

## 유전자 알고리즘을 이용한 InGaP/GaAs HBT 소신호 등가회로 파라미터 추출

### Parameter Extraction of InGaP/GaAs HBT Small-Signal Equivalent Circuit Using a Genetic Algorithm

장덕성<sup>1</sup> · 문종섭<sup>2</sup> · 박철순<sup>3</sup> · 윤경식<sup>3</sup>

D.S. Chang, J.S. Moon, C.S. Park, and K.S. Yoon

\*대림정보통신 쓸루션사업부

\*\*고려대학교 전자및정보공학부

\*\*\*한국정보통신대학원대학교

#### 요약

에미터 크기가  $2 \times 10 \mu\text{m}^2$ 인 InGaP/GaAs 이종접합 바이폴라 트랜지스터의 T자 모양으로 연결된 등가회로 요소를 추출하기 위하여, 경계 구간 설정이 개선된 유전자 알고리즘을 채택하였다. 이 소신호 모델 파라미터를 유전자 알고리즘을 사용하여, 다양한 순방향 바이어스에서 측정한 S-파라미터들로부터 추출하였다. 추출된 값들은 물리적인 의미와 일관성을 보여 준다. 모델 S-파라미터는 측정 S-파라미터와 2GHz- 26.5GHz의 주파수 범위에서 잘 일치한다.

#### Abstract

The present approach based on the genetic algorithm with improved selections of bounds was adopted to extract a bridged T equivalent circuit elements of a  $2 \times 10 \mu\text{m}^2$  InGaP/GaAs HBT. The small-signal model parameters were extracted using the genetic algorithm from S-parameters measured at different frequencies under multiple forward-active biases, which demonstrate physically meaningful values and consistency. The agreement between the measured and modeled S-parameters is excellent over the frequency range of 2 to 26.5GHz.

**Key Words :** 유전자 알고리즘, 소신호 등가회로, 파라미터추출, HBT

#### 1. 서 론

무선 이동통신의 급격한 수요증가로 고수율의 MMIC를 설계, 개발, 생산하기 위하여 III-V족 화합물반도체에 기반한 MESFET, PHEMT, HBT와 같은 초고주파 트랜지스터의 정확하고 신뢰할 수 있는 모델의 필요성이 커지고 있다. 특히, HBT는 고속성과 고전류 구동성으로 아날로그 및 디지털회로와 전력증폭기로 최근 큰 관심의 대상이 되고 있다. 그러므로, HBT의 소신호 등가회로 파라미터는 초고주파 및 고속회로의 설계와 제작공정의 성능평가에 매우 중요하다.

일반적으로 소신호 등가회로 파라미터의 결정을 위한 직접 추출기법(Direct Extraction Technique)은 수치적 최적화 방법보다 유일성과 계산상의 효율면에서 우수하다. 특히, 바이어스전압에 독립적인 외인성(extrinsic) 파라미터를 쉽게 결정할 수 있다면 직접 추출기법은 빠르고 정확하다. 그러나,

HBT에 관하여 제안된 대부분의 추출 절차는 외인성 파라미터 추출을 위한 특별한 테스트 구조 또는 최적화 기법을 사용한다[1]. 이는 HBT 베이스 전극의 분산성질[1]과 메사구조에서 생성된 피드백 커패시턴스 Cex[2]로 인해서 HBT의 기생성분의 값을 결정하기가 쉽지 않기 때문이다. 최적화 방법은 모델 S-파라미터와 측정 S-파라미터의 오차를 최소화시키는 방법을 사용하므로 최적화된 모델 파라미터들이 측정 S-파라미터와의 오차는 매우 작은 장점이 있는 반면에, 이들은 초기값과 최적화의 방법에 의존하므로 물리적인 의미가 없는 값일 수도 있는 단점이 있다.

본 논문에서는 HBT의 실제 동작 조건인 순방향 능동바이어스에서 측정한 S-파라미터만을 이용함으로, 또 다른 측정이 필요 없는 유전자 알고리즘 기법을 사용하여 소신호 모델 파라미터를 추출하였다. 유전자 알고리즘을 사용한 추출 방법은 Menozzi 등에 의해 처음으로 제안되었고 MESFET, HEMT, HBT에 이용되었다[3, 4]. 본 논문에서는 베이스 전극의 분산성질과 메사구조에서 기인한 피드백 커패시턴스를 고려하여 T자 모양으로 연결된 17개 회로요소의 HBT 소신호 등가회로 파라미터를 추출하였다. 본 논문에서는 최적의 해를 얻기 위해 경계구간을 점차 좁혀가며 반복적인 유전자 알고리즘의 실행으로 더 정확한 결과를 얻을 수 있었다.

