans ce chapitre, nous avons présenté la détection adaptative CFAR et les différents types de bruit ainsi que le théorème de décision et quelques critères, les plus utilisés dans le domaine de la détection. Aussi plusieurs modèles statistiques de cibles et de clutter ont été présentés. A la fin de ce chapitre nous avons présenté deux types de détecteurs CFAR, le CA-CFAR et l'OS-CFAR dans un clutter de distribution K.

Chapitre02

Les algorithmes génétiques

- **1.1. introduction**
- **2.2. Algorithmes Génétiques**
- **2.3. Le corps principal d'une itération d'un algorithme génétique**
- **2.4. Les éléments d'un algorithme génétique**
- **2.5. Algorithme génétique à codage réel**
- **2.6. Les inconvénients des algorithmes génétiques**
- **2.7. Conclusion**

2.1. Introduction :

Au 19^{ème} siècle, Charles Darwin observa les phénomènes naturels et fit les constatations suivantes : l'évolution n'agit pas directement sur les êtres vivants; elle opère en réalité sur les chromosomes contenus dans leur ADN. L'évolution a deux composantes: la sélection et la reproduction. La sélection garantit une reproduction plus fréquente des chromosomes les plus forts. La reproduction est la phase durant laquelle s'effectue l'évolution.

Dans les années 60s, John H. Holland expliqua comment ajouter de l'intelligence dans un programme informatique avec les croisements (échangeant le matériel génétique) et la mutation (source de la diversité génétique). Il formalisa ensuite les principes fondamentaux des algorithmes génétiques : la capacité de représentations élémentaires, comme les chaînes de bits, à coder des structures complexes. Le pouvoir de transformations élémentaires à améliorer de telles structures.

Et récemment, David E. Goldberg ajouta à la théorie des algorithmes génétiques les idées suivantes : un individu est lié à un environnement par son code d'ADN. Une solution est liée à un problème par son indice de qualité.

2.2. Algorithmes Génétiques :

Les algorithmes génétiques sont une méthode d'optimisation utile dans les cas non linéaires (évidemment, cette méthode fonctionne également pour les cas linéaires, mais dans ce cas le temps de calcul est inutilement lourd). Cette technique part du principe évolutif de la sélection naturelle de Darwin. Celle-ci énonçait que les individus les plus aptes à survivre (les meilleurs) se reproduiront plus souvent et auront plus de descendants. Ainsi, la qualité du groupe génétique de la population sera augmentée, les gènes plus efficaces deviendront plus fréquents; la population s'améliore. Selon le même principe, un algorithme génétique part d'une population de solutions initiales, qui se reproduisent (les meilleures solutions ont plus de chances de se reproduire), créant ainsi la nouvelle génération de solutions. En répétant ce cycle plusieurs fois, on obtient une population composée de solutions meilleures. On utilise généralement les algorithmes génétiques pour trouver une solution, la meilleure solution après un certain nombre de générations [11].

2.3. Le corps principal d'une itération d'un algorithme génétique :

- Évaluer la qualité (fitness) des individus et leurs chances de survie.
- Sélectionner les individus pour la reproduction et effectuer la reproduction.
- Remplacer l'ancienne population par la nouvelle.

Cette itération est répétée autant de fois que demandé. L'évaluation de la qualité (fitness) d'un individu permet d'illustrer avec une valeur numérique (et donc plus facile à manipuler) la qualité des gènes qui forment l'individu. Plus la qualité d'un individu est grande, plus ses chances d'être sélectionné pour la reproduction sont grandes. En général, on calcule les chances de reproduction d'un individu par rapport à sa qualité en relation avec la qualité totale des individus de la population.

La reproduction se fait en croisant deux individus. On applique sur les deux individus choisis des opérateurs génériques, habituellement l'enjambement (cross-over) et la mutation. La reproduction donne deux enfants, qui sont placés dans la nouvelle population. On répète la reproduction jusqu'à ce qu'on ait rempli la nouvelle population (la taille de la population devrait rester constante). On remplace alors l'ancienne population par la nouvelle, et on recommence ce processus le nombre de générations voulu [11].