접수일자 : 2001년 4월 24일

완료일자 : 2001년 12월 5일

본 연구는 고려대학교 특별 연구비에 의하여 일부 지원 받았습니다.

## 2. 유전자 알고리즘을 이용한 소신호 모델 파라미터의 추출

유전자 알고리즘에 의한 학습을 위해 유전자의 표현은 기본적으로 실수값의 이진적 표현에 기초하고 있다.  $n$ -차원 실수 벡터  $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ 이라고 할 때, 각  $x_i$  ( $i=1, 2, \dots, n$ ) 가 갖는 실수 값의 구간을  $[r_1, r_2]$ 이라고 하고  $x_i$ 의 정밀도를  $p$ 라고 한다. 즉 실수  $x_i$ 를 소수점 이하  $p$ 자리까지 표시한다고 하면, 전체 구간은 모두  $(r_2 - r_1) \cdot 10^p$  개의 균등한 소구간으로 분할되고, 모든 소구간을 0 이상의 이진수와 대응시키려면  $2^{l-1} < (r_2 - r_1) \cdot 10^p \leq 2^l$  인  $l$  비트가 필요하다. 이때  $[r_1, r_2]$  구간 내의 한 소구간을 나타내는  $l$  비트 스트링이  $b = b_{l-1}b_{l-2}\dots b_0$  ( $b_i = 0$  또는 1)이라고 하고, 여기에 대응하는 실수를  $x$ 라 할 때  $b$ 는  $x$ 의 유전자 표현이 되며, 이들 사이에는 다음 식(1)과 (2)와 같은 관계가 성립된다.

$$x = r_1 + \frac{r_2 - r_1}{2^{l-1}} \cdot \sum_{i=0}^{l-1} b_i \cdot 2^i \quad (1)$$

$$\sum_{i=0}^{l-1} b_i \cdot 2^i = \frac{(x - r_1)(2^l - 1)}{r_2 - r_1} \quad (2)$$

실수의 값을 2진 스트링으로 표현하게 되면 2진 스트링의 길이 때문에 정밀도에 제한을 받게 된다. 즉, 2진 스트링의 고정된 길이에 대하여  $(r_2 - r_1)$ 이 클수록 정밀도가 낮아진다. 따라서, 유전자 알고리즘을 이용하여 해를 구하는 시작단계에서, 비교적 넓은 경계구간에서 해를 구한 후 구해진 해를 중심으로 구간을 좁히면 정밀도는 개선된다. 처음에 경계구간비율이  $10^4$ 이면  $r_1 = 10$  과  $r_2 = 10000$ 으로 설정할 수 있으며, 경계구간비율을  $10^3$ 으로 좁히면 경계구간의 상한을 좁힌  $r_1 = 1$  과  $r_2 = 1000$ 인 경우와 하한을 높인  $r_1 = 10$  과  $r_2 = 10000$ 인 두 가지 경우가 있을 수 있으며, 경계구간비율이  $10^2$ 일 때는 초기의 경계구간의 상하한을 각각 좁힌  $r_1 = 1$  과  $r_2 = 1000$ 으로 된다.

두 유전자 사이의 교배시에는 두개의 유전자를 임의로 선택한다. 선택된 두개의 유전자에서 교배의 위치는 임의로 선택되는데, 시작할 위치와 끝 위치이다. 따라서, 선택된 두개의 유전자에서, 시작할 위치에서 끝 위치 사이의 데이터가 서로 교환되므로 2점 교배이다. 예를 들어, 각 유전자의 스트링 길이가  $l$  ( $0 \sim l-1$ )이고, 시작할 위치가  $p$ , 끝 위치가  $q$  ( $0 \leq p < q \leq l-1$ )이면, 두 유전자의 각 스트링  $p$  부터  $q$  사이의 데이터가 같은 위치에 서로 교환된다. 만일 시작 위치가 끝 위치보다 크다면 ( $q < p$ )  $0 \sim q$  와  $p \sim l-1$  까지, 즉 두개의 분리된 영역의 데이터가 서로 같은 위치에 맞 교환된다.

따라서, 본 논문에서 유전자의 적합도를 평가하는 평가함수(오차함수)와 유전자 연산자(우수한 개체의 선택, 교배와 돌연변이)를 통해, 유전자를 절진적으로 개선시켜 가는 방법으로 HBT의 소신호 모델 파라미터를 추출하였다. 그러므로, 각 파라미터들을 위한 초기값은 주어진 경계구간 내에서 임의로 생성되고, 생성된 값들은 비트 스트링으로 전환하였다. 일반적으로 경계구간 설정을 위한 특정 정보가 있으면 쉽게 경계구간을 설정할 수가 있다. 그러나 소신호 등가회로에서는 그 정보가 일반적으로 주어지지 않으므로 처음에는 넓은 범위의 경계구간을 취하였다. 유전자 알고리즘의 첫 실행 후

최적의 해로서 고려되는 개체들의 파라미터 값들은 다음 유전자 알고리즘 실행을 위한 새로운 경계구간 설정의 단서로 사용하였다. 즉, 경계구간의 범위를 반복 실행 시에 점점 좁혀서, 추출된 파라미터의 정확도를 높혔다.

소신호 모델 파라미터를 결정하기 위한 유전자 알고리즘의 순서도는 그림 1과 같다.

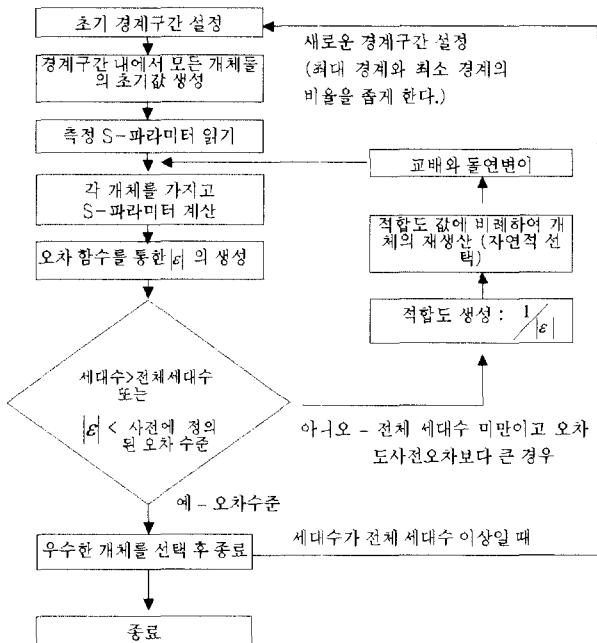


그림 1. 유전자 알고리즘의 순서도  
Fig.1. Flow chart of the genetic algorithm

또한, 본 논문에 사용된 오차함수  $\epsilon$ 는 (3)식과 같다.

$$|\epsilon| = \frac{1}{4N_f} \left( \sum_{i,j=1}^{2^l} \frac{|\operatorname{Re}(S_{ij}^m(f_k)) - S_{ij}^c(f_k)| + |\operatorname{Im}(S_{ij}^m(f_k)) - S_{ij}^c(f_k)|}{\max_j} \right) \quad (3)$$

여기서,  $f_k$ 는 주파수,  $N_f$ 는 주파수의 전체 수,  $\max_j$ 는 측정 S-파라미터의 최대크기,  $S_{ij}^m$  ( $i, j = 1, 2$ )는 측정 S-파라미터,  $S_{ij}^c$  ( $i, j = 1, 2$ )는 계산된 S-파라미터이다.

본 논문에서 사용된 유전자 알고리즘 파라미터의 값들을 표 1에 요약하였으며, 이들은 실험결과에 따라 수정할 수 있다.