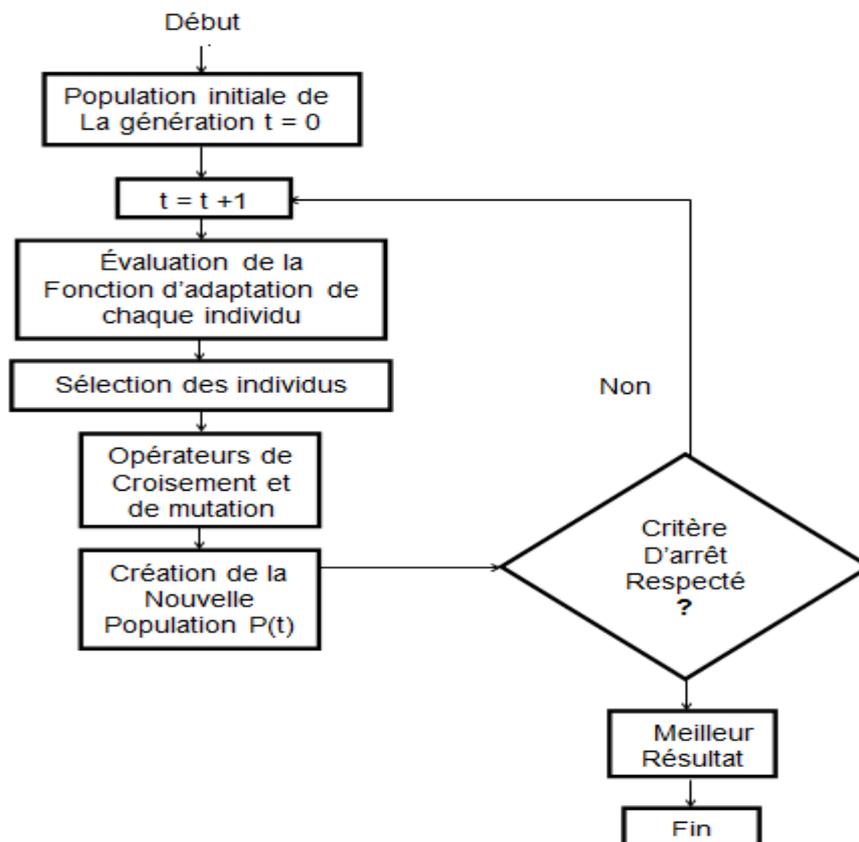


Fig. 2.1 Organigramme d'un AG standard

2.4. Les éléments d'un algorithme génétique :

2.4.1. Individu :

Les individus correspondent aux « solutions » du problème à optimiser. Ces solutions doivent être « codées » pour que le traitement puisse être effectué par l'algorithme génétique. Cette représentation codée d'une solution est appelée chromosome, et est composée de gènes. Chaque gène peut représenter une variable, un élément de la solution, ou encore une partie plus abstraite. La manière la plus utilisée de codage par algorithme génétique est le codage en vecteurs. Chaque solution est représentée par un vecteur. Ce vecteur peut être binaire ou encore de n'importe quel type discret dénombrable (entier, caractères, etc.). On pourrait également utiliser un type continu (ex : nombres réels), mais dans ce cas, il faut également revoir les opérations qui modifient le contenu des chromosomes (la fonction qui crée aléatoirement les chromosomes et les opérateurs génétiques). La simplicité veut que les chromosomes soient uniformes, c'est-à-dire que tous les gènes sont du même type. Cependant, si on tient compte encore une fois des opérations qui modifient le contenu des chromosomes, on peut assez aisément construire des vecteurs d'éléments de type différents. On demande habituellement que les chromosomes soient tous de même longueur, basés sur la même architecture, les gènes homologues étant au même endroit sur leur chromosome respectif. De ce fait, le codage par vecteur est utilisé (très grande simplicité comparée aux autres méthodes de codage de chromosome) que les algorithmes sont souvent identifiés comme étant des méthodes de traitement vectoriel. Cette affirmation n'est pas tout à fait vraie car d'autres types de codage existent, bien que n'étant pas très fréquents [11].

2.4.2. Population :

C'est l'ensemble des individus, ou encore l'ensemble des chromosomes d'une même génération. Habituellement, la taille de la population reste constante tout au long de l'algorithme génétique [11].

2.4.3. Générer :

Habituellement, au départ d'un algorithme génétique, il faut créer une population d'individus. Ces individus sont générés par une fonction simple. Cette fonction affecte à chaque individu qu'elle crée une valeur aléatoire pour chacun de ses gènes. L'algorithme génétique peut également utiliser comme population de départ une population déjà créée a priori [11].

2.4.4. Qualité 'fitness' d'un individu :

Le calcul de la qualité d'un individu est essentiel aux algorithmes génétiques. Cette fonction donne, en valeur numérique (habituellement réelle), la qualité d'un individu. C'est selon cette valeur numérique que sont calculées les chances de sélection de cet individu. La fonction de fitness doit avoir 0 comme plancher, pour ne pas fausser le calcul des pourcentages. Les algorithmes génétiques étant une technique d'optimisation, ils cherchent la qualité maximale, donc l'optimisation de la fonction de qualité. Si on cherche plutôt à minimiser une fonction, il faudra la modifier de sorte que la fonction de qualité se maximise. Il serait bien entendu possible de conserver une fonction de qualité qui fonctionne à l'envers et de modifier à la place le calcul des probabilités, mais ceci rendrait l'algorithme beaucoup plus difficile à décoder pour les utilisateurs externes [11].

2.4.5. Sélection :

Selon la qualité des individus, chacun se voit attribuer un pourcentage de chances d'être choisi pour la reproduction, qui correspond à l'importance relative de la qualité de l'individu par rapport à la qualité totale de la population [11].

2.4.6. Reproduction :

La reproduction s'effectue généralement en croisant deux individus, ce qui produit deux nouveaux individus à placer dans la nouvelle population. De la manière classique, la reproduction consiste à appliquer les opérateurs génétiques sur les deux chromosomes sélectionnés et mettre les deux chromosomes résultant dans la nouvelle population. Les deux opérateurs génétiques courants sont le croisement et la mutation. Le premier est la véritable reproduction. Chaque chromosome enfant reçoit environ la moitié des gènes de chacun de ses parents. La probabilité de croisement est généralement de 50% (effectue de cette manière un mélange plus efficace). Selon cette probabilité, on échange les gènes homologues des deux chromosomes. De cette façon, après le croisement, on obtient deux enfants qui sont complémentaires par rapport à leurs parents (si un enfant a un gène d'un tel parent, l'autre enfant tiendra ce même gène de l'autre parent). L'opérateur de mutation, bien qu'ayant une probabilité bien moindre (habituellement entre 0,5% et 5%) joue un rôle très important. Une reproduction utilisant uniquement le croisement est une méthode de hill-climbing, méthode qui est limitée par l'atteinte de maxima locaux. En effet, les gènes des enfants sont limités par les gènes des parents, et si un gène n'est pas présent dans la population initiale (ou s'il disparaît à cause des reproductions), il ne pourra jamais se

développer chez les descendants. L'opérateur de mutation est là pour contourner ce problème. Chaque gène possède une faible probabilité de muter, c'est-à-dire d'être aléatoirement remplacé par une autre incarnation de ce gène. Cette précaution permet de conserver ce qu'on appelle la diversité génétique. Habituellement, la mutation crée des individus faibles, peu aptes à survivre. Cependant, une certaine mutation pourrait se révéler « géniale » et permet d'augmenter grandement l'évolution de la population. Ces opérateurs génétiques peuvent habituellement s'accommoder de la plupart des situations sans trop de modifications. Toutefois, afin de conserver la cohérence des individus, on doit parfois modifier grandement, voire changer totalement les opérateurs génétiques. Il n'y a pas de limite quant au nombre d'opérateurs génétiques. D'une manière générale, on considère comme opérateur génétique, n'importe quelle fonction qui modifie le contenu génétique d'un ou de plusieurs chromosomes [11].

2.5. Algorithme génétique à codage réel :

La plus part des AGs utilisent les opérateurs génétiques binaires. Les AGs à codage binaire(ou à codage classique) sont moins efficaces dans le cas où ils seraient appliqués à des problèmes multidimensionnels de grande précision ou des problèmes continus. Dans ce type de codage les variables (les gènes) dans le chromosome sont en binaires (une chaînes composée des 0 et des 1) ce qui nécessite à chaque fois de décoder ces chaînes pour calculer leurs valeurs réelles avant de calculer les valeurs de la fonction coût. Cette conversion se fait alors pour chaque individu et à chaque génération menant un temps de calcul considérable. En effet, dans les AGs à codage réel, les variables réelles apparaissent directement dans le chromosome et sont exploitées par des opérateurs génétiques simples et spéciaux (expressions mathématiques). Dans ce type de codage, les opérateurs de la recombinaison génétique agissent d'une façon différente à celle de codage binaire soit [9]:

- $r \in [0,1]$ est un nombre aléatoire (suit la distribution uniforme),
- $t=0,1,2,\dots,T_g$ est le numéro de la génération.
- S_w et S_v sont les chromosomes sélectionnés par l'opérateur génétique,
- $k \in \{1,2,\dots,N\}$ est la position d'un élément dans le chromosome.
- v_k^{\max} et v_k^{\min} sont respectivement les limites inférieure et supérieure de l'élément dont la position dans le chromosome est k .

La description génétique d'un AG à codage réel peut être exécutée selon les fonctions suivantes:

2.5.1. L'opérateur de croisement :

Dans cet opérateur, les chromosomes sont sélectionnés par paires (S_w, S_v). Trois types de croisement à codage réel sont possible [2].

2.5.1.1. Le croisement arithmétique simple:

S_v^t et S_w^t sont croisés au site k . Les enfants obtenus comme résultat de ce croisement sont:

$$S_v^{t+1} = (v_1, \dots, v_k, w_{k+1}, \dots, w_N) \quad (2.1)$$

Et

$$S_w^{t+1} = (w_1, \dots, w_k, v_{k+1}, \dots, v_N) \quad (2.2)$$

Où k est choisi aléatoirement de l'ensemble $\{2, \dots, N-1\}$ [2].

2.5.1.2. Le croisement arithmétique entier: Une combinaison linéaire des deux parents

S_v^t et S_w^t résultent les enfants S_v^{t+1} et S_w^{t+1} donnés par [8] :

$$S_v^{t+1} = r \cdot S_v^t + (1 - r) S_w^t \quad (2.3)$$

Et

$$S_w^{t+1} = r \cdot S_w^t + (1 - r) S_v^t \quad (2.4)$$

2.5.1.3. Le croisement heuristique:

S_v^t et S_w^t sont combinés tel que :

$$S_v^{t+1} = S_v^t + r(S_w^t - S_v^t) \quad (2.5)$$

Et

$$S_w^{t+1} = S_w^t + r(S_v^t - S_w^t) \quad (2.6)$$

2.5.2. L'opérateur de mutation :

Dans l'opération de la mutation, un seul chromosome doit être sélectionné :

2.5.2.1. La mutation uniforme:

L'élément sélectionné aléatoirement v_k . $k=\{1,2,\dots,n\}$ est remplacé par v'_k qui est une valeur aléatoire qui appartient à l'intervalle $[v_k^{\min}, v_k^{\max}]$. Le résultat est alors le chromosome [9] :

$$S_v^{t+1}=(v_1, \dots, v'_k, \dots, v_N) \tag{2.7}$$

2.5.2.2. La mutation uniforme multiple :

Le même principe que la méthode précédente mais n variables du même chromosome sont sélectionnés aléatoirement, où n est aléatoirement choisi de l'ensemble $\{1, 2, \dots, n\}$.