표 1. 본 논문에서 사용된 유전자 파라미터의 값  
Table1. Genetic parameters used in this paper

유전자 알고리즘의 파라미터	본 논문에서 사용된 값
최대경계와 최소경계의 비율	100
개체의 수	500
비트 스트링의 길이	16
세대의 수	1000
오차 수준	0.02
교배 확률	0.9
돌연변이 확률	0.00005

### 3. 실험결과 및 토의

본 논문에서는 유전자 알고리즘의 첫 실행 후 최적의 해로서 얻은 개체들의 파라미터 값들을 다음 유전자 알고리즘 실행을 위한 새로운 경계구간 설정의 단서로 사용하여, 경계구간의 범위를 반복 실행 시에 점점 좁히는 방법을 사용하였다. 그림 2는 유전자 알고리즘의 경계구간 비율을  $10^1$ ,  $10^2$ ,  $10^3$ ,  $10^4$ 으로 설정했을 때 각각의 오차 값을 보여준다. 경계구간 비율이  $10^2$ (그림 2에서 ■)은 104을 최대경계와 최소경계의 차수를 각각 낮춘 것이다. 특히 경계구간 비율이  $10^3$ 은  $10^2$ 과  $10^4$ 을 기준으로 최대경계의 차수를 낮춘 경우(그림 2에서 ●)와 최소 경계의 차수를 높인 경우(그림 2에서 ◆)로 나눌 수 있다. 따라서 경계구간 설정을 위한 최대 경계와 최소 경계의 비율은 전체 6가지 경우로 나눌 수 있고, 그림 2에서 보는 바와 같이 경계구간비율이  $10^2$ 일 때 오차가 가장 작다. 참고문헌[4]의 유전자 알고리즘에서는 최대 경계와 최소 경계의 비율을  $10^4$ 으로 정하였으나, 본 논문의 경계구간 설정에서 초기에는 큰 비율(최대 경계와 최소 경계의 비율  $10^4$ )로 시작하여 반복적인 유전자 알고리즘의 실행을 통하여 최대 경계와 최소 경계의 비율을  $10^2$ 으로 결정하였다. 그러므로 경계구간 설정이 개선되었다고 할 수 있다.

본 논문에서 제안한 경계구간 설정이 개선된 유전자 알고리즘을 검증하기 위하여 Menozzi 등의 논문에서 사용한 AlGaAs/GaAs HBT의 소신호 등가회로 [4]를 그림3에 도시하였다.

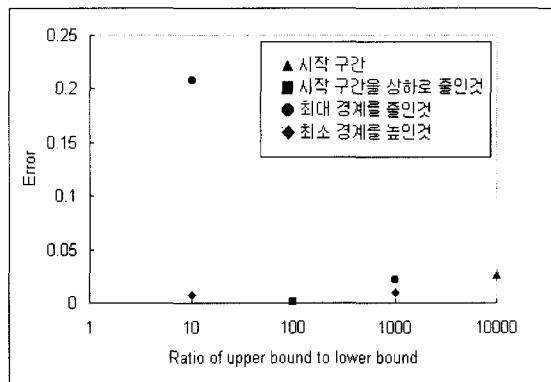


그림 2. 각 경계구간 비율에 따른 오차값의 비교

Fig. 2. Comparison of errors due to different boundary ratios

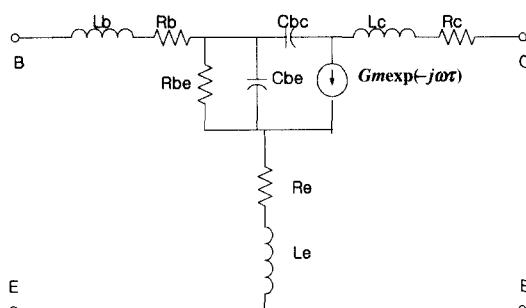


그림 3. Menozzi 등에 의해 사용된 HBT 등가회로

Fig. 3. HBT equivalent circuit used in the Menozzi et al.'s work

Menzozzi 등의 논문[4]에서는 에미터 크기가  $10 \times 200\mu\text{m}^2$ 인 AlGaAs/GaAs인 HBT의 S-파라미터를 측정하였다. 그리고 직접추출기법 (DET)과 유전자 알고리즘을 사용하여 두개의 베이스 전류( $I_B = 18\mu\text{A}$  와  $I_B = 100\mu\text{A}$ )에서 추출된 파라미터 값들을 비교하였다. 그 논문에서의 직접추출기법으로 결정된 파라미터 값으로 S-파라미터를 계산하고, 이를 측정 S-파라미터로 가정하여 경계구간 설정을 보다 개선한 본 논문의 유전자 알고리즘과 Menozzi 등의 유전자 알고리즘을 적용하여 추출한 소신호 파라미터 값들을 표 2에 비교하였다. 이로부터 본 논문의 유전자 알고리즘으로 추출한 파라미터 값이 Menozzi 등의 알고리즘으로 추출한 값보다 직접추출기법으로 추출한 소신호 파라미터 값에 훨씬 근접한 결과를 보여줌으로써 본 연구의 타당성이 입증되었다.

따라서, 본 논문에서 제안한 유전자 알고리즘을 에미터 크기는  $2 \times 10\mu\text{m}^2$ , 베이스 두께는 120 nm, 도핑농도는  $4 \times 10^{19}/\text{cm}^3$ , 콜렉터의 두께는 700 nm, 도핑농도는  $2 \times 10^{16}/\text{cm}^3$ 이며, 차단주파수  $f_T$ 는 39GHz인 InGaP /GaAs HBT에 적용하였다. InGaP/GaAs HBT는 고출력용 전력소자로서 AlGaAs/GaAs 보다 신뢰성이 우수하다. HBT의 분산 베이스효과를 고려한 소신호 등가회로는 T자 모양으로 연결된 그림 4와 같으며, 베이스와 콜렉터 전극에 연결된 측정 패드로 인한 기생 커파시턴스  $C_{pb}$ 와  $C_{pc}$ 를 포함하는 소신호 등가회로 모델 파라미터를 추출하였다. 여기서, 분산 베이스는 피드백 커파시턴스  $C_{ex}$ ,  $C_{bc}$ 와  $R_{bc}$ 가 병렬로 구성된 내부 베이스-콜렉터 임피던스(base-collector impedance), intrinsic base 저항  $R_{b2}$ , 그리고  $L_b$ 와  $R_b$ 가 직렬로 이루어진 extrinsic base 임피던스의 결합으로 나타낼 수 있다. 베이스 전송 요소  $\alpha$ 는 (4)식과 같이 표현된다.

$$\alpha = \alpha_0 \frac{e^{-j2\pi f\tau}}{1 + j(f/f_\alpha)} \quad (4)$$

$\alpha_0$ 는 DC전류 이득,  $f_\alpha$ 는 rolloff 주파수, 그리고  $\tau$ 는 지연시간(delay time)이다.

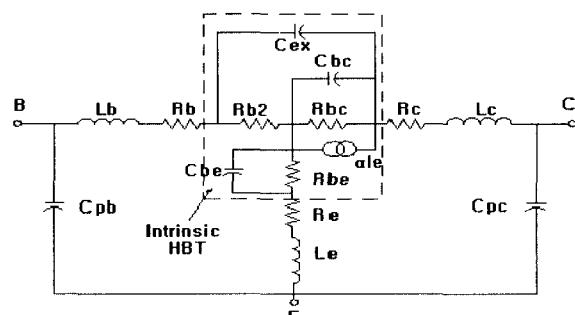


그림 4. T자 모양으로 연결된 InGaP/GaAs HBT의 등가회로

Fig. 4. T equivalent circuit of InGaP/GaAs HBT

InGaP/GaAs HBT 소신호 등가회로 모델파라미터를 결정하기 위하여 그림5의  $I_C - V_{CE}$  특성곡선 상에 표시된 9개의 다른 순방향 바이어스점에서 0.5GHz 간격으로 2GHz에서 26.5GHz까지 웨이퍼상에서 InGaP / GaAs HBT의 S-파라미터를 측정하였다. 각 바이어스점에서 측정한 S-파라미터만으로 유전자 알고리즘을 이용해서 소신호 등가회로의 17개 파라미터 값을 추출하였다. 그림 5의 9개의 순방향 바이어스

표 2. 직접추출기법(DET), Menozzi 등의 유전자 알고리즘, 본 논문의 유전자 알고리즘으로 추출한 소신호 파라미터 값들의 비교

Table 2. Comparison of small-signal parameters extracted by DET, Menozzi's algorithm, and the genetic algorithm used in this paper