2.5.2.3. La mutation Gaussienne :

Tous les éléments du chromosome sont mutés tel que :

$$S_v^{t+1}=(v'_1, \dots, v'_k, \dots, v'_N) \tag{2.8}$$

Où

$$v'_k=v_k+f_k \quad k=1, 2, \dots, N \tag{2.9}$$

Où f_k est un nombre aléatoire tiré d'une distribution gaussienne de moyenne nulle et d'une variance adaptative telle que :

$$\sigma_k=\left(\frac{T_g-t}{T_g}\right)\left(\frac{v_k^{\max}-v_k^{\max}-v_k^{\max}}{3}\right) \tag{2.10}$$

Avant la reconstitution de la nouvelle population, une contrainte doit être appliquée aux variables du chromosome après chaque opération du croisement et de mutation.

$$v_k \in [v_k^{\min}, v_k^{\max}], \quad k \in \{1, 2, \dots, N\} \tag{2.11}$$

2.6. Les inconvénients des algorithmes génétiques :

- Nécessite beaucoup de temps de calcul.
- Ils sont le plus souvent difficiles à mettre en œuvre.
- Impossible d'être assuré que la solution trouvée est la meilleure.
- Problème de convergence vers un optimum local, si celui-ci est le plus majoritaire.

2.7. Conclusion :

Dans ce chapitre, nous avons vu la méthode des algorithmes génétiques et les différents opérateurs génétiques. L'algorithme génétique correspondant à des méthodes d'optimisation, leur processus permet d'atteindre en théorie une bonne solution qui est la solution (optimale) en se basant sur le principe de l'évolution humaine.

Le calcul pour obtenir une nouvelle génération avec les algorithmes génétiques se décompose couramment en quatre parties : la sélection, le croisement, la mutation et la reproduction. A la fin de l'algorithme, une meilleure solution est engendrée.

Chapitre03

Analyse des résultats des simulations

- **1.1. introduction**
- **3.2. Optimisation des paramètres par les algorithmes génétiques**
- **3.3. Analyse des résultats**
- **3.4. Conclusion**

3.1. Introduction :

Dans ce chapitre nous proposons l'analyse et interprétation des résultats obtenus pour différentes situations de détection pour un système CFAR où la probabilité de fausse alarme doit être maintenue constante. Nous supposons dans cette étude que la cible à détecter est noyée dans un clutter de mer représenté statistiquement par une distribution K. Cependant, l'analyse des performances de la détection dans clutter K distribué n'est généralement pas facile à effectuer car l'expression analytique du test statistique est difficile à évaluer théoriquement. Pour cela, l'application d'un algorithme génétique à la détermination du seuil de détection a été proposée et testée.

Il est clair que la probabilité de détection varie en fonction du nombre de cellules de résolution N, du paramètre de forme de la distribution K et du facteur multiplicatif T. Les résultats obtenus par simulation en utilisant la technique de Monté Carlo sont présentés pour les deux types de détecteurs CA-CFAR et OS-CFAR.

3.2. Optimisation des paramètres par les algorithmes génétiques :

Afin de pouvoir trouver la valeur du seuil de détection, un algorithme génétique à codage réel est proposé, dans le sens du critère de Neyman-pearson, d'où la fonction objective (fitness) à minimiser est donnée par :

$$\text{Fitness}(T) = \text{abs}(P_d - 1) + (1/\alpha_0) \cdot \text{abs}(P_{fa} - \alpha_0) \quad (3.1)$$

Où :

T : est le facteur multiplicatif.

P_d : est la probabilité de détection.

P_{fa} : est la probabilité de fausse alarme.

α_0 : est la valeur désirée de la P_{fa} .

L'algorithme génétique à codage réel est employé pour l'optimisation du facteur T suivant les étapes :

Étape1 : produire une population initiale de chromosomes variant dans l'intervalle [0,10] et calculer les valeurs initiales de fitness.

Étape2 : Classifier les meilleures valeurs de T pour une fitness minimale

Étape3 : Sélection des individus à croiser suivant un schéma particulier. Le meilleur individu de la population est croiser avec le plus faible, le moins meilleur avec le moins

faible, ... , etc. L'individu enfant trouvé sera la moyenne arithmétique des deux parents sélectionnés, ce qui permet d'avoir une population enfant de 25 individus.

Étape4 : Remplacer la population des parents par une nouvelle génération : La nouvelle génération sera composée des meilleurs 50 individus choisis parmi les individus de la population parents plus la population enfant.

Étape5 : Revenir à l'étape 1.

Le critère d'arrêt dans ce cas est le nombre d'itérations qui a été limité à 50. A la fin la meilleure valeur de T est choisit.