	Menozzi 등의 논문 $I_B = 18\mu A$		Menozzi 등의 논문 $I_B = 100\mu A$		본 논문 $I_B = 18\mu A$	
	DET	GA	GA	DET	GA	GA
	R <sub>b</sub> (Ω)	2.07	1.38	2.07	1.94	2.07
L <sub>b</sub> (pH)	77.3	100	77.29	77.3	81.0	77.32
R <sub>e</sub> (Ω)	1.88	1.87	1.88	2.24	2.03	2.25
L <sub>e</sub> (pH)	<7	0.003	6.99	<7	0.001	6.90
R <sub>c</sub> (Ω)	0.57	0.33	0.56	0.52	0.34	0.51
L <sub>c</sub> (pH)	68.9	64.9	68.9	68.9	64.9	68.97
R <sub>be</sub> (Ω)	1270	443	1195.64	220	172	198.29
C <sub>be</sub> (pF)	7.70	7.83	7.75	10.1	12.2	10.29
C <sub>bc</sub> (pF)	2.43	2.54	2.43	2.08	2.47	2.08
G <sub>m</sub> (mS)	29.5	26.4	29.65	223	242	226.47
$\tau$ (ps)	0.22	0.86	0.72	0.13	3.21	0.26

표 3. 여러 바이어스에서의 전성 파라미터

Table 3. Intrinsic parameters at various biases

V <sub>ce</sub> /V	I <sub>c</sub> /mA	R <sub>b2</sub> /Ω	C <sub>be</sub> /pF	R <sub>be</sub> /Ω	C <sub>bc</sub> /fF	R <sub>bc</sub> /kΩ	C <sub>ex</sub> /fF	$\alpha$	$\tau$ /ps	f <sub>a</sub> /GHz
1	3	37.31	0.32	8.5	7.4	810.66	69.89	0.97	2.89	206.7
1	11	44.31	0.48	8.05	6.5	847.25	82.77	0.97	2.2	215.05
1	19	46.87	0.52	7.59	6.13	885.61	95.77	0.97	2.17	264.98
3	3	38.17	0.32	17.96	6.57	804.66	72.63	0.96	4.43	322.43
3	10.5	40.02	0.47	10.55	6.23	824.58	74.53	0.97	3.11	357.33
3	17	42.38	0.5	9.18	5.2	854.05	76.02	0.97	3.17	370.42
5	3	35.89	0.31	17.5	4.19	856.49	70.67	0.97	4.9	337.99
5	9.5	37.89	0.4	10.31	3.38	875.68	71.42	0.97	3.77	367.77
5	15.5	39.64	0.48	9.23	2.95	896.58	72.31	0.97	3.79	384.23

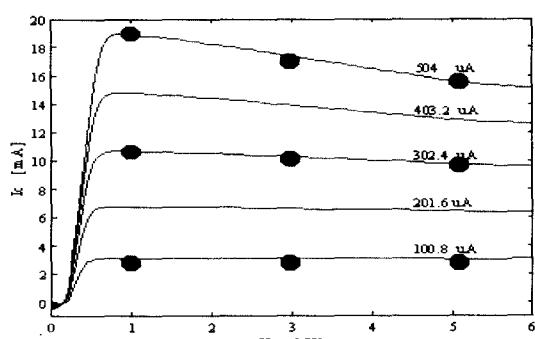


그림 5. S-파라미터를 측정한 바이어스점(●)

Fig. 5. Bias-points(●) for the measured S-parameters

에서 추출한 외인성 파라미터값들을 그림 6에 나타내었다. 이 그림 6에서 보는 바와같이 외인성 파라미터가 바이어스의 변화에 무관하게 거의 유일한 값으로 추출되었으며, 베이스와 컬렉터 패드 커패시턴스는 각각 10.99fF와 25.11fF로 추출되었다. 한편, 역방향 바이어스에서 직접추출기법으로 추출된 패드 커패시턴스 값들은 각각 10.12fF와 30.01fF이다. 그림 7은 9개의 바이어스점중의 하나인  $V_{CE} = 1V$ 와  $I_C = 11mA$ 에서 측정한 S-파라미터(x)와 추출된 소신호 모델 파

라미터로 시뮬레이션한 S-파라미터( $\square$ )의 크기와 각을 각각 비교한 것으로, 2GHz에서 26.5GHz까지의 측정주파수 범위에서 잘 일치함을 보여준다. 또한, 표3은 바이어스 변화에 따라 전성(intrinsic) 파라미터의 일관성 있는 변화를 보여준다. 따라서, InGaP/GaAs HBT의 소신호 등가회로 파라미터 추출에 본 논문에서 제시한 경계구간의 설정을 좁히는 방법의 적용 가능성을 보여준다.

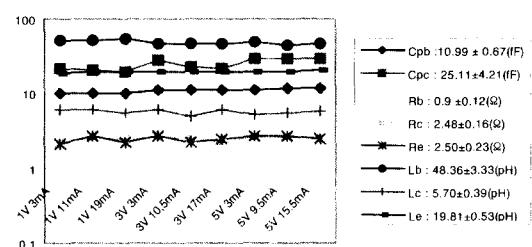
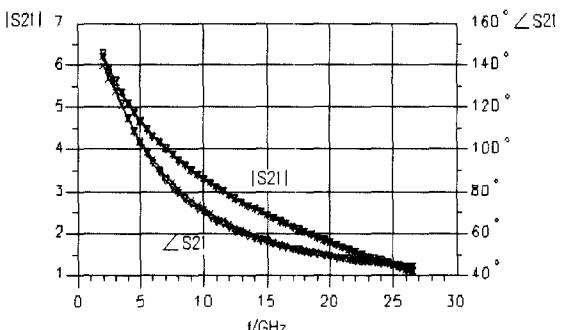
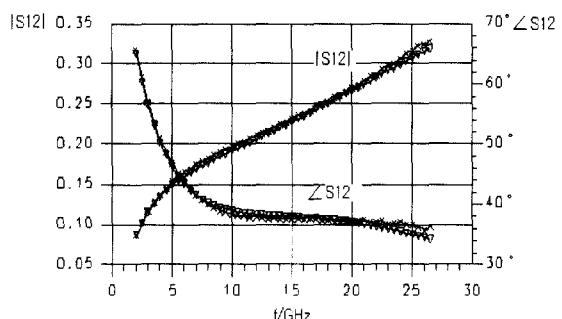
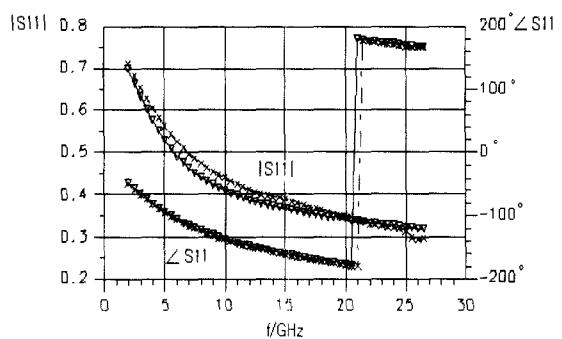


그림 6. 여러 순방향 바이어스에서의 추출된 외인성 파라미터  
Fig. 6. Extrinsic parameters extracted at various forward biases



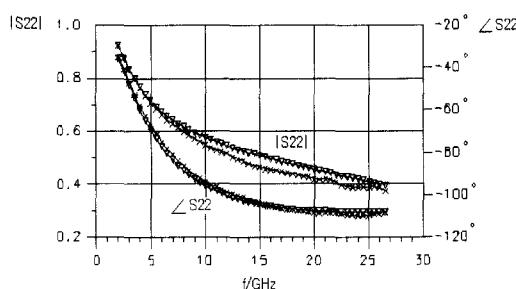


그림 7. V<sub>CE</sub> = 1V 와 IC= 11mA에서 측정(x)과 모델(▽)  
S-파라미터의 비교

Fig. 7. Comparison of measured(x) and modeled(▽)  
S-parameters at V<sub>CE</sub> = 1V and I<sub>C</sub>= 11mA

#### 4. 결 론

순방향 바이어스에서 측정한 S-파라미터만으로 분산 베이스 효과를 고려하여 T자 모양으로 연결한 HBT 소신호 등가회로를 결정하기 위하여 반복수행시 경계구간 설정을 좁히는 개선된 유전자 알고리즘을 이용하여, 에미터 크기가  $2 \times 10\mu\text{m}^2$ 인 InGaP/GaAs HBT의 소신호 등가회로 모델파라미터를 거의 유일한 값으로 추출하였다. 이는 임의의 초기값을 사용한 최적화 방법으로는 불가능하다. 본 연구에서 추출된 소신호 모델파라미터로 시뮬레이션한 S-파라미터들은 2GHz와 26.5GHz범위에서 측정한 S-파라미터와 잘 일치함을 보여준다. 특히, 서로 다른 9개의 능동바이어스에서 추출한 외연성 파라미터들이 바이어스의 변화에 대해 무관함을 보여주는 것은 본 연구에서 제안한 방법이 물리적으로 의미가 있는 소신호 모델 파라미터를 추출할 수 있는 기법임을 확인시켜준다.