3.3. Analyse des résultats :

Les performances des deux détecteurs CA-CFAR et OS-CFAR sont présentés par une simulation monté Carlo :

➤ **Cas du détecteur CA-CFAR**

Le tableau 3.1 donne les valeurs optimales de T obtenues par l'algorithme génétique et les valeurs de fitness qui leur correspondent pour une même valeur de la Pfa, suivant la variation du paramètre de forme v. Nous remarquons dans ce cas que la valeur de fitness diminue avec la diminution du paramètre v.

La variation de la probabilité de détection suivant la variation du SCR est représentée sur la figure 3.1 pour différentes valeurs du paramètre de forme v. Sur tout l'intervalle de variation du SCR la valeur la plus faible de v donne les meilleurs résultats pour la P_D . L'augmentation du nombre de cellules dans le détecteur améliore les résultats de la détection comme représenter sur le tableau 3.2 et la figure 3.2.

Tab 3.1 : valeurs optimales de T pour le détecteur CA-CFAR

Avec N=16

V	T	Fitness	Pfa
0.5	5.8887	0.0100	0.0020
1	5.2792	0.0150	0.0020
1.5	3.3571	0.0170	0.0020
3	2.2266	0.0210	0.0020

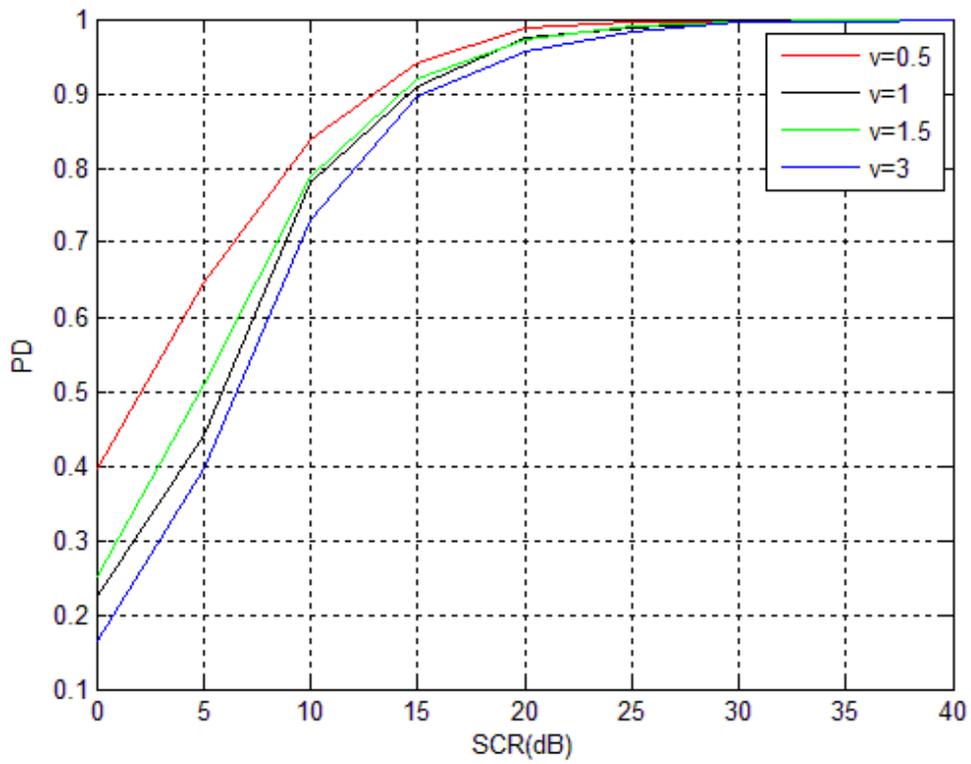


Fig. 3.1 : Variation de P_D en fonction du SCR pour le détecteur CA-CFAR Avec $N=16$