#### 참 고 문 헌

- [1] C.-J. Wei and C.M. Hwang, "Direct Extraction of Equivalent Circuit Parameters for Heterojunction Bipolar Transistors," *IEEE Trans. Microwave Theory and Tech.*, vol. 43, pp. 2035~2039, 1995.
- [2] M. Rudolph, R. Doerner, and P. Heymann, "Direct Extraction of HBT Equivalent-Circuit Elements," *IEEE Trans. Microwave Theory and Tech.*, vol. 47, pp. 82~84, 1999.
- [3] R. Menozzi, A. Piazzoli, and F. Contini, "Small-signal Modeling for Microwave FET Linear Circuits Based on a Genetic Algorithm," *IEEE Trans. Circ. and Syst. - I*, vol. 43, pp. 839~847, 1996.
- [4] R. Menozzi, M. Borgaino, J.Tasselli, and A.Marty, "HBT Small-signal Model Extraction Using a Genetic Algorithm," *IEEE GaAs IC Symp. Tech. Digest.*, pp. 157~160, 1998.
- [5] H. Szczerbicka, M. Becker, and M. Syrjakow, "Genetic Algorithms: A Tool for Modeling, simulation, and optimization of complex systems," *Cybernetics and Systems : An International Journal*, 29, pp. 639~659, 1998.

- [6] Goldberg, D. E, *Genetic Algorithm in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison Wesley, 1989.
- [7] K. A. De Jong, "An analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems," Ph.D. dissertation, Univ. Michigan, Dissertation Abstracts International, vol. 43, no. 40, pp. 392~402, 1993.
- [8] Z. Michalewicz, G. A. Vignaux, and L. Groves, "Genetic algorithms for optimization problems," in Proc. 11th New Zealand Computer Conf., Wellington, pp. 211~223, 1989.

#### 저 자 소 개

##### 윤경식 (Kyung-Sik Yoon)



1971년 : 서울대학교 공과대학 졸업  
1977년 : Univ. Louis Pasteur de Strasbourg

D.E.A.

1988년 : Univ. of Utah 전자공학박사

1978년~1982년 : 한국해양연구소 해양 기기  
설 실장

1988년 9월~현재 : 고려대학교 전자 및 정  
보공학부 교수

관심분야 : 초고주파소자 모델링, 초고주파회로 설계

##### 장덕성

1993년 3월~1998년 2월 : 동국대학교 정보관리학과 학사  
졸업

1998년 3월~2000년 8월 : 고려대학교 전자정보공학과 석사  
졸업

2000년 8월~현재 : 대림정보통신 솔루션 사업부

관심분야 : 문서관리시스템, 전자결제시스템, 통합검색

##### 문종섭 (Jongsub Moon)



1981년 : 서울대학교 계산통계학과 졸업  
(학사)

1983년 : 서울대학교 대학원 계산통계학과  
졸업(석사)

1991년 : Illinois Institute of Technology  
졸업(박사)

1981~1985 : 금성통신 연구소 연구원

1993~현재 : 고려대학교 자연과학대학 전자및정보공학부  
교수

관심분야 : 신경망 이론, IDS, 생체인식

##### 박철순 (Chul Soon Park)



1980년 : 서울대학교 공과대학 금속공학과  
(학사)

1982년 : 한국과학기술원 재료공학 (석사)

1985년 : 한국과학기술원 재료공학 (박사)

1985~1999년 : 한국전자통신연구원 책임연  
구원

1987~1989년 : 미국 AT&T Bell Laboratories at Murray  
Hill (Visiting Scientist)

1999~현재 : 한국정보통신대학교 부교수

관심분야 : 초고주파집적회로