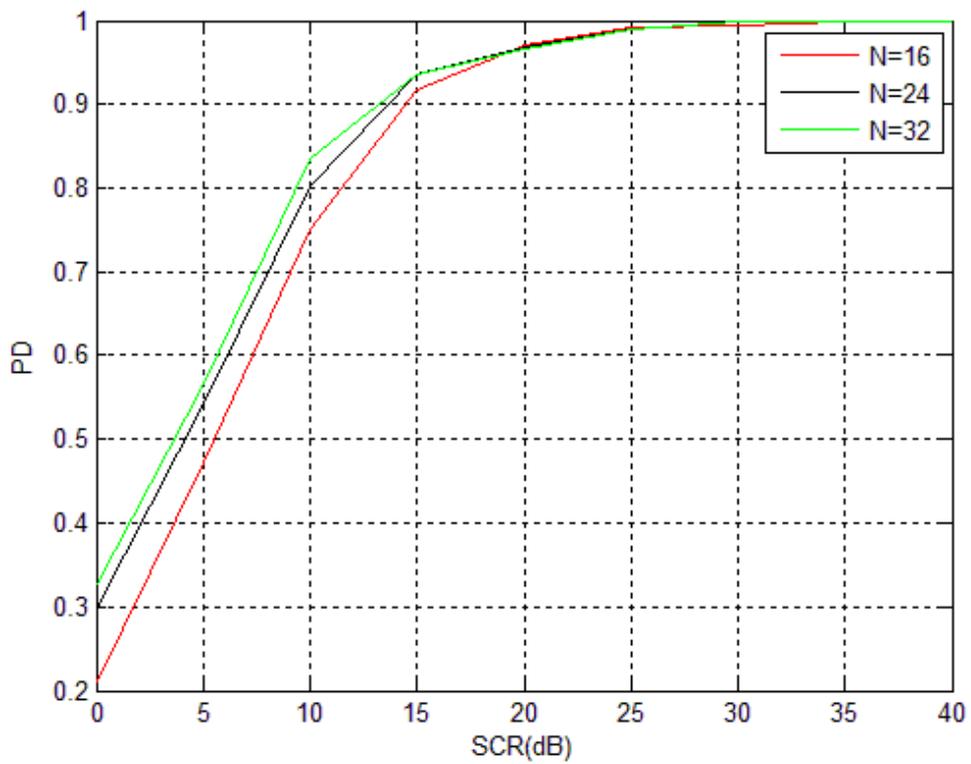


Fig. 3.2 : P_D en fonction du SCR pour le détecteur CA-CFAR Avec $v=1$

Tab 3.2 : valeurs optimales de T pour le détecteur CA-CFAR
Avec $v=1$

N	T	Fitness	Pfa
16	5.2792	0.0150	1.0000e-003
24	4.1076	0.0120	1.0000e-003
32	3.8151	0.0150	1.0000e-003

Nous constatons, pour les résultats trouvés dans le cas du détecteur CA-CFAR que la probabilité de détection augmente lorsque le SCR de la cible augmente jusqu'à ce qu'il atteigne une valeur de 40dB où l'augmentation devient moins efficace. L'augmentation de nombre des cellules N cause également une augmentation de la probabilité de détection P_D et donc permet d'améliorer la détection.

➤ **Cas du détecteur OS-CFAR**

Différemment du détecteur CA-CFAR, les performances du détecteur OS-CFAR sont liées aux deux paramètres v et k , choisi égale à $3*N/4$. L'augmentation de nombre des cellules N et du SCR cause une augmentation de la probabilité de détection P_D .

Comme pour le cas du CA-CFAR, le tableau 3.3 et la figure 3.3 montrent que l'augmentation du paramètre v augmente la valeur de fitness. Ainsi une faible valeur de v donne les meilleures valeurs de la P_D .

Tab 3.3 : Valeurs optimales de T pour le détecteur OS-CFAR
Avec $k=12$ et $N=16$

V	T	Fitness	Pfa
0.5	6.3273	0.0110	1.0000e-003
1	4.6037	0.0170	1.0000e-003
1.5	2.7713	0.0190	1.0000e-003
3	2.4803	0.0350	1.0000e-003

A partir des résultats trouvés, on peut conclure que l'augmentation de nombre des cellules N fait améliorer la qualité d'estimation du niveau du clutter pour les deux détecteurs CA-CFAR et OS –CFAR ce qui rend la probabilité de détection meilleure.

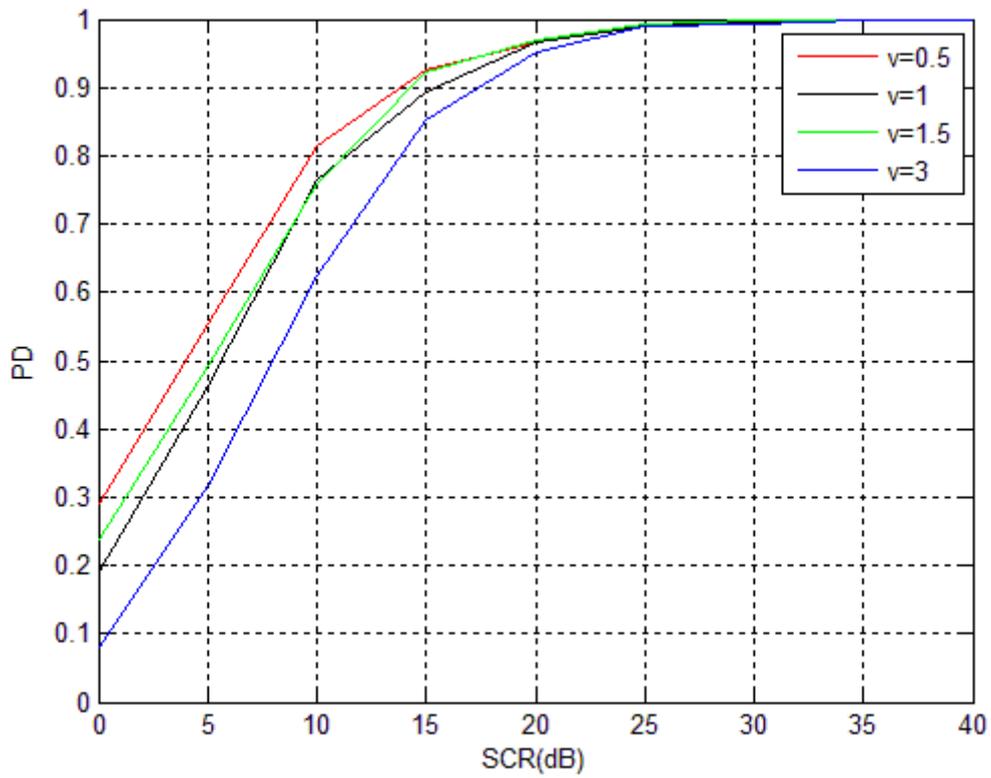


Fig. 3.3 : La variation de P_d en fonction du SCR pour le détecteur OS-CFAR
Avec $k=12$ et $N=16$

Tab. 3.4 : Valeurs optimales de T pour le détecteur OS-CFAR
Avec $\nu=1$

N	T	Fitness	Pfa
16	4.6037	0.0170	1.0000e-003
24	3.4655	0.0140	1.0000e-003
32	3.1663	0.0140	1.0000e-003

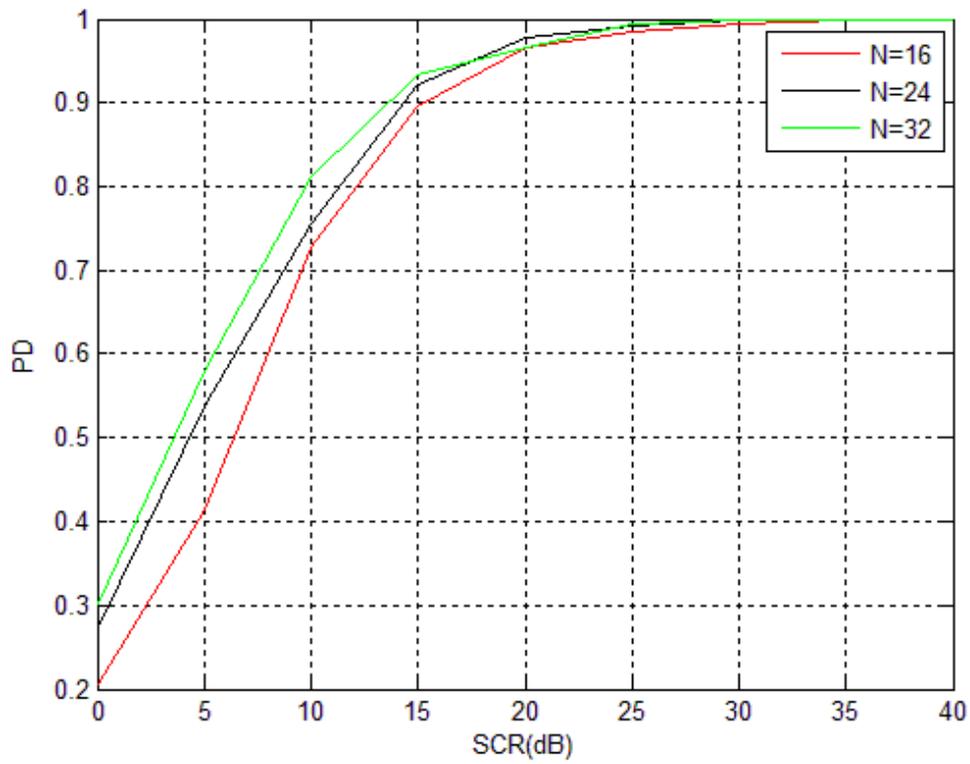


Fig. 3.4 : La variation de la P_d en fonction du SCR pour le détecteur OS-CFAR Avec $v=1$

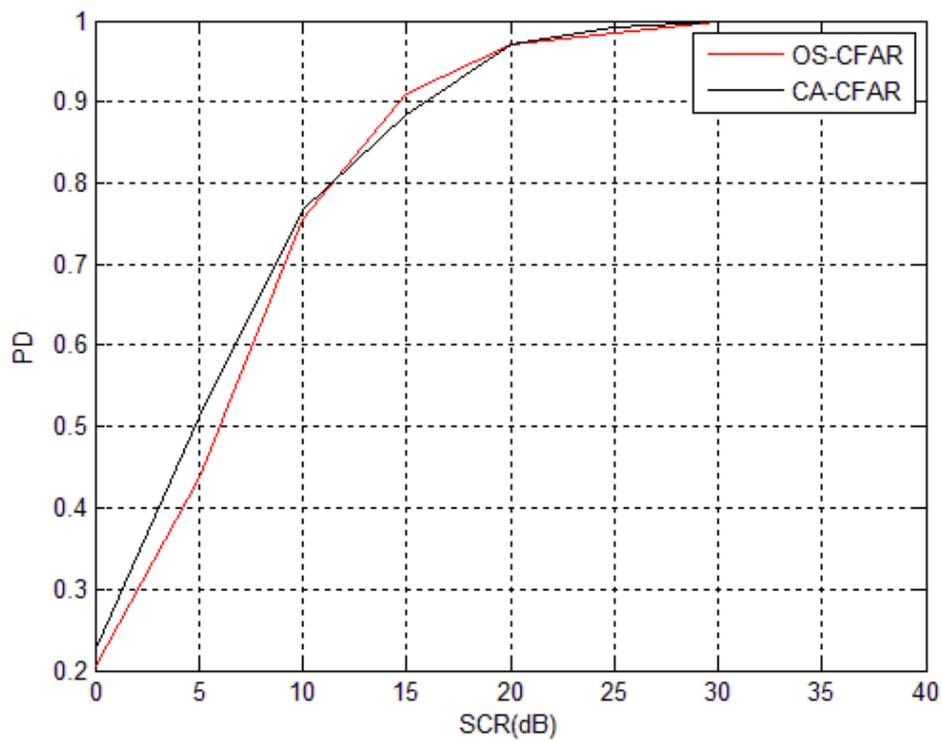


Fig. 3.5 : Comparaison entre les performances du détecteur CA-CFAR et OS-CFAR en fonction du SCR : $N=16$ et $v=1$.

Un dernier test a été effectué afin de comparer les performances des deux détecteurs analysés dans ce travail. Les résultats ont montré une certaine amélioration dans le cas du CA-CFAR par rapport à l'OS-CFAR, ce qui est considéré comme raisonnable, vu que les tests effectués ont été supposés dans un environnement homogène.

3.4. Conclusion :

Dans ce chapitre nous avons présenté en détails tous les résultats obtenus en utilisant la méthode de simulation monte Carlo pour le calcul des performances de détection CA-CFAR et OS-CFAR. Le paramètre de forme de la distribution K prend différentes valeurs, ce qui peut influencer la qualité des résultats trouvés.

L'algorithme génétique a montré une certaine flexibilité pour l'estimation du seuil de détection et les performances de la détection dépendent largement de plusieurs paramètres : le paramètre de forme, la taille de la fenêtre de référence et aussi les paramètres de l'AG.

Conclusion générale

Dans ce mémoire, nous avons traité le problème de la détection CA-CFAR et OS-CFAR pour des cibles fluctuantes suivant le modèle de swerling 1 dans un clutter de mer avec une distribution K, pour un paramètre de forme connu à priori. L'objectif principal pour cette étude était l'application des algorithmes génétiques à l'optimisation du seuil de détection. Un algorithme génétique réel a été utilisé vu que le problème traité est de nature réel. Un choix minutieux des paramètres de l'algorithme génétique lié à la valeur de la probabilité de croisement ($P_c=50\%$), la probabilité de mutation ($P_m=2\%$) et du nombre de générations (50) a été proposé.

L'interprétation des résultats obtenus, a été basée sur une comparaison détaillée, suivant la variation du paramètre de forme v , du nombre de cellules dans le détecteur et aussi suivant la variation du rapport Signal sur Clutter (SCR). Les situations possibles dans le domaine de la détection ont été exposées sous formes de tableaux et de figures où l'algorithme génétique a montré une certaine flexibilité pour l'estimation du seuil de détection dans le cas d'un clutter de mer avec une distribution K. Ces résultats peuvent être considérés comme concluants vu la non disponibilité des formes analytiques pour les différentes formules qui représentent ce type de clutter.

Toutefois, le domaine de la détection CFAR ainsi que celui des AGs est très étendu avec un grand nombre d'autres situations possibles. Ainsi, ce travail peut être étendue à d'autres cas d'études tels que :

- L'optimisation pour d'autres types de détecteurs CFAR.
- L'application au cas de la détection distribuée CFAR.
- Aussi, une possibilité d'application des réseaux de neurones pour un tel problème d'optimisation.

Bibliographie

- [1] <https://subversion.assembla.com/svn/synthese-biblio/.../allogen.doc>
- [2] Maghni, F et Laadjel, W « Analyse de la détection distribuée CA-CFAR et OS-CFAR dans un clutter K-distribue utilisant les algorithmes génétiques » mémoire d'ingénieur d'état, département d'électronique, université de M'sila, 2006.
- [3] Fin, H. M and Johnson, R. S.«Adaptive direction mode with threshold control as function of spatially sampled clutter level estimates» RCA Rev.vol29(3) September 1968.
- [4] Achbi, S et Abadli, « analyse des performances des détecteurs CA, OS et ML-CFAR dans un clutter de distribution WEIBUL » mémoire d'ingénieur d'état, département automatique, université de Biskra, 2006
- [5] S. Chabbi, « détection adaptative CFAR à censure automatique basée sur les statistiques d'ordre en milieux non Gaussiens » mémoire Magister, département d'électronique, université de Constantine, 2008.
- [6] M. Barkat. « Signal detection and estimation », Artech house radar Library, MA 02062, 2^{ième} édition 2006.
- [7] Z. Messali « Performances des détecteurs distribués CFAR dans un clutter α -Stable Basés Sur des Méthodes de Prétraitement : La Transformée en Ondelettes et La Compression Non Linéaire », Thèse de doctorat, département d'électronique, université de Constantine 2008.
- [8] L. Abdou « Application des algorithmes évolutionnaires à l'optimisation du seuil de détection dans les systèmes distribués CFAR », Thèse de doctorat, département d'électronique, université de Batna, 2009.
- [9] A. Mezaache « Optimisation de la détection de centralisée CFAR dans un clutter weibull utilisant les algorithmes génétiques et les réseaux de neurones flous » Thèse de doctorat, département d'électronique, université de Constantine
- [10] M.R. Krattou, « Etude de la détection radar dans un milieu homogène », mémoire de Master, département d'électronique, université de Tlemcen, 2013.
- [11] <http://www.uqtr.quebec.ca/~biskri/Personnel/mol/RAG.doc>